

9 Zusammenfassung

Diese Arbeit soll zur Klärung der Frage beitragen, ob die drei Sattelschweinerassen in Deutschland: Angler Sattelschwein (AS), Deutsches Sattelschwein (DS) und Schwäbisch-Hällisches Schwein (SH), als getrennte Zuchtpopulationen weiterzuführen oder ob sie als eine Population zu betrachten sind.

Zunächst ist die Zuchtgeschichte der drei Rassen dargelegt, wobei die Verflechtung der Zuchtarbeit der drei Rassen und langjährig bestehende Übereinstimmungen bezüglich der Zuchtziele festgestellt werden. Auch das Leistungsvermögen der drei Sattelschweinerassen ist als ähnlich zu beschreiben: Ihre Stärken liegen im Bereich der Mutterleistungen und, infolge der Muskelfasermorphologie und eines hohen intramuskulären Fettgehaltes, in einer hohen Fleischqualität. Die Schlachtkörper sind durch geringen Magerfleischanteil und eine relativ höhere Rückenspeckdicke geprägt.

Zur populationsgenetischen Analyse wurde 1993 eine Bestandsaufnahme aller Zuchttiere in Deutschland durchgeführt und deren Abstammung weitestmöglich, bis zu 15 Ahnengenerationen, zurückverfolgt. Zu den 555 für die Auswertung erfaßten Zuchttieren zählten 42 Angler Sattelschweine, 151 Deutsche Sattelschweine und 230 Schwäbisch-Hällische Schweine aus der Herdbuchzucht sowie 132 Tiere in Reserve, für die die Aufnahme in ein Sattelschweinerdbuch wahrscheinlich war.

Als Ahnen wurden 2 300 Tiere erfaßt.

In der 6. Ahnengeneration waren 81,4 % der Ahnen bekannt.

Für die Angler Sattelschweine wurden mit 40,9 % Prestice, 25,1 % DS, 17,4 % AS, 6,3 % Pietrain und 5,7 % Landrasse ähnliche Genanteile wie für die Deutschen Sattelschweine geschätzt, deren Genanteile 39,6 % Prestice, 30,8 % DS, 13,6 % AS, 6,3 % Pietrain und 6,1 % Landrasse betragen.

Dagegen wiesen die Schwäbisch-Hällischen Schweine mit 66,3 % Anteilen aus dem Neuanfang der Zuchtarbeit im Jahr 1984, 8,7 % AS, 8,5 % Prestice, 6,4 % DS, 3,1 % Pietrain und 3 % Landrasse gänzlich andere Genanteile auf.

Die durchschnittlichen Verwandtschaftskoeffizienten, nach WRIGHT (1923) auf der Basis aller verfügbarer Abstammungsinformationen berechnet, betragen zwischen den 42 Angler Sattelschweinen 10,2 %, zwischen den 151 Deutschen Sattelschweinen 12,9 %, zwischen den 230 Schwäbisch-Hällischen 11,9 % und zwischen allen 555 Sattelschweinen 7,7 %.

Zwischen Angler Sattelschweinen und Deutschen Sattelschweinen bestand mit 10,2 % eine höhere Verwandtschaft als zwischen Deutschen Sattelschweinen und Schwäbisch-Hällischen Schweinen mit 2,7 % oder zwischen Angler Sattelschweinen und Schwäbisch-Hällischen Schweinen mit 2,2 %. Zwischen den Zuchtieren einzelner Herdbuchzuchtverbände war die Verwandtschaft meist höher als zu den Zuchtieren anderer Herdbuchzuchtverbände, auch wenn diese dieselbe Sattelschweinerasse betreuten.

Als bedeutendste Ahnen aus den ersten 6 Ahnengenerationen wurde für die Angler Sattelschweine der DS-Eber Solten mit 11,3 % direkter Verwandtschaft zu den Probanden ermittelt, zwei weitere Eber und eine Sau wiesen zwischen 8,3 % und 7,3 % direkte Verwandtschaft auf

Für die Deutschen Sattelschweine war die DS-Sau 6681-156/1 der bedeutendste Ahne, ihr direkter Verwandtschaftsgrad zu den DS-Probanden betrug 10,3 % und der einer weiteren Sau 8,4 %. Danach folgte der DS-Eber Solten mit 8,3 % direkter Verwandtschaft

Der SH-Eber Helm war mit 11,8 % direkter Verwandtschaft der einflußreichste Ahne für die Schwäbisch-Hällischen Probanden, gefolgt von einem Eber mit 11,3 % und einer Sau mit 10,1 % direkter Verwandtschaft zu dieser Probandengruppe

Die durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten wurden unter Beachtung von 6 Ahnengenerationen ermittelt und zur Berücksichtigung unterschiedlicher Pedigreevollständigkeiten mit dem Vollständigkeitsindex nach SCHMIDT (1992a) ergänzt. Sie betragen 2,9 % beim AS, 3,9 % beim DS, 7,8 % beim SH und 5,6 % für alle 555 Sattelschweinprobanden

Die Inzuchtrate ΔF wurde nach FALCONER (1989) aus der Inzucht der Probanden in Relation zur Inzucht ihrer Eltern geschätzt und aus dieser ΔF mit Hilfe der Formel $N_e = 1 / (2 \Delta F)$ die effektive Populationsgröße ermittelt. Für alle 555 Sattelschweine und ihre Eltern wurde eine ΔF von 1,4 % und entsprechend eine N_e von 35 geschätzt. Das war eine weit geringere N_e als sie aufgrund der Zahl der 114 Väter und 295 Mütter nach der Formel von WRIGHT (1931) erwartet worden war, nämlich eine N_e von 329

Ein möglicher Grund für diese unterschiedlichen Ergebnisse sind mehr als zufällig variierenden Familiengrößen. Für die Sattelschweine ließ sich zeigen, daß die Varianz der Familiengröße der männlichen Vorfahren höher ist als ihr Mittelwert. Diese Familiengrößen folgen demnach nicht einer Poisson-Verteilung

Aufgrund des Verhältnisses von Verwandtschaft zu Inzucht wurde nach MCPHEE und WRIGHT (1925) für die gesamte Sattelschweinpopulation auf die Existenz von Subpopulationen geschlossen. Auch dieser Umstand kommen als Ursache für die gegenüber ihrem Erwartungswert geringe effektive Populationsgröße in Frage.

Demgegenüber war für die einzelnen drei Rassen aus dem Verhältnis von Verwandtschaft zu Inzucht zu schließen, daß sie keine geschlossen züchtenden Populationen darstellen.

Mit Blick auf die Minimierung von Inzucht und genetischer Drift wäre es günstig, alle Sattelschweine in Deutschland als eine Population anzusehen, deren Zuchttiere sich möglichst zufällig paaren und die gerade die geringere Verwandtschaft zwischen den Angler und Deutschen Sattelschweinen einerseits und den Schwäbisch-Hällischen Schweinen andererseits, bzw. zwischen den Tieren einzelner Zuchtverbände, zur Inzuchtsenkung ausnutzt. Für Letzteres wäre eine deutschlandweite Sattelschwein-Abstammungsdatei nötig.

Alternativ wären die Bestandszahlen deutlich zu erhöhen, um N_e auf eine langfristig tragfähige Größenordnung zu bringen.

10 Summary

Mathes, M :

Saddleback pig breeds in Germany - gene contributions, relationship and inbreeding

Saddleback pig breeds in Germany are: Angeln Saddleback (AS), German Saddleback (GS) and Swabian Hall (SH). In the history of these breeds there were many reciprocal influences. Objective of this study is to answer the question whether the three breeds should be handled as three separate breeding populations or as one.

First the breeding histories are described, with special reference to the interchanging of breeding animals and the reported breeding goals which have been very similar in all three breeds. The comparison of breeding and fattening performances for all three breeds show the picture of typical Saddleback quality: high reproduction performance and good meat quality including high intramuscular fat content and a special kind of muscle fibre structure while the carcasses show low lean contents and some more backfat than others.

To analyze the population structure pedigree data was obtained for 555 breeding animals living 1993. They were 42 Angeln Saddleback pigs, 151 German Saddleback pigs and 230 Swabian Hall pigs as well as 132 animals expected to enter a Saddleback herdbook. For these 555 animals 2300 ancestors were discovered, sometimes going back to the 15th generation of ancestors. In the 6th generation of ancestors, 81.4% of ancestors were known.

Gene contributions to Angeln Saddleback were estimated to come from Prestice (40.9%), GS (25.1%), AS itself (17.4%), Pietrain (6.3%) and Landrace (5.7%).

Very similar gene contributions were estimated for the German Saddleback pigs: Prestice (39.6%), GS itself (30.8%), AS (13.6%), Pietrain (6.3%) and Landrace (6.1%).

Gene contributions to Swabian Hall pigs were different: 66.3% of the contributions were made by animals of the new start breeding group founded in 1984, lower ones came from AS (8.7%), Prestice (8.5%), GS (6.4%), Pietrain (3.1%) and Landrace (3.0%).

The coefficients of relationship (R) are based on all pedigree information available and are calculated using WRIGHT's (1923) formula. The values are within the AS group 10.2%, within the GS group 12.9% and within the SH group 11.9%. Within the total group of 555 Saddleback pigs there was a relationship of 7.7%. Calculating the mean of all possible relationships between two groups, R was found to be highest between AS and GS (10.2%) and much lower between GS and SH (2.7%) or between AS and SH (2.2%).

Within animals of one breeding association R was nearly always higher than between animals of two breeding associations, even if they were breeding the same Saddleback pig breed.

Out of 6-generation-pedigrees the most prominent ancestor of the AS sample was "Solten", a boar of the GS-breed, whose direct relationship to the total sample was calculated to be 11.3%, followed by two boars and one sow with direct relationship values between 8.3% and

7.3 %

For the GS pigs, a German Saddleback sow numbered 6681-156/1 was detected to be the most prominent ancestor (10.3 % direct relationship to GS sample pigs). Next were another sow (8.4 %) and Solten, the prominent ancestor of AS pigs (8.3 %).

For Swabian Hall pigs, an SH boar named "Helm" was most important. He had 11.8 % direct relationship to SH sample pigs, for another boar and a sow following him direct relationship was 11.3 % and 10.1 %, respectively.

The mean of the coefficients of inbreeding, based on 6-generation-pedigrees, corrected by using a completeness index (SCHMIDT 1992a) was 2.9 % in Angeln Saddleback pigs, 3.9 % in German Saddleback pigs, 7.8 % in Swabian Hall pigs and 5.6 % in the total sample.

The increment of inbreeding per generation, ΔF , was calculated according to FALCONER's (1989) formula using the average inbreeding coefficient of the 555 animals based on all pedigree information available in relation to the average inbreeding coefficient of their parents. The effective population size N_e was calculated with the formula $N_e = 1 / (2\Delta F)$. For the total group of 555 Saddlebacks ΔF was estimated to be 1.4 %, according to $N_e = 35$. Alternatively using WRIGHT's (1931) formula based on the numbers of 114 fathers and 295 mothers N_e was predicted to be 329.

So a much smaller effective population size was obtained when the calculation was based on the difference of the average inbreeding coefficient between the parent and the progeny generation.

One possible reason for this difference between the two calculated effective population sizes could be family sizes which vary more than random. Family sizes of males could be shown to have a variance higher than the mean and so they are non-Poisson distributed.

The coefficient of inbreeding calculated on the basis of all pedigree information was compared to the coefficient of inbreeding expected in a random mating population using the formula of MCPHEE and WRIGHT (1925) based on the coefficient of relationship. Since the first was higher, conclusion was drawn that subpopulations exist in the total sample. In contrary for the three individual breeds the coefficient of inbreeding was lower than expected in a random mating and it could be shown that they were no closed breeding populations.

With the aim of minimization of inbreeding and genetic drift, it would be favourable to breed all Saddleback pigs in Germany as one population striving for ideal random mating. Thus the lower relationship between Angeln or German Saddlebacks and the Swabian Hall pigs could be used to lower inbreeding. Pedigree data for all Saddleback pigs in Germany in one data file would additionally allow for computerized breeding selection making use of the low relationship between individual breeding animals.

Alternatively a higher absolute number of breeding animals could bring the effective population size to a sustainable level.