

Szent István Universität
Fakultät für Veterinärmedizin
Institut für Tierzucht, Tierernährung und Labortierkunde
Abteilung für Tierzucht und Genetik

**Berechnung und Auswertung von Zuchtparametern der Schafrasse Cigája
und die besondere Bedeutung der weiblichen Schafe für die Zucht**

von
Henning Arkenberg

Gutachter:
Univ. Dozent Dr. András Gáspárdy, Abteilungsleiter
Dr. Kata Annus, wiss. Hilfskraft

Budapest
2014

INHALT

1 Einleitung und Zielsetzung	2
2 Literaturübersicht.....	3
2.1.1 Das Cigájaschaf: Geschichte und Verbreitung.....	3
2.1.2 Klassifizierung und Rassebeschreibung	5
2.2 Inzucht.....	6
2.3 Generhaltung.....	8
2.4 Generationsintervall	10
2.5 Familienselektion.....	12
3 Material und Methoden.....	13
4 Ergebnisse	15
5 Diskussion.....	22
6 Zusammenfassung.....	25
7 Summery.....	26
8 Danksagung.....	27
9 Referenzen	28

1 EINLEITUNG UND ZIELSETZUNG

Weltweit wird seit der "*International Convention on Biological Diversity*" im Jahr 1992 (Agenda 21) verstärkt die Erhaltung der Biodiversität gefordert. Gerade in der Erhaltungszucht von alten Nutzierrassen spielt dies eine große Rolle, denn im europäischen Raum werden ca. 185 Mio. Schafe gehalten, die 18% des gesamten Weltbestandes ausmachen. Fast die Hälfte der weltweit gehaltenen Rassen stammt aus europäischen Beständen (Peter, 2006). Aufgrund meines Interesses an der Erhaltung von alten Nutzierrassen und dem Studium in Ungarn, habe ich mich für das Thema "Analytische Betrachtung von Zuchtparametern der Schafrasse Cigája und die besondere Bedeutung der weiblichen Schafe für die Zucht " entschieden.

Im Zuge meiner analytischen Betrachtung der Schafrasse Cigája werde ich drei Ziele abstecken. Angefangen mit der Charakterisierung der Cigájapopulation hinsichtlich einiger ausgewählter Eigenschaften, gefolgt von einer Bewertung der Cigája nach populationsgenetischen Parametern und abgeschlossen mit der Erfassung der vorherrschenden Populationsstruktur innerhalb der Rasse werde ich ein Fazit zur aktuellen Situation des Cigájaschafes geben.

2 LITERATURÜBERSICHT

2.1.1 DAS CIGÁJASCHAF: GESCHICHTE UND VERBREITUNG

Die alte Rasse Cigája (Abb.1) entstammt einer großen Variation von Rassen aus Kleinasien. Erstmals beschrieben wurden sie im Karpatenbecken um 1700. Die ersten Züchter waren die rumänischen Motzen (mot) und ungarische Tschangos (csángó), von denen einige mehr als 5000 Tiere hielten (Hotvedt, 2004).



Abb. 1: Cigájaschafsherde

(URL: http://nagybirtok.hu/data/images1/cigaja_192.jpg)

Um 1886 bewirtschafteten die Tschangos Weiden, auf denen sie mehr als hunderttausend Cigájas hielten. Im Winter wanderten sie mit ihren Tieren in die Ebenen der Walachei, Bessarabiens und an die Küste Dobrudscha. Im Frühjahr kehrten sie dann mit den Tieren und ihren Lämmern zurück. 1889 wurden die Grenzen aus fachpolitischen Gründen (Rinderpest) geschlossen und die Herden waren gezwungen in die nördlichen Regionen Siebenbürgens zu ziehen (Bodó, 2000; Jacobsen, 2003). Die Schreibweise dieser Schafrasse war unterschiedlich. So schrieb man in Siebenbürgen Cigája und in anderen südlichen Teilen Tzigaia (Bohm, 1878).

Nach Ungarn kam diese Schafrasse Ende des 18. Jahrhunderts aus Siebenbürgen und südlichen Ländern. Sie ist seit dem stets in Ungarn präsent, machte aber nie mehr als 10% der Schafspopulation aus. Die größte Cigájapopulation gab es zwischen dem 18. und 19. Jahrhundert in Ungarn, da die Rasse als typische Mehrnutzungsrasse den Menschen Wolle, Milch und Fleisch lieferte. Ende des 19. Jahrhunderts verlor die Rasse immer mehr an Bedeutung, da die Industrie wachsende Ansprüche an die Herstellung tierischer Produkte stellte. Diese Anforderungen konnten nur durch spezielle Nutztierassen wie die Merinorasse und das Zackelschaf erfüllt werden. Die Merinoschafassen lieferten qualitativ bessere Wolle und auch die Menge der jährlich abgesetzten Wolle überstieg die des Cigájaschafes. Bei der Milchproduktion wurden die Cigájas durch das Zackelschaf verdrängt, da die Milchleistung des Zackelschafes (Walachisches) höher war (Gáspárdy, 2002).

Nach Ende des zweiten Weltkrieges wurde die Rasse Cigája als potentiell gefährdet eingestuft und die ungarische Regierung förderte die Zucht dieser Rasse, indem sie Böcke in staatlichen Betrieben zur Zucht einsetzte. Um 1950 wurde in Karcag eine Herde mit 200 Mutterschafen gegründet, die als Ausgangspunkt des nationalen Generhaltungsprogrammes angesehen werden kann.

Um die Jahrtausendwende waren in Ungarn ca. 50 Böcke und 1000 Mutterschafe registriert, die hauptsächlich in den Nationalparks Kiskunság und Körös-Maros, aber auch in kleinen landwirtschaftlichen Betrieben gehalten wurden. Um den Charakter dieser alten Schafrasse so weit wie möglich unverändert zu lassen, wird sehr darauf geachtet, sie in ihrer natürlichen Umgebung zu halten (Bodó, 2000; Gáspárdy, 2002).

2.1.2 KLASSIFIZIERUNG UND RASSEBESCHREIBUNG

Die Rasse Cigája kann man international in drei Untergruppen teilen: den Balkantyp, der in Bulgarien, in Griechenland, in der Türkei und in Albanien zu finden ist, den Karpatentyp, der in Rumänien, in Ungarn, in Ex-Jugoslawien und der Slowakei zu finden ist und den Podoliantyp, der in der Ukraine und Russland vorkommt. Das Cigájaschaf, das zu den langschwänzigen Schafen gehört, hat nach ungarischem Rassestandard einen schwarzen oder kaffeefarbenden Kopf und Extremitäten. Die Wolle ist weiß, erscheint aber manchmal grau aufgrund der grauen Unterwolle. Die Wolle der Lämmer ist grau (Abb.2), wird aber nach ein paar Monaten ebenfalls weiß.



Abb. 2: Cigájalamm

(URL: http://nagybirtok.hu/data/images1/cigaja_234.jpg)

Die elastische und dünne Haut der Tiere ist gräulich, ebenso das Zahnfleisch, der Gaumen und die Zunge. Des Weiteren zeichnen sie ein breiter Widerrist und ein langer gerader Rücken aus. Sie haben ein starkes Skelett mit langen Gliedmaßen, sind aber nur mittelmäßig bemuskelt. Die Cigájaböcke tragen spiralförmige Hörner, die Zibben sind entweder ungehörnt oder tragen rudimentäre Hörner. Die weiblichen Tiere wiegen ca. 50kg, die männlichen ca. 60kg. Die heute in Ungarn lebenden Cigájaschafe lassen sich in zwei Gruppen unterteilen. Das dreinutzige native Cigája dient heute als Genreserve. Die Einzelnutzungsrasse ist das Milchcigája. Dieser neue Milchtyp ist offiziell als eine neue Rasse registriert. Der als Genreserve dienende native Typ ist im Vergleich zu der alten Rasse größer, langbeiniger und hat eine breitere Hüfte.

Das Milchcigája hingegen ist massiver gebaut, hat lange hängende Ohren und einen langen Schädel mit konvexem Nasenprofil. Die Lämmer werden schwarz geboren und wechseln

ihre Farbe zu weiß nach einigen Monaten. Die weiblichen Tiere des Milchtypen sind außerdem fruchtbarer und haben einen besser ausgeprägten Euter (Bodó, 2000; Hotvedt, 2004; Hölscher, 2012).

2.2 INZUCHT

"Unter Inzucht wird generell die Paarung von verwandten Individuen verstanden. Verwandte Individuen sind solche Tiere, die in ihrem Abstammungsnachweis mindestens einen gemeinsamen Vorfahren besitzen. Der aus der Inzuchtpaarung entstehende Nachkomme hat also mindestens einen Vorfahren, der auf der väterlichen und auf der mütterlichen Seite vorkommt" (Schüler et al., 2001).

Das Ausmaß der Inzucht hängt von der Größe der Population ab, da jedes Tier zwei Eltern, vier Großeltern, acht Urgroßeltern usw. hat und das t Generationen zurück, besitzt es 2^t Vorfahren. Dies bedeutet, dass früher oder später in geschlossenen Populationen verwandte Individuen verpaar werden. Je kleiner also eine Population ist, desto größer ist die Wahrscheinlichkeit, dass verwandte Tiere zur Anpaarung genutzt werden.

Um das Maß für den Inzuchtgrad bestimmen zu können hat Wright (1921,1922) den sogenannten Inzuchtkoeffizienten entwickelt. *"Der Inzuchtkoeffizient ist definiert als der erwartete Anteil der Individuen einer Population, die an einem beliebigen Genortabstammungsidentische Allele besitzen"* (Schüler et al., 2001). Da aber in der Zucht wesentlich mehr weibliche als männliche Tiere eingesetzt werden, ist es wichtig die effektive Populationsgröße mit einzubeziehen.

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

$$N_e = \frac{4 * N_m * N_w}{N_m + N_w}$$

N_m = Anzahl männlicher Individuen

N_w = Anzahl weiblicher Individuen

Falconer (1984) betrachtete die effektive Populationsgröße genauer und erkannte, dass bei konstanter Familiengröße der Inzuchtzuwachs pro Generation (ΔF) wie folgt berechnet werden kann:

$$\Delta F = \frac{1}{2Ne}$$

Bei dieser Berechnung ist in der Regel die Anzahl an männlichen Tieren im Verhältnis zu den weiblichen Tieren sehr viel kleiner. Allgemein gilt, dass die Inzuchtrate von dem weniger häufigen Geschlecht abhängig ist. Demnach sind die effektive Populationsgröße und der Inzuchtzuwachs sehr stark von der Anzahl der männlichen Individuen abhängig.

Bei der Verpaarung verwandter Tiere kommt es zur Erhöhung der Wahrscheinlichkeit, dass homozygote Allele bei den Nachkommen auftreten. Die Mendelschen Regeln besagen, dass durch Inzucht insbesondere rezessive Gene des Genotyps im Phänotyp erscheinen. Dies machen sich Züchter zunutze um erwünschte Zuchtziele zu erreichen. Diese erhöhte Wahrscheinlichkeit des Auftretens von homozygoten Extremen erhöht allerdings auch das Auftreten krankhafter Genkombinationen. Ebenfalls sinkt bei Inzucht die genetische Variabilität, da durch Homozygotie ein bestimmtes Allel eines Gens fixiert wird, während ein anderes verloren geht. Folge der gesteigerten Inzucht ist die Inzuchtdepression. Sie bewirkt einen Rückgang der Leistung, vor allem der Merkmale, die mit der Fitness des Individuums zusammenhängen. Das Gegenstück dazu ist der Heterosiseffekt. Man spricht von so einem Effekt, wenn die Leistung der Nachkommen höher ist als die Leistung der Elterngeneration. Der Grad und die Ausprägung der Inzuchtdepression sind allerdings stark abhängig von der Tierart und den Umweltbedingungen; so sind zum Beispiel Schweine anfälliger für Inzuchtdepression als Mäuse. Eine durchgängige Homozygotie wie sie bei Pflanzen beobachtet wird, kann bei Haussäugetieren allgemein nicht erreicht werden, da zum einen die natürliche Selektion für eine Erhöhung des heterozygoten Anteils sorgt, und zum anderen die meisten Merkmale polygen veranlagt sind. Die Inzucht wird heutzutage vor allem für die Hybridzucht verwendet. So werden Inzuchtlinien erzeugt um gewünschte Merkmale zu festigen, die anschließend gekreuzt werden, um den Hybrideneffekt zu erzielen und somit Nachkommen zu erhalten, die die gewünschten Merkmale aufweisen. Des Weiteren wird Inzucht zur Gewinnung genetisch uniformer Populationen von Labortieren genutzt, die in der biologischen und genetischen Forschung benötigt werden (Comberg, 1980; Schüler et al., 2001).

2.3 GENERHALTUNG

Bei der Erhaltungszucht, geht es in erster Linie um den Erhalt der genetischen Diversität einer Population und darum, sie durch gezielte Anpaarung zu vergrößern. Da in kleinen Populationen die Erhaltungszucht notwendig ist, spielen wie in Abschnitt 2.2 beschrieben die Inzucht und die Inzuchtdepression eine große Rolle. Durch hohe Inzuchtraten bzw. geringe effektive Populationsgrößen kommt es zum Verlust an genetischer Variabilität. Um dies zu verhindern werden Erhaltungszuchtprogramme aufgestellt, die die Verwandtschaft der Paarungspartner so gering wie möglich halten sollen (Wagner, 2009). Um das zu gewährleisten, werden in solchen Erhaltungszuchtprogrammen Anpaarungsempfehlungen auf Basis von Pedigreedaten der einzelnen Tiere an die Züchter gegeben unter Berücksichtigung der Inzuchtminimierung. Daher ist es sehr wichtig, dass Zuchttiere von seltenen Rassen in Datenbanken mit ihren Pedigrees erfasst werden (Kalcher, 2014). Bei solchen Zuchtprogrammen ist es notwendig eine möglichst große Anzahl an effektiv einsetzbaren Vater- und Muttertieren zu haben. Böcke sollten im Rotationsverfahren eingesetzt werden, um Inzucht zu vermeiden und möglichst viele Nachkommen für die Weiterzucht zu erhalten. Desweiteren ist es wichtig, gezielte Selektion durchzuführen, damit nur Tiere, die das Zuchtziel erfüllen und gewünschte Rassemkmale tragen zur Anpaarung gelangen. Hier sei besonders die Intra-Familien-Selektion zu nennen. Hierbei trägt jede Familie gleichmäßig zu den Eltern der nächsten Generation bei.

Die Erhaltungszucht kann auf unterschiedliche Weise durchgeführt werden. Die zwei wichtigsten sind die In-situ- und Ex- situ-Erhaltung, die im folgenden Abschnitt erläutert werden.

Die In-situ-Erhaltung, auch "On-Farm-Erhaltung", ist die wichtigste Sicherungsmaßnahme zum Erhalt einer Rasse in ihrem ursprünglichen Typ. Bei dieser Methode werden die Tiere in den Produktionssystemen, in denen sie sich entwickelt haben, oder in denen sie normalerweise anzutreffen sind, weiter gezüchtet. Es handelt sich hierbei um einen aktiven Erhalt einer Rasse, da sie unter Standortbedingungen gehalten werden, die für die Rasseausprägung verantwortlich waren (Wagner, 2009). Die Vorteile dieser Methode sind, dass die Tiere sich an ändernde Umwelteinflüsse anpassen können und diese Art der Erhaltungszucht durch die wirtschaftliche Nutzung sich auch finanziell selbst tragen kann.

Außerdem wird indigenes Wissen von Züchtern erhalten und es ermöglicht die Nutzung der alten Rassen in ländlichen Gegenden. Nachteilig ist, dass die Rassen dem Risiko von Seuchen ausgesetzt sind und kleine Populationen nicht vor dem Gendrift geschützt sind (FAO, 2012). Bei einem Gendrift handelt es sich um eine zufällige Veränderung der Allelfrequenz innerhalb des Genpools einer Population (Schüler et al., 2001).

Bei der Ex-situ-Erhaltung hingegen werden die Tiere nicht an ursprünglichen Standorten, sondern in anderen Gebieten gezüchtet und damit anderen Umwelteinflüssen ausgesetzt. Außerdem muss man hier zwischen Ex-situ-in-vivo- und Ex-situ-in-vitro-Erhaltung unterscheiden. Die Ex-situ-in-vitro-Erhaltung wird bei Rassen angewendet, deren Populationsgröße zu gering ist, oder eine In-vivo-Erhaltung nicht möglich ist. In diesen Fällen wird genetisches Material in Kryobanken eingelagert. Für dieses Verfahren werden Spermaportionen und Embryonen, aber auch Stammzellen in flüssigem Stickstoff konserviert. So lassen sich bei Bedarf Teile oder die gesamte Population reaktivieren (Wagner, 2009). Vorteil dieser Art der Generhaltung ist, dass die Flexibilität des Genetischen Systems durch Konservierung der genetischen Variation gesichert wird. Des Weiteren schützt es die Allele vor Gendrift und die genetischen Informationen sind vor Seuchenausbrüchen geschützt. Diese Methode hat geringe laufende Kosten, allerdings ist die Anlegung einer Kryodatenbank kostenintensiv. Weitere Nachteile sind, dass es keine Anpassung der Rasse an veränderte Umwelteinflüsse gibt (FAO, 2012).

Bei der Ex-situ-in-vivo-Erhaltung werden die Tiere außerhalb ihres natürlichen Habitats gehalten, wie zum Beispiel Zoos oder Tierparks (Wagner, 2009). Vorteile dieser Methode sind, dass die Rasse vor Veränderungen in Marktanforderungen sicher ist und bessere Möglichkeiten für Forschung bestehen. Außerdem erlaubt sie eine striktere Kontrolle von Selektion und Anpaarung einzelner Individuen und bietet die Möglichkeit der schnellen Wiederherstellung einer Rasse trotz limitierter Anzahl an weiblichen Tieren, ohne dass eine Kreuzungszucht angewendet werden muss. Nachteilig jedoch ist, dass die Evolution behindert wird, genauso wie die Anpassung an momentane Marktanforderungen (FAO, 2012). Desweiteren besteht in Tierparks und ähnlichem die Gefahr, dass Rassen trotzdem verloren gehen, da sie abgeschafft werden, wenn sie von der Öffentlichkeit als nicht mehr gefährdet angesehen und somit uninteressant für die Parks werden (Wagner, 2009).

Ein weiterer Aspekt ist die in-libro Konservierung. Diese Art der Konservierung wurde von Gáspárdy und Mitarbeitern eingeführt. Wie der Name schon sagt "in libro conservatio in cause emoriendi", geht es um die Erhaltung von Eigenschaften von schon ausgestorbenen Haustierrassen. Dies geschieht durch das schriftliche Festhalten von Wissen, Dokumenten und Materialien über gefährdete Rassen. Als Grund für so eine Art der Konservierung können die gleichen Argumente angeführt werden als für die Art der in-vivo und die Art der in-vitro Konservierung. Eine aussterbende Rasse am Leben zu erhalten ist nicht immer möglich, aber das Wissen über diese Rassen sollte konserviert werden und die in der Vergangenheit gesammelten Erkenntnisse dürfen nicht verloren gehen (Gáspárdy et al., 2008, 2013).

2.4 GENERATIONSINTERVALL

Das Generationsintervall gibt das mittlere Alter der Eltern bei der Geburt ihrer Nachkommen, die sie ersetzen, an. Es wird in der praktischen Tierzucht verwendet, um den Selektionserfolg, auch Zuchtfortschritt genannt, auf eine feste Zeiteinheit zu berechnen. Da das Generationsintervall als Maßeinheit Jahre hat, kann mit ihr der Selektionserfolg pro Jahr angegeben werden (Schüler et al., 2001). Die Selektionsdifferenz ist definiert als die Differenz vom phänotypischen Mittelwert der Nachkommen der selektierten Elterntiere und dem phänotypischen Mittelwert der Nachkommen aller möglichen Elterntiere. Der Selektionserfolg ist umso größer, je intensiver und akkurater die Selektion erfolgt und je höher die genetische Variation dabei ist und sinkt mit steigendem Generationsintervall (Gibson, 1995). Um einen hohen Zuchtfortschritt je Zeiteinheit zu erreichen, ist es notwendig den Generationsintervall zu verkürzen, denn bei kurzen Generationsintervallen werden mehr Selektionsschritte je Zeiteinheit durchgeführt (Comberg, 1980). Dies steht aber im Gegensatz zum Interesse der Züchter, die möglichst viele Nachkommen aus guten Elterntieren ziehen wollen (Schüler et al., 2001). Die Verkürzung des Generationsintervalls lässt sich in einzelnen Schritten verwirklichen. Zum einen kann man das Alter bei der ersten Geburt herunter setzen. Darüber hinaus besteht die Möglichkeit, die Zeitintervalle zwischen den Geburten zu verkürzen oder die Perioden der Leistungsprüfungen zu verschieben. Zudem besteht noch die Möglichkeit durch biotechnische Methoden die Anzahl an Nachkommen pro Zeiteinheit zu erhöhen (Schüler et al., 2001). Eine weitere Methode ist die genomische/genomiale Zuchtwertschätzung. Bei diesem Verfahren werden zu den schon

vorliegenden Leistungs- und Abstammungsinformationen die Ergebnisse aus genetischen Untersuchungen mit einbezogen. Das hat den Vorteil, dass lange vor dem Bekanntwerden von Töchterinformationen Aussagen über die Vererbungsleistung von männlichen Nachkommen getroffen werden kann. Dabei ist zu berücksichtigen, dass der genomische Zuchtwert zwar sicherer ist als ein Pedigree-Index, jedoch ist er unsicherer als eine Schätzung des Zuchtwertes nach Töchterleistungen (LfL, 2012).

In den praktischen Zuchtprogrammen gibt es allerdings Unterschiede in den Generationsintervallen und auch in den Selektionsdifferenzen zwischen den Geschlechtern, sowohl der Eltern als auch der Nachkommen (Schüler et al., 2001).

Rendel und Robertson (1950) beschreiben dies in ihrem 4-Pfade-Modell an Beispielen aus der Rinderzucht. Es wird dabei zwischen sogenannten Selektionspfaden bzw. Genübertragungspfaden unterschieden. Diese Pfade unterscheiden Bullenväter (Vater-Sohn-Pfad), Kuhväter (Vater-Tochter-Pfad), Bullenmütter (Mutter-Sohn-Pfad), Kuhmütter (Mutter-Tochter-Pfad). Bullenväter sind die besten Tiere einer Generation, sie werden mit den Bullenmüttern verpaart, um die Bullen der nächsten Generation zu erzeugen. Da die männlichen Nachkommen der Kuhväter und Kuhmütter nicht für die Zucht benutzt werden, werden die väterlichen Gene, das heißt der Selektionserfolg, nur über den Bullenvater-Pfad und die mütterlichen Gene nur über den Bullenmutter-Pfad an die männlichen Tiere der Folgegeneration weitergegeben. Die Bullen der nächsten Generation werden nach der Eigenleistungsprüfung in den Testeinsatz geschickt und erst nach der Nachkommenprüfung wird entschieden, ob der Bulle zu einem Bullen- bzw. Kuhvater oder ausgemerzt wird (William, 1997).

Der Zuchtfortschritt für das 4-Pfade-Modell nach RENDEL und ROBERTSON (1950):

$$ZF/T \frac{ZFbv + ZFbm + ZFkv + ZFkm}{Tbv + Tbm + Tkv + Tkm}$$

ZFbv, ZFbm, ZFkv, ZFkm = Zuchtfortschritte in den Selektionspfaden Bullenväter (bv), Bullenmütter (bm), Kuhväter (kv) und Kuhmütter (km)

Tbv, Tbm, Tkv, Tkm = Generationsintervalle in den Selektionspfaden Bullenväter (bv), Bullenmütter (bm), Kuhväter (kv) und Kuhmütter (km) (William, 1997).

2.5 FAMILIENSELEKTION

Grundsätzlich unterscheidet man zwischen Individual-Selektion und der Familien-Selektion. Bei der Individual-Selektion wird stets die Eigenleistung eines Individuums betrachtet und dieses bildet auch selbst die Selektionseinheit. Da in der Tierzucht die Merkmalerfassung als Eigenleistung nicht immer durchgeführt werden kann, zum Beispiel wenn Merkmale geschlechtsbegrenzt sind, Daten nur an getöteten Tieren genommen werden können oder aber Umwelteffekte die Leistungen verschiedener Tiergruppen beeinflussen wurde das Verfahren der Familien-Selektion entwickelt. *"Wir wissen z.B., dass das frühe postnatale Wachstum bei multiparen Tieren in hohem Maße durch die Milchleistung der Mutter (maternale Effekte) beeinflusst wird. Bei einer Selektion nach Absetzgewicht der Jungen würde man diejenigen Tiere selektieren, deren Mutter eine besonders hohe Milchleistung aufweist. Das eigentliche Selektionsziel ist aber die Erhöhung des Absetzgewichtes als Ergebnis des Genotyps der Nachkommen"* (Schüler et al., 2001). Bei der Familien-Selektion wird der Einfluss der maternalen Effekte auf den Selektionserfolg reduziert, indem der Familienmittelwert und die Abweichung des einzelnen Tieres vom Familienmittelwert als Selektionskriterien benutzt werden.

Bei der Familien-Selektion kann man desweiteren zwischen der Intra-Familien- und Inter-Familien-Selektion unterscheiden. Die Intra-Familien-Selektion verwendet lediglich die Abweichung des Einzelnen vom Familienmittelwert wohingegen die Inter-Familien-Selektion unterschiedliche Familien anhand ihrer Mittelwerte selektiert (Schüler et al., 2001).

3 MATERIAL UND METHODEN

Die Herdbuchdaten zur Bearbeitung der Thesis werden von dem ungarischen Zuchtverband (MJKSZ, Zuchtverband für Ungarische Schaf- und Ziegenzüchter) zur Verfügung gestellt. Das Herdbuch der Rasse Cigája wurde 1995 gegründet und enthält somit die Informationen der letzten zwanzig Jahre dieser Schafrasse. Das Herdbuch enthält folgende Grunddaten: eigene Ohrmarkennummer, mütterliche und väterliche Ohrmarkennummer, eigenes Geburtsdatum, sowie das Geburtsdatum von Vater und Mutter, Betriebsnummer, Geschlecht des Tieres, Geburtstyp (Anzahl von geborenen Lämmern), Erstablammungsdatum, Ausmerzungsdatum. Insgesamt umfasst diese Tabelle die Daten von 28400 Einzeltieren von 1995 bis 2013 in Form eines Excelfiles.

Um mit diesen Daten arbeiten zu können, wurden sie in eine uniforme Struktur konvertiert, mit der die statistischen Programme arbeiten können. Danach wurden die neuen Merkmale zur Charakterisierung der heutigen Cigája Population berechnet. Anhand meiner Zielsetzung sind dies folgende:

Für die Charakterisierung der Cigájapopulation in zum Thema gehörende Eigenschaften:

- Erstablammungsalter (Jahre)
- Lebenslänge (Jahre)
- durchschnittlicher Geburtstag

Für die Bewertung der Cigájapopulation benötigte populationsgenetische Parameter:

- Geschlechtsverhältnis
- effektive Herdengröße
- Inzuchtkoeffizient
- Generationsintervall nach Pfaden

Für die Erfassung der Populationsstruktur:

- Anzahl der Familien
- Familiengröße
- Generationszahlen

Zur Berechnung des Generationsintervalls wurden die Geburts- und Ablammungsdaten herangezogen. Da es von Interesse ist, die Generationsintervalle in verschiedenen Beziehungen zu beobachten, wurden verschiedene Pfade erstellt: Eltern-Nachkommen, Mutter-Nachkommen, Vater-Nachkommen, Mutter-Tochter, Mutter-Sohn, Vater-Tochter, Vater-Sohn. Diese Pfade wurden sowohl für die gesamte Population als auch nur für die Zuchttiere kalkuliert. Bei den Zuchttieren handelt es sich um die weiblichen Nachkommen, die zur weiteren Zucht verwendet wurden. Der Inzuchtkoeffizienten wurde ebenfalls für die gesamte Population als auch für die Zuchttiere separat berechnet. Hierbei wurden anfangs alle Individuen beobachtet und dann nur die ingezüchteten Tiere. Für die Berechnung der Inzuchtkoeffizienten wurde die Pedigree Viewer Software (Pedigree Viewer version 6.5b, 2010) verwendet.

Die nächste Aufgabe war die Unterscheidung der Familien anhand der Herdbuchdaten. Diese Daten wurden zunächst durch ein Programm, welches der Informatiker Herr Mihály Prikoszovich geschrieben hat, konvertiert. Dadurch konnte das yEd Programm (yEd Version 3.12.2) diese Daten verwenden.

Die statistische Datenausarbeitung wurde mit dem Programm Statistica (Statistica Version 12, 2013) vorgenommen. Dieses berechnete die benötigten Werte Mittelwert, Streuung und statistische Probe des Mittelwertes.

4 ERGEBNISSE

Die Charakterisierung der Cigája Population in zu meinem Thema gehörenden Eigenschaften sind in Tabelle 1-3 dargestellt.

Tabelle 1: **Erstablammungsalter (Jahre)**, (Beschränkung >1 und <3 jährlig)

Merkmal	n	Mittelwert	Standardab.	Median	Min	Max
Alter	4131	1,82	0,46	1,98	1,003	2,997

Aus Tabelle 1. ist ersichtlich, dass die weiblichen Tiere ihr erstes Lamm mit etwa 2 Jahren zur Welt bringen.

Tabelle 2: **Lebenslänge (Jahre)**, für beide Geschlechter

Merkmal nach Geschlecht	n	Mittelwert	Standardab.	Median	Min	Max
Widder	3788	3,92 ^a	2,40	3,18	1,008	11,992
Mutterschaf	5129	4,99 ^b	2,86	4,66	1,014	16,808
Alle	8917	4,53	2,72	3,93	1,008	16,808

Duncan-test (unterschiedliche Buchstaben zeigen statistisch signifikante Unterschiede, $p < 0,001$)

Das Durchschnittsalter der Tiere der Rasse Cigája beträgt 4-5 Jahre, wie die Tabelle 2. veranschaulicht. Generell leben die weiblichen Tiere länger als die männlichen Tiere.

Tabelle 3: **Durchschnittlicher Geburtstag** (Tag der Ablammung; mit einer Ablammsaison ab dem 1 August).

Merkmal	N	Mittelwert	Standardab.	Median	min	max
Geburtstag	28400	32,50	37,45	29,00	-152	207

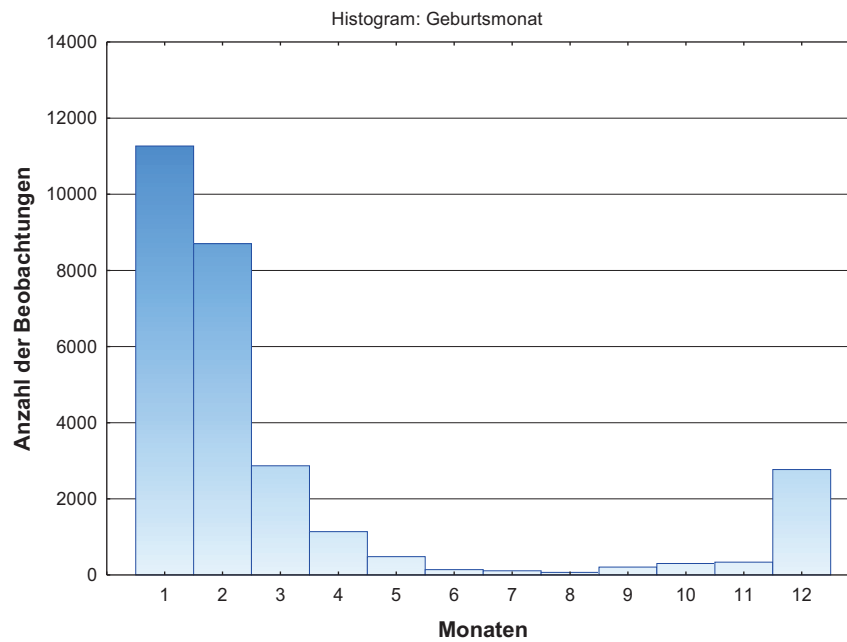


Abb. 3: jährliche Verteilung der Lammungen

Die Tabelle 3 und Abbildung 3 der jährlichen Verteilung der Lammungen zeigen, dass die Lammungen saisonal sind (grundsätzlich im Winter) und man mit einer Pause während des Herbstes rechnen kann.

Bewertung der Cigája Population anhand populationsgenetischer Parameter:

- Das Geschlechtsverhältnis

Die Herdbuchdatei enthält 28400 Individuen, davon sind 12072 männliche und 16212 weibliche Lämmer registriert (insgesamt 28284; 116 Tiere sind ohne Geschlecht registriert). Das Geschlechtsverhältnis ist 43%♂:57%♀. Das Geschlechtsverhältnis bei den Ersatztieren ist 5,6%♂:94,4%♀.

- Die effektive Herdengröße (N_e)

$$N_e = \frac{4 \cdot 15 \cdot 254}{15 + 254} = 56$$

Die effektive Herdengröße ist 56, während die tatsächliche Herdengröße 269 ist bezogen auf die Remontierungstiere. Remontierungstiere, sind Nachkommen, die für die weiter Zucht ausgewählt wurden und andere Tiere ersetzen. Zusammengefasst sind es 23 registrierte Herden.

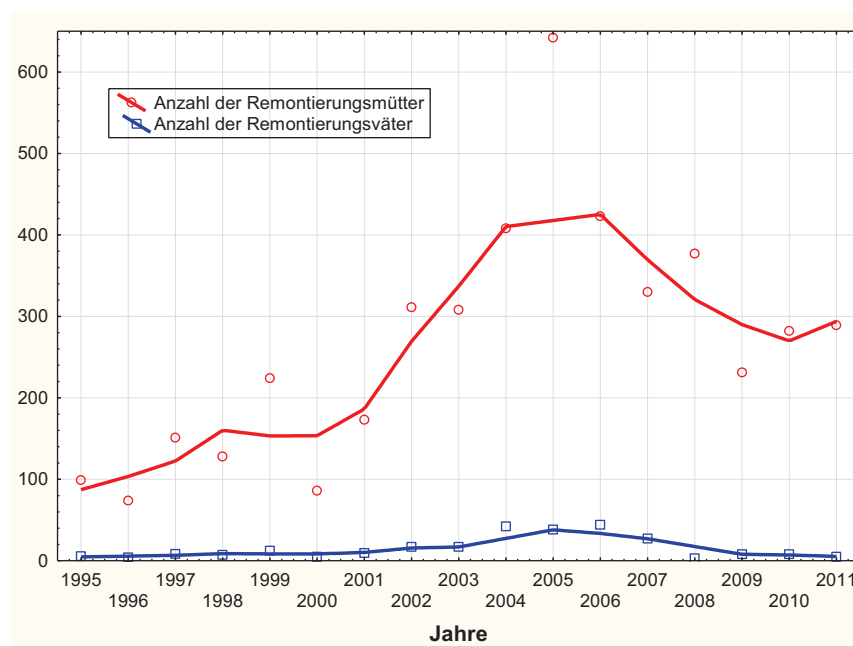


Abb. 4: Anzahl der jährlichen Remontierung (nach Geschlecht)

Die Abbildung 4 gibt Auskunft darüber, dass die Anzahl der für die Zucht ausgewählten Remontierungstieren bei den weiblichen größer (durchschnittlich zwischen 2-300) als bei den männlichen (durchschnittlich zwischen 10-50) ist.

- Der Inzuchtkoeffizient

Tabelle 4: **Die Inzuchtkoeffizienten**

	Alle Tiere (n=28400)	Zuchttiere (n=4574)
ingezüchtete Individuen	7902	1170
Anteil an ingezüchteten Individuen (%)	27.94	11.9
Inzuchtkoeffizient der gesamt Population	0.01491 (0.00 - 0.44189)	0.016295 ^{NS} (0.00 - 0.397220)
Inzuchtkoeffizient des ingezüchteten Anteils der Population	0.05688 (0.00024 - 0.44189)	0.059235 ^{NS} (0.000490 - 0.397220)

NS - nicht signifikant

Innerhalb des gesamten Herdbuches kann beobachtet werden, dass bei 28% der Population Inzucht vorliegt, während von den Zuchttieren der Anteil der ingezüchteten Tiere bei nur 12% liegt.

Die Tabelle 4 zeigt, dass der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient der gesamten Population in dieser Kategorie ungefähr 1.5% und 1.6% ist. Bei dem Anteil an ingezüchteten Tieren der Population weisen die Zuchttiere einen höheren Inzuchtkoeffizienten auf als die gesamte Population. Darüber hinaus kann festgestellt werden, dass die wenigen ingezüchteten Zuchttiere die höchste Homozygotie aufweisen.

- Das Generationsintervall (nach Pfaden)

Tabelle 5: **Generationsintervalle nach Pfaden**

	n	Mittelwert	Standardab.	Median	Min	Max
Eltern - Nachkommen	23907	4.27	1,61	4,04	1,08	11,18
Mutter - Nachkommen	23907	4.46	2,38	4.02	0,87	14,27
Vater - Nachkommen	23921	4.10	1,91	3.93	0,94	11,31
Mutter - Tochter	12848	4.39 ^a	2,36	4.01	0,87	14,27
Mutter - Sohn	11059	4.53 ^b	2,40	4.04	0,87	14,27
Vater - Tochter	12860	4.13 ^b	1,93	3.93	0,94	11,28
Vater - Sohn	11061	4.06 ^a	1,88	3.92	0,94	11,31

Statistische Probe nach Mutter ($p < 0,001$) und Vater ($p < 0,003$)

Unter Verwendung der Pedigreedaten wurde festgestellt, dass der Generationsintervall, der das Durchschnittsalter der Eltern angibt, bei der Geburt ihrer Nachkommen die sie ersetzen, ca. 4 Jahre beträgt (Tabelle 5).

Die Ähnlichkeit der mütterlichen und väterlichen Pfade ist von großem Vorteil bei der Aufrechterhaltung einer seltenen oder gefährdeten Rasse. Aus den Generationsintervallen der Eltern kann geschlussfolgert werden, dass sie im Durchschnitt drei Generationen im Laufe ihres Lebens erzeugen können. Die detaillierten Eltern-Nachkommen Verbindungen zeigen keine bemerkenswerten Unterschiede in der Länge der Generationsintervalle. Für die Bewertung der Eigenschaften, bezogen auf die Zeit der Generationsintervalle, ist der Median zuverlässiger als der Mittelwert. Daher wird die geringe Differenz zwischen der Länge der väterlichen und mütterlichen Verbindungen eher als virtuell angesehen.

In Bezug auf die Pfade der Eltern zu den Töchtern für die Weiterzucht, können ähnliche Längen der Generationsintervalle festgestellt werden. Diese Werte sind in Zukunft zu erhöhen, wenn eine mögliche jährliche genetische Veränderung verhindert werden soll.

Erfassung der Populationsstruktur:

- Die Anzahl der Familien

Das Programm Pedigree Viewer ermittelte 2316 Familien innerhalb des Herdbuches, davon noch bestehende Familien sind 1469. Die Schlussfolgerung daraus ist, dass ungefähr 63% des Anfangsbestandes noch durch lebende Repräsentanten vertreten sind, aber schon etwa ein Drittel der Familien ausgestorben sind.

- Die Familiengröße

Tabelle 6: **Familiengröße**

Merkmal nach Status	Anzahl der Familien	Mittelwert	Standardab.	Median	Min	Max
Alle Herdbuchtiere	2316	53,01	61,53	24	2	273
Lebende Herdbuchtiere	1469	58,11 ^b	62,36	28,5	2	273

Die durchschnittliche Familiengröße (Tabelle 6) von allen im Herdbuch registrierten Tieren beträgt 53,01 Individuen, wobei die heute noch lebenden Familien im Durchschnitt etwa 58 Tiere zählen.

- Die Anzahl an Generationen

Tabelle 7: **Anzahl der alten Familien mit längster Abstammung**

Generationen	Anzahl an Familien
9	3
8	19
7	34

Nach Analyse der Daten nach den mütterlichen Linien, wurden die ältesten Familien mit dem längsten Stammbaum ausgewählt. Es waren 56 Familien mit sieben bis neun Generationen. Die Unterscheidung der Familien ist sehr wichtig unter dem Aspekt der genetischen Diversität.

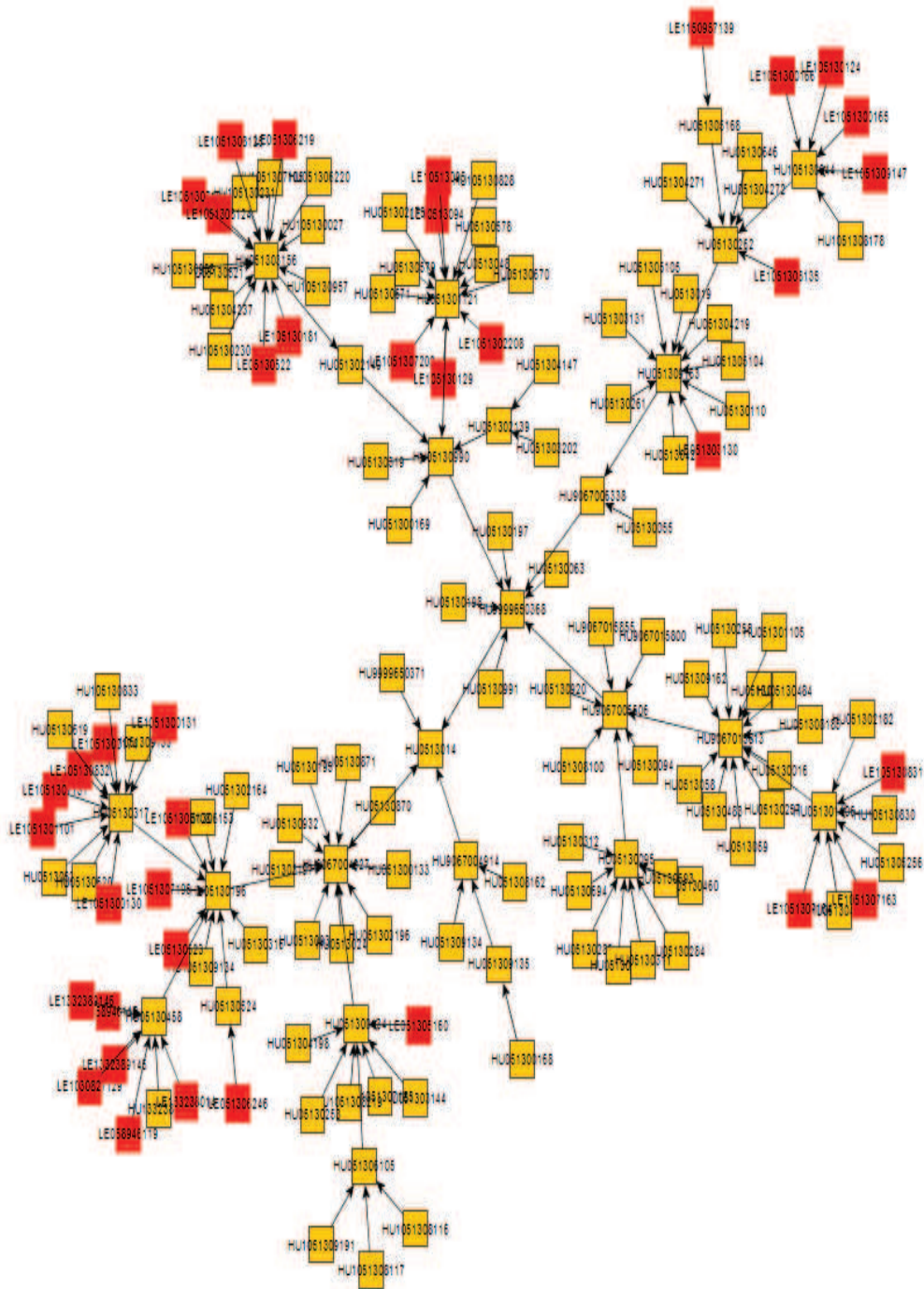


Abb. 5: **Stammbaum einer Familie**, erstellt mit yEd

Abbildung 5 zeigt eine der alten Familien mit sieben Generationen. Die Pfeile gehen von allen Nachkommen zur Stammutter HU0513014 zurück. Die rot markierten Tiere sind die heute noch lebenden Nachkommen.

5 DISKUSSION

Im Ergebnis ist das weibliche Geschlecht in der Rassenerhaltung von wesentlicher Bedeutung und wird in vielen Fällen unterschätzt. Auf Grund des deutlichen Unterschiedes im Geschlechtsverhältnis innerhalb der Population, mehr weibliche als männliche Tiere, tragen die weiblichen Individuen eine höhere Verantwortung im Bezug auf die Erhaltung der genetischen Varianz als die männlichen Tiere. Dieses wird besonders deutlich wenn man die Remontierungstiere betrachtet, es kommen nämlich deutlich mehr weibliche Nachkommen in die weitere Zucht als männliche. Desweiteren leben die weiblichen Tiere länger und haben somit ein längeres Generationsintervall als die männlichen, wodurch das Risiko an zeiteinheitlichen (praktisch jährlich) Veränderungen am genetischen Mittel auf ihrer Seite niedriger ist, als es bei den kürzer lebenden männlichen Individuen der Fall ist. Außerdem leisten die Mütter besondere Beiträge zur Entwicklung der Nachkommenschaft, wie die Vererbung der mitochondrialen DNA, welche nur monoparental vererbt wird und Einfluss auf die körperliche Leistung der Nachkommen hat.

Das Erstablammungsalter bei den Cigájaschafen ist mit ca. 1,8 Jahren zwar relativ hoch im Vergleich zu anderen moderneren Nutzrassen, jedoch ist dieser Wert für das Erhalten einer alten Rasse als gut zu betrachten. Ein Mutterschaf sollte körperlich schon so weit entwickelt sein, dass es mindestens 60% ihres adulten Gewichtes erreicht hat, um ein gesundes Lamm gebären und aufziehen zu können. Vor allem, da auch Zwillingengeburt bei dieser Rasse nicht selten sind. Auch wenn dies im Gegensatz zu den wirtschaftlichen Interessen der Züchter steht, sei darauf hingewiesen, dass Schafe mit sehr frühen Erstablammungen häufig eine erhöhte Regenerationszeit der Geschlechtsorgane, die sogenannte Zwischenlammzeit, benötigen und somit später wieder aufnehmen (De Vries et al., 2005). Die Lammungen finden grundsätzlich im Winter, also saisonal statt, was auch den natürlichen Gegebenheiten der Cigájaschafe entspricht. Eine Verkürzung der Zwischenlammzeit um mehr Nachkommen pro Zeiteinheit zu erzielen ist nicht anzustreben, da es oft zu einem Anstieg an tot geborenen Lämmern kommt (Wessels, 2003), was nicht förderlich für den Erhalt einer Rasse ist.

Bei Betrachtung der effektiven Herdengröße wird deutlich, dass der Inzuchtzuwach pro Generation sehr gering ist. Um dies zu verdeutlichen, kann man die Formel von Falconer (1984) anwenden

$$\Delta F = \frac{1}{2N_e}$$

welche ein Ergebnis von 0,89% Inzuchtzuwachs pro Generation liefert. Da dieses Ergebnis stark von der Anzahl an männlichen Individuen für die Zucht abhängig ist, ist in Zukunft darauf zu achten, dass genügend Böcke für die weitere Zucht ausgewählt werden. So wird der Inzuchtzuwachs pro Generation und mit ihm die erhöhte Wahrscheinlichkeit, dass Rassemerkmale verloren gehen, gering gehalten.

Der aktuelle Stand der Population in Bezug auf die Inzucht kann als gut eingestuft werden, auch wenn die Inzuchtrate in der gesamten Population ca. 28% ist, denn bei den Zuchttieren liegt sie gerade einmal bei ca. 12% . Auch die Inzuchtskoeffizienten bewegen sich in einem akzeptablen Rahmen, so dass keine akute Gefahr besteht das die genetische Variabilität sinkt, auch wenn sie bei den Zuchttieren ein wenig größer ist als in der gesamten Population. Anders ist es bei den ingezüchteten Tieren. Hier weisen sowohl die Tiere der gesamt Population als auch die Zuchttiere recht hohe Inzuchtskoeffizienten auf. Die höchste Homozygotie ist hier bei den ingezüchteten Zuchttieren zu verzeichnen. Diese Tiere sollten aus dem Zuchtprogramm ausscheiden um die genetische Variabilität nicht zu gefährden.

Im Durchschnitt wird für die aktuelle Cigájapopulation ein Genertionsintervall von vier Jahren angegeben. Das bedeutet, dass Elterntiere im Durchschnitt etwa drei Generationen erzeugen können bevor sie ausscheiden. Um eine jährliche genetische Veränderung zu verhindern ist es wichtig in Zukunft die Generationsintervalle zu verlängern, denn je länger ein Elterntier Nachkommen zeugt bevor es ersetzt wird, desto kleiner ist der Selektionserfolg (Gibson, 1995). Denn bei kurzen Generationsintervallen werden mehr Selektionsschritte je Zeiteinheit durchgeführt (Comberg, 1980). Dies führt bei einer zu erhaltenen Rasse dazu, dass die Wahrscheinlichkeit, rassetypische Merkmale zu verlieren, steigt.

Unter dem Aspekt der genetischen Diversität ist zu sagen, dass es wichtig ist die noch lebenden Familien zu erhalten und dafür zu sorgen, dass Individuen unterschiedlicher Familien zur Anpaarung gelangen.

Für weitere Untersuchungen möchten wir die mitochondriale DNA verwenden. Die Mitochondrien stellen einen möglichen Mechanismus der zytoplasmatischen Vererbung dar,

der ausschließlich über die mütterlichen Linien vererbt wird. Außerdem enthalten sie eine geschlossene Schleife an DNA, auf der Proteine der Elektronentransportkette für die ADP zu ATP Synthese codiert sind. Denn jede Zelle enthält viele Kopien der mitochondrialen DNA, die, außer in sehr seltenen Fällen der Heteroplasmie, identisch sind und in allen Mitgliedern der mütterlichen Linie vorhanden sind.

Für die Zukunft hoffen wir, die erfolgreichen Ergebnisse der Laborarbeit in späteren Arbeiten präsentieren zu können. Durch unsere Untersuchungen erhoffen wir uns eine Aufrechterhaltung der genetischen Variabilität in dieser Rasse und eine gute Anpassung an sich ändernde Umweltbedingungen.

6 ZUSAMMENFASSUNG

Henning Arkenberg: Berechnung und Auswertung von Zuchtparametern der Schafrasse Cigája und die besondere Bedeutung der weiblichen Schafe für die Zucht

Ziel dieser Arbeit war es, neue Zuchtparameter für die Schafrasse Cigája zu erhalten und zu erfahren, wie es um diese alte Nutztier rasse steht.

Dafür wurden die aktuellen Herdbuchdaten herangezogen, die 28400 registrierte Tiere beinhalten. Die Auswertung dieser Herdbuchdaten zeigte, dass die weiblichen Tiere im Durchschnitt mit ca. 2 Jahren ihr erstes Lamm gebären und dass die weiblichen Tiere (ca. 5 Jahre) größere Lebenslänge als die männlichen (ca. 4 Jahre) haben. Weiter wurde ermittelt, dass die Lammungen saisonal sind (grundsätzlich im Winter) und man kann mit einer Pause während des Herbstes rechnen. Das Geschlechtsverhältnis der registrierten Population beträgt 43% männliche und 57% weibliche Tiere. Anhand des Anteiles der in der Zucht angewendeten Tiere wurde die effektive Herdengröße von 56 ermittelt. Innerhalb des gesamten Herdbuches sind 28% der Population von Inzucht betroffen. Betrachtet man allerdings nur die Zuchttiere, sind lediglich 12% dieser von Inzucht betroffen, was durchaus positiv zu bewerten ist. Das Generationsintervall beträgt im Mittelwert 4, was bedeutet, dass die Eltern im Durchschnitt drei Generationen zur Welt bringen, wobei die Mutter-Tochter und Vater-Tochter Pfade einen ähnlichen Wert aufweisen.

Insgesamt wurden im Herdbuch 2316 Familien ermittelt, von denen noch 1469 Familien durch lebende Repräsentanten vertreten sind. Diese Familien sind im Schnitt 53 Individuen stark und die größte Familie hat eine Länge von neun Generationen.

Abschließend kann gesagt werden, dass aufgrund des Geschlechtsverhältnisses und der längeren Lebenserwartung der weiblichen Tiere, diese eine höhere Verantwortung bei der Erhaltung der genetischen Varianz ihrer Rasse tragen, als ihre männlichen Vertreter.

7 SUMMERY

Henning Arkenberg: Calculation and evaluation of breeding parameters of the sheep breed Tsigai and the role of the females for breeding

The aim of this work was to obtain new breeding parameters for the sheep breed Tsigai and to gain more information about the actual situation of this old breed. For this purpose the current herd book data which contains 28400 registered animals were used.

The evaluation of this herd book data showed that the females give birth to their first lamb with about 2 years of age on average. It also showed that the females had a life span longer (about 5 years) than the males (about 4 years). It was further determined that the lambing is seasonal (it happen mainly in winter) and absolutely not typical in fall. The sex ratio of the registered population is 43% males and 57% females. According to the ratio of the new breeding animals an effective herd size of 56 was estimated. Within the whole herd book 28% of the individuals was characterized with an inbreeding coefficient being over 0, while considering the breeding animals only this percent was 12, which is seen as positive. The generation interval is 4 years on average which means that the parents can produce 3 litters during their life; the mother - daughter and father - daughter paths have similar values.

A total of 2316 families have been identified in the herd book of which 1469 families are still represented by living representatives. These families contain 53 individuals on average, and the oldest families have a length of nine generations.

It can be concluded that females have a greater responsibility in maintaining the genetic variance of the breed than the males because of their bigger sex ratio and the longer life expectancy.

8 DANKSAGUNG

Ich möchte mich sehr herzlich bei Univ. Dozent Herr Dr. András Gáspárdy, Leiter der Abteilung für Tierzucht und Haustiergenetik bedanken für sein großartiges Engagement und sein Interesse an diesem Thema bedanken. Er stand mir jeder Zeit bei der Verwirklichung meiner Arbeit mit Rat und Tat zur Seite. Ein weiterer Dank gilt Frau Dr. Kata Annus, Wissenschaftliche Hilfskraft, die mich bei der Arbeit mit den Softwareprogrammen Pedigree Viewer, Statsoft, yEd und ihrem Fachwissen tatkräftig unterstützt hat.

Ohne die Bereitstellung der Herdbuchdaten durch den ungarischen Zuchtverband (MJKSZ, Zuchtverband für Ungarische Schaf- und Ziegenzüchter) hätte ich meine Arbeit nicht verwirklichen können, daher gilt auch ihm an dieser Stelle ein großer Dank.

Ebenfalls recht herzlich bedanken möchte ich mich bei dem Informatiker Herr Mihály Prikoszovich, der mit seinen Fachkenntnissen eine Möglichkeit zur Aufarbeitung der Herdbuchdaten gefunden hat, damit wir mit den entsprechenden Programmen arbeiten konnten.

Abschließend möchte ich mich auch bei meiner Familie und meiner Freundin Laura Kern für ihr Verständnis, Geduld und ihre guten Ratschläge bedanken.

9 REFERENZEN

Annus K., Arkenberg H., Prikoszovich M., Oláh J., Maróti-Agóts Á., Gáspárdy A.: Characterisation of the female Tsigai population by use of Hungarian herd-book data, Paper on Scientific Conference of the DAGENE 25 Anniversary Meeting, Debrecen, Ungarn, 19.08. 2014

Annus K., Oláh J., Prikoszovich M., Maróti-Agóts Á., Gáspárdy A.: Establishing of maternal lineages in Hungarian native Tsigai sheep breed, Paper on 8. Seminar on Agro biodiversity “Agro biodiversity and nature Conservation”, SAVE Annual Meeting, Lonjsko Polje, Kroatien, 19. 08. 2014

Bodó I.: Living Heritage, Budapest, 2000, S. 60-62

Bohm J.: Die Schafzucht nach ihrem jetzigen rationellen Standpunkt, Zweiter Teil: Die Züchtung des Schafes, Verlag von Wiegandt, Hempel & Baren, Berlin, 1878

Comberg G.: Tierzüchtungslehre, Hannover, 1980, S.114, 193-197, 206

FAO Animal Production and Health Guidelines No.12: Cryoconservation of animal genetic resources, Rome, 2012, S. 89-93

De Vries F., Hamann H., Distl O.: Genetische Parameter für Fruchtbarkeitsmerkmale bei Landschfrassen, Archiv Tierzucht 48, Dummerdorf, 2005, S.76-85

Gáspárdy A., Szabó L., Veress Gy., Szöllösy G., Jávorka L.: Kiveszett fajták megőrzése, Állattenyésztők Lapja, MÁSZ, XIII. évf., 12. sz., Budapest, 2008, S.16

Gáspárdy A., Kukovics S., Anton I., Zsolnai A., Komlósi I.: Hazai cigájajuhnyá jakösszeha sonlítása mikroszatellita polimorfizmusok alapján (Comparison of Hungarian Tsigai sheep flocks according to microsatellite polymorphisms),Magy. Állatorvosok Lapja, 135:11., Budapest, 2013, S. 660-665

Gáspárdy A., Løvås C., Székelyhidi I., Bodó I.: Withers height in the Mezőhegyes with special regard to the development of Nonius breed, Journal d’Ethnozootecnie de Roumanie, Transylvanian Rare Breeds, Timisoara, 2013, S. 37-41

Gáspárdy A., Kukovics S., Anton I., Zsolnai A., Komlósi I.: Hazai cigája változatok biokémiai és DNS polimorfizmusainak áttekintő vizsgálata (Study on biochemical and DNA polymorphisms of Hungarian Tsigai sheep variants), Állattenyésztés és Takarmányozás, 63:2. Budapest, 2014, S. 123-135

Gáspárdy A., Sáfár L., Óshonos juhajtáink: Cigája és tejelő cigája (Our autochthonous sheep breeds: The Tsigai and Milking Tsigai), Magyar Juh- és Kecsketenyésztő Szövetség, Budapest, 2014, S. 43

Gáspárdy A.: Hungarian native Sheep: the Tsigai, Budapest, 2002, S. 1-4

Gibson, J.P.: Basic Principles of Response to Selection. (in: An Introduction to the Design and Economics of Animal Breeding Strategies), University of Guelph, Ontario, Kanada, 1995, S. 9-16

Hotvedt S.: Evaluation of the Milking Tsigai breed by using microsatellite markers, Budapest, 2004, S. 3-6

Hölscher C.: Fleischleistungsfähigkeit von alten ungarischen Rassen im Vergleich zu dem deutschen Fleischmerino, Budapest, 2012, S.12

Jacobsen I. E.: Generation Interval of the Hungarian native Tsigai breed, Budapest, 2003, S. 3-6

Kalcher L.: Rinderzucht Austria, Wien, 2014, S.159

Krischke D.: Selektion in kleinen Populationen am Beispiel Berberpferd, Göttingen, 2001, S.65-71

URL:<http://www.hofreitschule.de/files/masterfinal4.pdf>

LfL Bayrische Landesanstalt für Landwirtschaft, Tierzucht: Genomische Selektion, Dezember 2012,

URL: <http://www.lfl.bayern.de/itz/rind/023011/>

Pedigree Viewer versions 6.5b, Brian and Sandy Kinghorn, 2013,

URL: <http://www.personal.une.edu.au/~bkinghor/pedigree55c.htm>

StatSoft, Inc. STATISTICA (data analysis software system), version 12, 2013,

URL: www.statsoft.com

Schüler L. und Swalve H. und Götz K.-U.: Grundlagen der Quantitativen Genetik, Halle, Dummerstorf, Grub, Eugen Ulmer GmbH & Co., 2001, S.51-58,215-226,270-273

Wagner H. W.: Erhaltungszucht der Population der Bentheimer Landschaft unter Minimierung der Inzucht und Berücksichtigung der Zucht auf Scapie-Resistenz, Gießen, 2009,S.8-14

URL: <http://d-nb.info/100034102X/34>

Wessels G. G.: Populationsgenetische Untersuchung von Fruchtbarkeits-, Milchleistungs- und Körpermerkmalen beim Ostfrisischen Milchschaft, Hannover, 2003, S. 9-10

Willam A.: Seminar des genetischen Ausschusses der ZAR Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter, Salzburg, 1997, S.5

yEd Version 3.12.2, Copyright 2000-2014 yWorks GmbH,All rights reserved,

URL: <http://www.yWorks.com>

HuVetA - SZIA
AGREEMENT OF ELECTRONIC PUBLISHING AND DECLARATION
REGARDING COPYRIGHT *

Name:.....

Contact information (email):.....

Title of document (to upload):.....

.....

Publication data o document:.....

Number of files submitted:.....

With the acceptance of the present agreement the author or the holder of copyright offers non-exclusive rights for HuVetA and SZIA to archive the above document (including its abstract) converted into PDF format protected against copying without changing its content in order to preserve it and ensure access to it.

The author accepts that HuVetA and SZIA store more than one copy (accessible only for the administrators of HuVetA and SZIA) of the document provided by you exclusively for the purposes of ensuring safe storage and recovery if necessary.

You also declare that the provided document is your own work and/or you are entitled to give the permissions included in the present agreement. You also declare that the document is an original one and you do not know about it violating the copyright of anyone else. If the document has a part which you are not the copyright owner of, you have to remark that you got unlimited permission from the copyright owner to give permission for the use of the document according to the present agreement, and the name of the original author is clearly indicated by the parts the copyright of which belong to a third person.

The copyright owner defines the conditions of access as follows (**indicate your choice by putting an X in the proper box**):

- I give permission to make the document stored in HuVetA/SZIA accessible on the internet without any limitation for everyone,
- I give permission to make the document accessible only within the intranet (IP range) of the Szent István University,
- I give permission to make the document accessible only on one single dedicated computer at the Veterinary Science Library,
- I give permission only to upload the bibliographic data and abstract of the document (with unlimited access on the internet to these data only),

* The present declaration is based on the rector's order number 5/2011. regarding the database of scientific publications written at the Szent Istvan University.

Please, also **make declaration regarding the in-house use of the document** by writing an X into the box:

I give permission for the in-house reading of the printed version of my document in the library.

If the preparation of the document to be uploaded was supported or sponsored by a firm or an organization, I declare that I am entitled to sign the present agreement regarding the document.

The operators of HuVetA/SZIA do not assume any legal responsibility towards the author or copyright holders or organizations for the case if a user would use the material uploaded with permission to HuVetA or SZIA in an unlawful way.

Budapest,day month 201...

signature
author/copyright owner

***HuVetA Magyar Állatorvos-tudományi Archívum – Hungarian Veterinary Archive** is an online veterinary repository operated by the Veterinary Science Library, Archives and Museum the aim of which is to collect, organize, store, make searchable and accessible, and provide services of the documents of Hungarian veterinary science and history, making an electronic knowledge base in harmony with legal regulations.*

HuVetA uses modern technology to provide easy searchability (also by search engines) and the access to the full text of the document if possible. By these HuVetA aims at

- *increasing the acknowledgement of Hungarian veterinary science in Hungary and internationally;*
- *increasing the number of citations given for the publications of Hungarian veterinarians and by these increasing the impact factor of Hungarian veterinary journals;*
- *presenting the knowledge base of the Faculty of Veterinary Science, Szent István University and that of the partners in a concentrated form in order to increase respect for Hungarian veterinary science and the competitiveness of these organizations;*
- *enhancing professional relations and cooperation;*
- *supporting open access.*

***SZIA Szent István Archive** is the online repository of scientific publications written at the Szent István University.*