

Biodiversität und Leistung

beim landwirtschaftlichen Nutztier

Jens Vanselow und Martina Langhammer (Dummerstorf)



Insbesondere auf Extremstandorten, die durch schlechte Böden und Extremwetterereignisse geprägt sind, müssen verstärkt lokale und optimal angepasste Rassen, die mit diesen Bedingungen besser zurecht kommen, Berücksichtigung finden.

Nutztiere treten uns in großer Vielfalt entgegen. Diese Vielfalt hat sich als Anpassung an die unterschiedlichsten Anforderungen im Verlauf der Domestikation herausgebildet. Heutzutage liefern immer weniger Nutztierarten und -rassen einen substantiellen Beitrag zur tierischen Produktion. Die Erforschung der „funktionalen Biodiversität“ bildet eine Voraussetzung für den Erhalt der genetischen Vielfalt als Basis der Züchtung, um auf sich verändernde Umweltbedingungen und wechselnde Verbraucherwünsche reagieren zu können.

Zunehmende Nachfrage

Die Nachfrage nach Nahrungsmitteln wird in den nächsten Jahrzehnten wegen der weiter wachsenden Weltbevölkerung enorm steigen. Nicht zuletzt durch den zunehmenden Wohlstand in den Schwellenländern (z. B. China) werden vor allem tierische Produkte wie Fleisch, Milch, Eier oder Fisch gefragt sein. Das führt dazu, dass die Agrarerträge weiter gesteigert werden müssen. In Deutschland

beispielsweise konnte die Milchproduktion pro Kuh durch konsequente Leistungszucht seit 1950 nahezu verdoppelt werden. Ein einfaches Fortschreiben der Intensivierung, verbunden mit einer Fokussierung auf wenige Hochleistungsrassen und einer schleichenden Verarmung der genetischen Vielfalt, die als Grundlage für das Einkreuzen neuer Eigenschaften benötigt wird, ist allerdings wenig ratsam. Stattdessen wird es erforderlich sein, integrierte Systeme zu entwickeln, die sowohl die Erkenntnisse moderner Tierzucht ein-



Abb. 1: Unterschiedliche Schweinerassen

schließlich gendiagnostischer Verfahren als auch wichtige Prinzipien nachhaltigen Wirtschaftens berücksichtigen. Insbesondere auf Extremstandorten, die durch schlechte Böden und Extremwetterereignisse geprägt sind, müssen verstärkt lokale und optimal angepasste Rassen (Abb. 1), die mit diesen Bedingungen besser zurechtkommen, Berücksichtigung finden.

Agrobiodiversität als Voraussetzung für züchterischen Fortschritt

Ohne Zweifel hat die leistungsorientierte Tierzucht einen wesentlichen Beitrag zur Ernährungssicherung geleistet. Dabei ist zu beachten, dass nur ganz wenige Arten und Rassen eine herausragende wirtschaftliche Bedeutung haben. So bilden lediglich elf von insgesamt einigen hundert genutzten Tierarten die Grundlage für 95 % der tierischen Produktion in Deutschland. Dadurch besteht zunehmend das Problem, dass aufgrund mangelnder Wirtschaftlichkeit viele alte, lokale Arten und Rassen nicht mehr genutzt werden und damit in ihrem Bestand gefährdet sind.

Gerade wegen der relativ geringen Artenvielfalt der Agroökosysteme spielt die innerartliche genetische Diversität eine überragende Rolle für züchterische Fortschritte. Eine ständige Verbesserung quantitativer und qualitativer Eigenschaften von Nutztieren, wie Widerstandsfähigkeit, Anpassungsfähigkeit an sich ändernde Umweltbedingungen (Klimawandel) und wechselnde Verbraucherverwünsche, wird auch künftig von entscheidender Bedeutung sein. Es ist deshalb wichtig, die noch vorhandenen genetischen Ressourcen zu erfassen und Strategien zu ihrer Erhaltung zu entwickeln. Ein weiteres Verschwinden von gegenwärtig wirtschaftlich kaum oder nicht genutzten Tierarten und -rassen sollte vermieden werden.

Erforschung der funktionale Biodiversität beim Nutztier

Funktionale Biodiversität beschreibt die Vielfalt physiologischer Anpassungsstrategien von Nutztieren, die sich im Verlauf der natürlichen und künstlichen Selektion herausgebildet haben. Verschiedene Tierarten lösen die gleiche Aufgabe auf ganz unterschiedliche Art und Weise. So unterscheidet sich der Verdauungsapparat von Kaninchen, Pferden und Wiederkäuern grundsätzlich, obwohl alle die gleiche pflanzliche Nahrung zu sich nehmen. Aber auch innerhalb einer Tierart findet man eine große Vielfalt von physiologischen Lösungsansätzen, die es unseren Nutztieren erlaubt, die geforderte Leistung unter den gegebenen Haltungsbedingungen zu erbringen.

So sind zum Beispiel beim Huhn in den auf höchsten Muskelansatz selektierten Broilerlinien ganz andere Genvarianten dominierend als in den hochleistenden Legehennen. Das Leibniz-Institut für Nutztierbiologie (FBN) in Dummerstorf bei Rostock erforscht in erster Linie die innerartliche funktionale Biodiversität von Nutztieren in ihrer Umwelt als Grundlage der Domestikation und als wesentliche Komponente einer nachhaltigen Landwirtschaft und der menschlichen Ernährung.

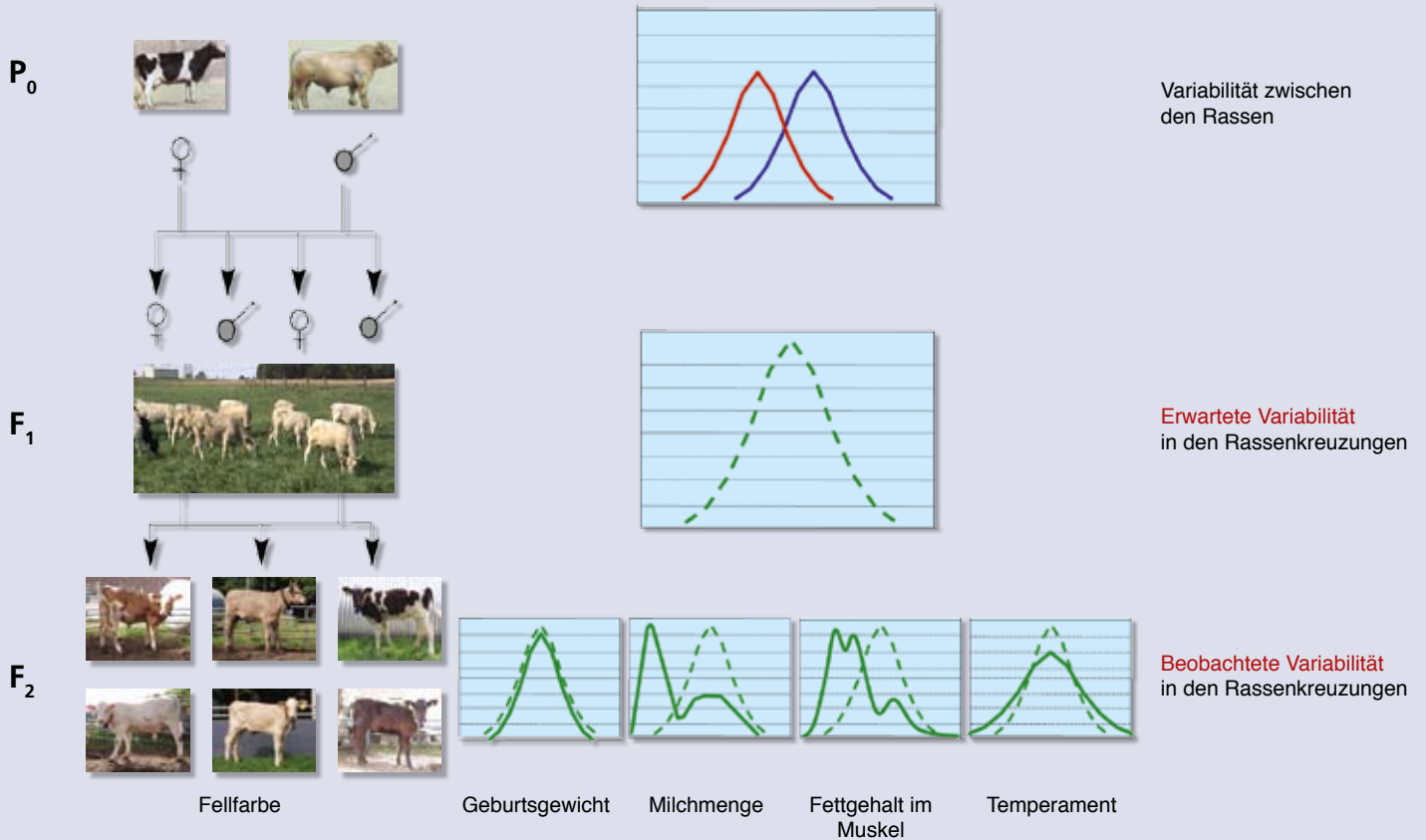
... beim Rind

Das langfristig angelegte Projekt „SEGFAM“ unter der Leitung von Dr. Christa Kühn befasst sich dabei mit der hohen Variabilität bei der Ausprägung wichtiger Merkmale wie Milchleistung und Fleischansatz beim Rind. Hierzu wurde eine Kreuzungsfamilie aus der Fleischrindrasse Charolais und der Milchrindrasse Deutsche Holstein erstellt, um den genetischen Ursachen dieser bemerkenswerten Unterschiede auf die Spur zu kommen (Abb. 2). Parallel zu der genetischen Charakterisierung werden die Kreuzungstiere der zweiten Generation (F2-Generation) zahlreichen biochemischen, physiologischen und verhaltensphysiologischen Untersuchungen unterzogen, um an diesem Nutztiermodell die Variabilität möglichst umfassend zu charakterisieren. Dabei zeigte sich, dass sich die Ausprägung vieler Merkmale in Tieren der zweiten Generation nicht wie erwartet mit einem einfachen Verteilungsmodell beschreiben lässt. Vielmehr



Abb. 2: F2-Tiere einer Charolais x Deutsche Holstein Kreuzungspopulation.

Abb. 3: Die tatsächliche Verteilung einzelner Merkmale bei F₂-Nachkommen einer Charolai x Deutsche Holstein Kreuzungspopulation unterscheidet sich deutlich von der erwarteten Merkmalsverteilung.



kommt es – vermutlich durch Interaktionen zwischen den neu kombinierten Genorten – zu einem sehr komplexen und unerwarteten Verteilungsmuster der Einzelmerkmale (Abb. 3). Ein wichtiges Ziel dieses Projektes besteht deshalb darin, die zugrunde liegenden genetischen Mechanismen auf molekularer Ebene aufzuklären, um sie in der Zucht besser berücksichtigen und nutzen zu können.



Auch innerhalb einer Rasse findet man beträchtliche physiologische Unterschiede. So wird häufig beobachtet, dass Hochleistungskühe bei einsetzender Milchproduktion nicht genügend Futter aufnehmen, um diese zusätzlich zu erbringende körperliche Leistung zu kompensieren. Dadurch geraten sie in eine negative Energiebilanz. Diese Tiere mobilisieren dann Körperfett und magern stark ab. In einem Projekt von Dr. Björn Kuhla sollen deshalb körpereigene Signalwege des Fett- und Kohlenhydratstoffwechsels identifiziert sowie die Insulinempfindlichkeit in der Leber, im Muskel und im Fettgewebe untersucht werden. Wir erwarten dadurch Informationen zur Frage, warum magere Kühe ihre maximale Futteraufnahme bzw. ihre Sättigung schneller erreichen als fette Kühe. Es sollen Mechanismen aufgezeigt werden, die es manchen Kühen ermöglichen, sich erfolgreicher an die energetischen Erfordernisse der Früh-laktation anzupassen.

...beim Schwein

Ein anderes Projekt befasst sich mit der genetischen und epigenetischen Steuerung der Vererbung und Ausprägung komplexer Merkmale beim Schwein (Leitung: Prof. Dr. Klaus Wimmers). Hierzu werden ebenfalls F₂-Tiere der beiden Kreuzungsfamilien Duroc

x Berliner Miniaturschwein (DUMI) und Duroc x Pietrain (DUPI) genutzt, um tierzüchterisch nutzbare genetische Marker für Fleischqualitätsmerkmale zu identifizieren.

Darüber hinaus wird untersucht, wie sich unterschiedliche Umweltbedingungen (z. B. Ernährung, Haltung) auf Fruchtbarkeit, Wachstum und Gesundheit bei verschiedener genetischer Disposition auswirken.

...bei der Forelle

Nicht nur weltweit, sondern auch in Europa und Deutschland wird immer mehr Fisch in Aquakultur produziert. Dabei führt die hohe Individuendichte in Aquakulturanlagen zu einem hohen Infektionsdruck. Durch Krankheitsausbrüche im Fischbestand nach viraler oder bakterieller Infektion während der künstlichen Aufzucht können die Bestände stark zurückgehen – bis hin zum Totalverlust. Die prophylaktische Behandlung der Fische durch den Einsatz antiviraler Mittel und Antibiotika soll Fischseuchen und damit einhergehende wirtschaftliche Schäden verhindern. Dies wiederum kann zu Belastungen der Umwelt und des Menschen durch rückstandsbelastete Nahrungsmittel führen. Eine Lösung dieses Problems liegt deshalb in der Zucht widerstandsfähiger Fische, die bei unverminderter Wachstumsleistung eine höhere Resistenz gegenüber dem Infektionsdruck unter Aquakulturbedingungen aufweisen.

Das Projekt „DIREFO – Different resistente Regenbogenforellen“, das unter der Leitung von Dr. Tom Goldammer im Verbund mit Partnern am Friedrich-Loeffler-Institut (Riems) und dem Institut für Fischerei der Landesforschungsanstalt für Landwirtschaft und Fischerei Mecklenburg-Vorpommern (Born) bearbeitet wird, analysiert die genetischen und immunologischen Grundlagen erhöhter Fitness bei unterschiedlichen Stämmen der Regenbogenforelle. Dazu wird der gegenüber äußeren Stressoren sehr

widerstandsfähige Stamm „Born“, der in einer über 30-jährigen Selektion herausgezüchtet wurde, mit dem weniger resistenten, aber ökonomisch sehr bedeutsamen Stamm „Steelhead“ vergleichend untersucht. Bereits die ersten Analysen zeigen große Unterschiede zwischen den beiden Stämmen, wobei sich der Stamm „Born“ durch eine deutlich höhere Überlebensrate bei Infektionen auszeichnet. Auch auf molekularer Ebene konnten inzwischen deutliche Unterschiede im Expressionsmuster immunregulatorischer Moleküle identifiziert werden (Abbildung 4). Fische mit den immunologischen Eigenschaften der „Born“-Forelle wären somit ideal für Aquakulturbedingungen geeignet. Das Ziel dieser Untersuchung besteht zunächst darin, die bislang noch nicht bekannten genetischen Unterschiede zwischen „Born“ und „Steelhead“ auf molekularer Ebene zu identifizieren. Vorteilhaftes Genvarianten könnten dann in einem weiteren Schritt zur züchterischen Verbesserung der Krankheitsresistenz von Zuchtforellen genutzt werden.

Eine bessere Kenntnis der funktionalen Biodiversität von Nutztieren ist eine wichtige Voraussetzung für ihren Erhalt und ihre züchterische Nutzung. Nur dadurch wird es in Zukunft möglich sein, die weltweit zunehmende Nachfrage nach hochwertigen Lebensmittel tierischer Herkunft effizienter, ressourcenschonender und umweltgerechter sowie unter tiergerechten Haltungsbedingungen zu befriedigen. ■



Leibniz-Institut für Nutztierbiologie (FBN),
 PD Dr. Jens Vanselow, Forschungsbereich
 Molekularbiologie, Dr. Martina Langhammer,
 Forschungsbereich Genetik und Biometrie, Wilhelm-
 Stahl-Allee 2, 18196 Dummerstorf.

E-Mail: vanselow@fbn-dummerstorf.de,
martina.langhammer@fbn-dummerstorf.de

Abb. 4: „Born“- und „Steelhead“-Forellen zeigen ganz unterschiedliche Überlebensraten nach *Aeromonas salmonicida* Infektion.

