

Original Article

## Schätzung der genetischen Diversität der Schwarzwälder Kaltblutpopulation anhand von Pedigreedaten

MAARIT MÜLLER-UNTERBERG<sup>1</sup>, SANDRA WALLMANN<sup>1</sup> und O. DISTL<sup>1</sup>

### Zusammenfassung

In dieser Arbeit soll die genetische Variabilität der Schwarzwälder Kaltblutpopulation analysiert werden. Dafür lagen die Pedigreedaten von insgesamt 7.058 Pferden vor. Die Referenzpopulation mit 3.309 Tieren beinhaltete alle zwischen 2000 und 2010 geborenen Pferde. Außerdem wurden alle Zuchthengste und Zuchtstuten, die in dieser Zeit geboren wurden, als Teilreferenzpopulationen untersucht. Der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient für die Referenzpopulation mit 3.309 Pferden lag bei 9,12%, für die Zuchthengste mit 29 Tieren bei 8,14% und für die Zuchtstuten mit 400 Tieren bei 8,95%. Die Inzuchtrate betrug 2,18%. Die effektive Anzahl an Gründern erreichte 29 Tiere, bei den Hengsten 30 und bei den Stuten 28. Die effektive Populationsgröße der Referenzpopulation des Schwarzwälder Kaltbluts betrug 33,6. Das Verhältnis zwischen der Anzahl effektiver Gründer und effektiver Ahnen betrug 2,9 für die Referenzpopulation, 3,0 für die Zuchthengste und 2,8 für die Zuchtstuten. Die Genanteile waren zu 60% auf das Schwarzwälder Kaltblut zurückzuführen. Danach folgten die Noriker mit einem Anteil von 4%. Die Hengste Militär und Retter wiesen mit 22,3 und 13,5% die höchsten Genanteile in der Referenzpopulation auf.

**Schlüsselwörter:** Pferd, Diversität, Inzuchtkoeffizient, Inzuchtrate, effektive Populationsgröße

### Summary

#### Estimation of the genetic diversity of the Black Forest coldblood horse population using pedigree data

The present study should show the genetic diversity of the Black coldblood horse. For the present analysis, a data set comprising a total of 7058 horses registered in the studbook of the Black Forest horse was available. The reference population contained 3309 horses born from 2000–2010. In addition, the mares and stallions with registered foals in this time frame (400 mares, 29 stallions) were separately analysed. The mean coefficient of inbreeding was 9.12% for the reference population. Stallions and mares of the reference population had lower coefficients of inbreeding with values of 8.14 and 8.95%. The mean rate of inbreeding for the reference population was 2.18. The effective number of founders was 33.6. The ratio between the number of effective founders and the number of effective ancestors amounted to 2.9 for the reference population, 3.0 for the stallions

---

<sup>1</sup> Institut für Tierzucht und Vererbungsforschung, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Bünteweg 17p, 30559 Hannover, E-Mail: Ottmar.Distl@tiho-hannover.de

and 2.8 for the mares. The proportion of Black Forest horse genes was 60% and the gene contributions of Norikers to the Black Forest reference population was 4%. The greatest gene contributions by single individuals were caused by the stallions Militär and Retter with 22.3 and 13.5%.

**Keywords:** Horse diversity, inbreeding coefficient, inbreeding rate, effective population size

## 1 Einleitung

Das Schwarzwälder Kaltblut wird auch St. Märgener oder Schwarzwälder Fuchs genannt. Es handelt sich um eine regionale Kaltblutpferderasse, die vorwiegend im Schwarzwald und der näheren Umgebung gezüchtet wird. Das Zuchtbuch der Schwarzwälder Füchse wurde im Jahre 1896 gegründet (ABERLE et al., 2003a; SAMBRAUS, 2010). In diesen Jahren wurden neben Nachkommen der Wälderstuten Ardenner, Belgier, Unterbadische und Rheinisch-Deutsche Kaltbluthengste zur Blutauffrischung eingeführt (FREY, 1984).

Ab den 1950er-Jahren ging der Bestand aufgrund der steigenden Motorisierung der Landwirtschaft stark zurück. 1977 waren nur noch 159 eingetragene Stuten registriert. Erst 2002 standen wieder 625 Schwarzwälder Zuchtstuten im Zuchtbuch des Pferdezuchtverbandes Baden-Württemberg. Bis 2009 stieg die Anzahl weiter auf 716 eingetragene Stuten und 34 Hengste. Nach dem starken Rückgang des Populationsumfanges blieben nur zwei von acht Linien bestehen, die D- und die M-Linie, welche auf die Hengste Deutschritter bzw. Milan zurückgehen (WEBER, 2001). Milan war ein Norikerhengst (Pinzgauer), während Deutschritter ein belgischer Hengst war (SAMBRAUS, 2010).

In den 1970er-Jahren wurde mit den Norikerhengsten Reith-Nero und Wirts-Diamant die R- bzw. W-Linie eingeführt. Einige Jahre später wurde über den Freibergerhengst Hauenstein die Stutenseite mit Fremdblut aufgefrischt. 1980 folgte der Freibergerhengst Dayan, der die F-Linie begründete. Die jüngsten Linien entstanden über die Nachkommen des Schleswigerhengstes Varus (V-Linie) und des Norikers Riff-Vulkan (K-Linie) (ABERLE et al., 2003a).

Das Ziel dieser Studie ist es, den aktuellen Grad der Inzucht, die Genanteile eingekreuzter Rassen an der Population des Schwarzwälder Kaltbluts aufzuzeigen und den genetischen Anteil wichtiger Ahnen und Gründertiere an der momentanen Populationsstruktur zu bestimmen, um so Aussagen über die genetische Diversität der Rasse zu erhalten. ABERLE et al. (2003a) ermittelten ebenfalls Inzucht, Verwandtschaft und Fremdblutanteile des Schwarzwälder Kaltblutes. Im Unterschied dazu waren jedoch die Pedigrees weitaus weniger vollständig als in der hier vorliegenden Arbeit und die effektive Anzahl der Ahnen, Gründer und Gründergenome sowie die marginalen Genanteile von Einzeltieren wurden nicht berechnet. Zudem ermöglicht die aktuelle Analyse die Entwicklung einer in ihrem Bestand gefährdeten Pferderasse mit früheren Daten zu vergleichen.

## 2 Material und Methoden

### 2.1 Material

Grundlage dieser Untersuchung waren die Abstammungsdaten aller in das Zuchtbuch „Schwarzwälder Kaltblut“ eingetragenen Tiere der Geburtsjahre 1836 bis 2010. Diese Daten wurden von dem Pferdezuchtverband Baden-Württemberg über das Vit/Verden (Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung e.V.) in Verden/Aller bereitgestellt. Insgesamt standen die Daten von 7.058 Tieren zur Verfügung, davon waren 2.900 Hengste

und 4.158 Stuten. Um Aussagen über die Entwicklung der genetischen Diversität treffen zu können, wurde eine Referenzpopulation definiert, die alle von 2000 bis 2010 geborenen Tiere umfasste. Die Referenzpopulation enthielt insgesamt 3.309 Tiere, davon waren 1.679 weiblich und 1.630 männlich. Außerdem wurden die 29 Zuchthengste und die 400 Zuchtstuten der Geburtsjahre 2000 bis 2010 separat ausgewertet.

## 2.2 Methoden

Zuerst wurde die Vollständigkeit des Pedigrees ermittelt. Hierfür wurden für jedes Pferd die durchschnittliche Zahl der bekannten Vorfahren und der Anteil der bekannten Vorfahren pro Generation berechnet. Die Pedigreevollständigkeit wird als Anzahl der äquivalenten vollständigen Generationen angegeben. Diese sind definiert als die Summe aller Anteile bekannter Vorfahren pro Generation über alle Generationen (MACCLUER et al., 1983).

Die Inzuchtkoeffizienten wurden nach der Methode von WRIGHT (1931) geschätzt. Der Inzuchtkoeffizient beschreibt die Wahrscheinlichkeit, dass zwei Allele an einem beliebigen Genort eines Individuums abstammungsidentisch sind. Für die Berechnung wurden elf Generationen berücksichtigt.

Die Inzuchtrate wurde für zurückliegende Generationen sowie entsprechend der künftigen Erwartung wie folgt geschätzt:

$$\Delta F_1 = \frac{F_t}{n-1}$$

$F_t$  ist der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient der aktuellen Population,  $n$  gibt die Anzahl der berücksichtigten Ahnengenerationen wieder.

Die effektive Populationsgröße  $N_e$  ist definiert als die Anzahl von Individuen einer idealen Population, in der dieselbe Varianz bzw. derselbe Inzuchtzuwachs zu beobachten wäre wie in der betrachteten Population (FALCONER und MACKAY, 1996). Sie stellt ein Maß für den Grad an genetischer Drift und Inzucht in einer Population dar. In züchterischer Hinsicht ist die Entwicklung der effektiven Populationsgröße relevant, da sie Aufschluss über die durch Drift und Selektion verursachte Reduktion genetischer Varianz gibt.

Die effektive Populationsgröße wird über die Steigerung der durchschnittlichen Inzuchtrate  $\Delta F$  von einer Generation zur nächsten geschätzt:  $N_e = 1/(2\Delta F)$ . Diese Methode ist relativ stark abhängig vom Umfang der verfügbaren Stammbauminformation.

Die effektive Anzahl der Gründer  $f_e$  gibt an, ob die genetischen Anteile der Gründertiere über die Generationen gleichmäßig weitergegeben wurden. Die effektive Anzahl der Gründer ergibt sich aus folgender Gleichung:

$$f_e = \left[ \sum_{i=1}^{N_f} q_i^2 \right]^{-1}$$

Mit  $q_i^2$  wird der Anteil der Gene beschrieben, der von dem Vorfahren  $i$  zur aktuellen Population weitergegeben wurde (LACY, 1989).

Die Anzahl der Gründer allein reicht jedoch nicht aus, um die genetische Vielfalt einer Population zu erklären. Da einige Gründertiere intensiver genutzt wurden als andere, ist der genetische Anteil der einzelnen Gründer unterschiedlich. Wenn angenommen wird, dass jeder Gründer den gleichen Anteil hat, entspricht die effektive Anzahl von Gründern der tatsächlichen Anzahl. In allen anderen Fällen ist die effektive Anzahl von Gründern kleiner als die tatsächliche Anzahl der Gründer. Je ausgeglichener die Beiträge der Gründer zur aktuellen Population sind, desto höher ist die effektive Anzahl der Gründer.

Die Berechnung der effektiven Anzahl von Gründergenomen  $f_g$  reagiert bezüglich lückenhafter Pedigrees weniger empfindlich (SÖLKNER et al., 1998). Der Parameter  $f_g$  ist die (hypothetische) Anzahl von Gründertieren, welche die gleiche genetische Variabilität erzeugen, wie sie in der untersuchten Population vorliegt, unter der Annahme, dass alle Gründertiere gleichen Anteil an der aktuellen Population hätten. Sie spiegelt die Wahrscheinlichkeit wider, dass ein bestimmtes Gründerallel in der untersuchten Population noch vorhanden ist.

Wären alle Gründerallele genau gleich häufig in der aktuellen Population vertreten, so entspräche die Anzahl der Gründergenome  $f_g$  genau der tatsächlichen Anzahl der Gründertiere. Je ungleicher die Beiträge der einzelnen Gründertiere sind, umso kleiner ist  $f_g$  im Vergleich zur tatsächlichen Anzahl an Gründertieren (LACY, 1995).

$$f_g = \left[ \sum_{i=1}^{N_f} \frac{q_i^2}{r_i} \right]^{-1}$$

Auch mit der Schätzung der effektiven Anzahl von Ahnen  $f_a$  werden Aussagen über die genetische Vielfalt gemacht. Der Parameter  $f_a$  ist definiert als die minimale Anzahl der Ahnen, welche die gesamte genetische Diversität der aktuellen Population erklärt (BOICHARD et al., 1997). Sie spiegelt das Vorhandensein von „Flaschenhälsen“ in der Zuchtgeschichte wider, welche die Hauptursache von Genverlusten in Populationen sind. Basierend auf dem marginalen Genanteil  $p_i$  der 1000 wichtigsten Ahnen kann  $f_a$  berechnet werden (BOICHARD et al., 1997):

$$f_a = \left[ \sum_{i=1}^{1000} p_i^2 \right]^{-1}$$

Außerdem wurde die Anzahl der Tiere geschätzt, die 50%, 75%, 80% bzw. 90% der genetischen Variabilität in der Population erklären.

Die effektive Anzahl der Gründer, die effektive Anzahl der Gründergenome und die effektive Anzahl der Vorfahren wurden für die Referenzpopulation, Zuchthengste und Zuchtstuten geschätzt.

Für jeden Probanden der Referenzpopulation wurde anhand der Rassezugehörigkeit der Vorfahren der Genanteil fremder Populationen bestimmt. Daraus konnten die durchschnittlichen Genanteile der gesamten Population ermittelt werden.

Das Generationsintervall ist definiert als das Durchschnittsalter von Vater bzw. Mutter bei der Geburt des ausgewählten Nachkommen. Das Generationsintervall wurde getrennt für die Pfade Vater zu Sohn, Vater zu Tochter, Mutter zu Sohn und Mutter zu Tochter bestimmt.

Die Analyse der Pedigreedaten erfolgte mit der Software OPTI-MATE 3.88 (WREDE und SCHMIDT, 2003), PEDIG (BOICHARD, 2002) und ENDOG v4.8 (GUTIERREZ und GOYACHE, 2005).

### 3 Ergebnisse

Die Gesamtanzahl aller zwischen 2000 und 2010 geborenen Tiere umfasste 3.309 (1.630 Hengste, 1.679 Stuten). Die Referenzpopulation der Zuchttiere belief sich auf insgesamt 429 Tiere, davon 29 Hengste und 400 Stuten (Tab. 1).

Die Qualität der Pedigreeinformationen nimmt ausgehend von den ersten registrierten Tieren bis heute kontinuierlich zu. Im Jahr 1855 lag die Anzahl der vollständigen Gene-

Tab. 1. Anzahl Pferde in der Referenzpopulation sowie Anzahl der Zuchthengste und Zuchtstuten, Generationsäquivalent, Anzahl und Geburtsjahr der Gründertiere  
*Number of horses of the reference population as well as number of stallions and mares, number of equivalent generations, number and date of birth of founder animals*

	Referenzpopulation		
	Gesamt	Zuchthengste	Zuchtstuten
Anzahl Tiere	3309	29	400
Vollständiges Generationsäquivalent	7,2	6,6	6,9
Anzahl Gründertiere	591	191	351
Durchschnittliches Geburtsjahr der Gründer	1975	1960	1966
Geburtsjahre der Gründer	1836–2005	1900–2000	1836–2003

rationsäquivalente nur bei 1,5. In den Jahren 2000 bis 2010 wurden – mit Ausnahme des Jahres 2000 mit 4,6 – mehr als sechs äquivalente vollständige Generationen erreicht. Das durchschnittliche Generationsäquivalent (GE) der Referenzpopulation betrug 7,2. Bei den Hengsten der Referenzpopulation lag das GE bei 6,6 und bei den Stuten bei 6,9.

In der zweiten Generation waren noch 83,8% der Ahnen bekannt und knapp 75% bis zur 5. Generation. Diese Anzahl reduzierte sich in der 8. Generation auf knapp 25%. In der 18. Generation waren nur noch 10% der Ahnen dokumentiert. Ein Pedigree mit der größten Tiefe war 20 Generationen zurückverfolgbar.

Die Anzahl der Gründer in der Referenzpopulation belief sich auf 591 Tiere. Die Zuchthengste der Referenzpopulation gingen auf 191 Gründer zurück, die Zuchtstuten auf 351.

In Tabelle 2 wird ein Überblick über die Kennzahlen der genetischen Variabilität gegeben. Der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient der Referenzpopulation beträgt 9,1%. Der Wert der Zuchthengste und -stuten der Referenzpopulation liegt mit 8,1 bzw. 8,9% unter dem der Referenzpopulation.

Der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient der Referenzpopulation nach Geburtsjahrgängen ist im Jahr 2000 mit 7,8% am niedrigsten und steigt dann bis zum Jahr 2005 beständig an, 2009 erreicht er den Höchstwert mit 9,8% und 2010 fällt er auf 9,4% (Abb. 1). Der Anteil ingezüchteter Individuen in der untersuchten Population beträgt 75%, wobei 50% der ingezüchteten Tiere einen Inzuchtkoeffizienten zwischen 5 und 10% aufweisen. Der höchste Inzuchtkoeffizient beträgt 37,5%. Für die Inzuchtrate wurde ein Wert von 2,5% ermittelt. Die effektive Populationsgröße beläuft sich auf 33,63 Tiere.

Die effektive Anzahl der Gründer betrug 29 in der Referenzpopulation (Tab. 2). Bei den Hengsten lag die effektive Gründeranzahl bei 30, die Stuten gingen auf 28 effektive Gründer zurück. Die effektive Anzahl der Ahnen erreichte 10 Tiere in der Referenzpopulation sowie bei den Hengsten und Stuten. Die effektive Anzahl der Gründergenome lag mit 7,3 in der Referenzpopulation höher als in der Population der Zuchtstuten (4,8). Bei den Zuchthengsten war mit 24,3 die Anzahl effektiver Gründergenome deutlich höher als bei den Stuten. Die Anzahl der Ahnen, die 50% des Genpools ausmachten, betrug bei den Zuchthengsten sowie den Zuchtstuten vier Tiere, 90% des Genpools wurden für die Hengste durch 18 Ahnen und für die Stuten durch 22 Ahnen erklärt. Für die Referenzpopulation konnten vier Ahnen 50% der Variabilität des Genpools und 24 Ahnen 90% der Variabilität des Genpools erklären. Bezogen auf die Anzahl der Gründertiere, machten 12 Tiere 50% des Genpools der Hengste, aber nur 11 Tiere 50% des Genpools der Stuten aus. Für 90% des Genpools betrug der Wert 50 Gründer bei den Hengsten und 52

Tab. 2. Ergebnisse der Pedigreeanalyse für die Referenzpopulation, Zuchthengste und Zuchtstuten  
*Results of the pedigree analysis for the reference population, stallions and breeding mares*

	Referenzpopulation		
	Gesamt	Zuchthengste	Zuchtstuten
Anzahl Tiere	3309	29	400
Durchschnittlicher Inzuchtkoeffizient (%)	9,12	8,14	8,95
Inzuchtrate der letzten Generation (%)	2,5	–	–
Effektive Populationsgröße	33,63	–	–
Anzahl effektiver Gründer	29	30	28
Anzahl effektiver Ahnen	10	10	10
Anzahl effektiver Gründergenome	4,8	24,3	7,3
Anzahl Ahnen für 50% des Genpools	4	4	4
Anzahl Ahnen für 75% des Genpools	9	10	9
Anzahl Ahnen für 80% des Genpools	12	12	11
Anzahl Ahnen für 90% des Genpools	24	18	22
Anzahl Gründer für 50% des Genpools	11	12	11
Anzahl Gründer für 75% des Genpools	26	25	26
Anzahl Gründer für 80% des Genpools	32	30	32
Anzahl Gründer für 90% des Genpools	54	50	52
Anzahl effektiver Gründer/ Gesamtzahl Gründer	0,05	0,16	0,08
Anzahl effektiver Gründer/ Anzahl effektiver Ahnen	2,9	3,0	2,8
Anzahl effektiver Gründergenome/ Anzahl effektiver Gründer	0,16	0,81	0,26

bei den Stuten. In der Referenzpopulation konnten 11 bzw. 54 Gründer ermittelt werden, die 50% bzw. 90% des Genpools ausmachten. Das Verhältnis zwischen effektiver und Gesamtanzahl der Gründer beträgt 0,05 für die Referenzpopulation (Tab. 2). In der Referenzpopulation ergab sich für die Stuten ein Wert von 0,08. Für die Hengste wurde mit 0,16 der höchste Wert ermittelt. Auch das Verhältnis effektiver Ahnen zu effektiver Anzahl Gründer wich von dem Idealwert Eins ab. Für die Referenzpopulation lag der Quotient bei 2,9, für die Zuchtstuten bei 2,8 und bei 3,0 für die Zuchthengste. Anschließend wurde das Verhältnis zwischen effektiver Anzahl Gründergenome und effektiver Anzahl Gründer berechnet. Der Quotient ergab einen Wert von 0,16 für die Referenzpopulation, 0,81 für die Zuchthengste und 0,26 für die Zuchtstuten.

Das Generationsintervall betrug auf allen Pfaden konstant zwischen neun und zehn Jahren. Die Hengste sind bei der Geburt ihrer Nachkommen durchschnittlich nur geringfügig jünger (9,5 Jahre auf dem Pfad Vatertier-Sohn und auf dem Pfad Vatertier-Tochter 9,6 Jahre) als die Stuten, welche bei Geburt eines Sohnes durchschnittlich 9,6 Jahre und bei Geburt einer Tochter 9,8 Jahre alt sind.

In den Geburtsjahrgängen 2000 bis 2010 waren zahlenmäßig am stärksten die R-Linie und die beiden traditionellen Linien M und D vertreten. Als wichtigster Vererber stellte

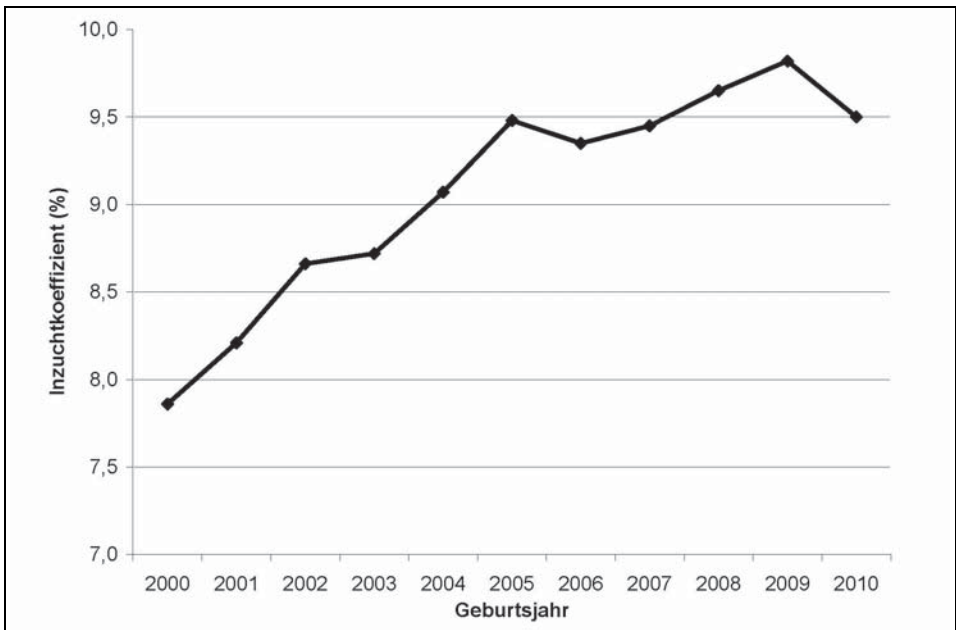


Abb. 1. Entwicklung des mittleren Inzuchtkoeffizienten (%) in der Referenzpopulation nach Geburtsjahr  
*Development of the mean inbreeding coefficient (%) in the reference population by birth year*

sich der Hengst Militär heraus. In dem Zeitraum von 2000 bis 2010 erreichten die Genanteile dieses Hengstes insgesamt 22,3% (Tab. 3). Den maximalen Genanteil wies dieser Hengst im Jahr 2005 mit rund 24% auf (Abb. 2). Militär wurde 1958 als ein Enkelsohn von dem Norikerhengst Milan, dem Begründer der M-Linie geboren, seine Genanteile sind also zu 25% auf diesen Norikerhengst zurückzuführen. Von Militär stammen 33 direkte Nachkommen ab. Zwischen 2000 und 2010 war die M-Linie mit 347 Stuten die am stärksten vertretene Linie.

Mit durchschnittlich 13,5% Genanteilen folgt Retter als zweitwichtigster Vererber. Er wurde zwischen 2000 und 2010 zwei Jahre lang im Natursprung eingesetzt, im Jahr 2000 30-mal auf der Station in Vaihingen und 2001 acht mal auf der Station Urspring. Er hat in dieser Zeit 19 Nachkommen gezeugt. Als Stutenvater kommt er zwischen 2000 und 2010 103-mal vor. Mit 9,7% marginalen Genanteilen stellt Moritz den dritt wichtigsten Vererber dar. Im Jahre 2009 sind dessen Genanteile mit 11,6% am höchsten. Die D-Linie ist am stärksten durch die Hengste Dirk (6,8%) und Diktator (3,9%) vertreten. Die Gene der W-Linie sind über den Hengst Wirt mit 4,0% beteiligt. Feldsee weist 2005 und 2010 markante Genanteile von 7% und 6,4% auf, die anderen Jahre bewegen sich im Bereich von 1% bis 3%. Die R-Linie wurde von dem Norikerhengst Reith-Nero gegründet und ist zwischen 2000 und 2010 mit 228 Stuten vertreten. Reith-Nero erreicht einen Genanteil von 2,2% in der Referenzpopulation. Die marginalen Genanteile der neun bedeutendsten Hengste des Schwarzwälder Kaltbluts liegen bei 66,8%. Die Blutanteile nach Rasse für die sieben wichtigsten Kaltbluthengste zeigt Tabelle 4. Bei diesen neun Hengsten fallen der große Einfluss der Noriker und bei drei Hengsten die höheren Blutanteile des Süddeutschen Kaltbluts und des Freibergers auf.

Tab. 3. Gesamte und marginale Genanteile (%) der neun wichtigsten Zuchthengste  
*Total and marginal gene contributions (%) of the nine most important sires*

	Ahne	Linie	Geburtsjahr	Rasse	Gesamt	Marginal
1	Militär	M	1958	SK	22,3	22,3
2	Retter	R	1977	SK	18,0	13,5
3	Moritz	M	1983	SK	11,9	9,7
4	Dirk	D	1978	SK	7,9	6,8
5	Wirt	W	1973	SK	5,4	4,0
6	Diktator	D	1969	SK	9,2	3,9
7	Feldsee	F	1994	SK	5,3	3,3
8	Mittler	M	unbekannt	SK	17,4	2,4
9	Reith-Nero	R	1952	Noriker	10,5	2,2
Insgesamt						66,8

SK = Schwarzwälder Kaltblut

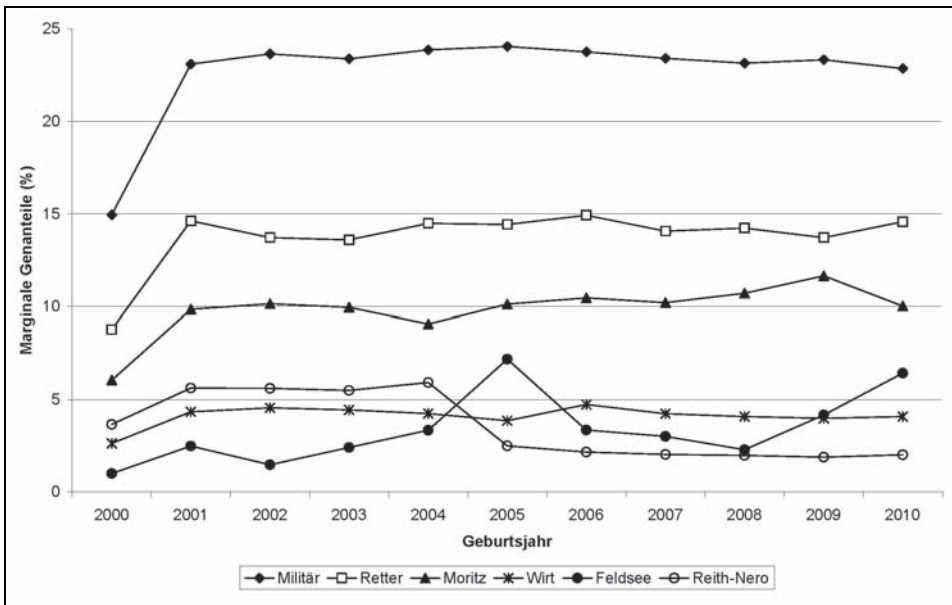


Abb. 2. Marginale Genanteile der sechs wichtigsten Schwarzwälder Kaltblut Hengste für die Referenzpopulation in den Geburtsjahrgängen 2000 bis 2010  
*Marginal gene contributions of the six most important Black Forest stallions for the reference population of the birth years 2000–2010*



Tab. 4. Genanteile (%) des Schwarzwälder Kaltbluts und anderer Kaltblutrassen für die sieben wichtigsten Zuchthengste  
*Proportions of genes (%) of the Black Forest and other coldblood breeds for the seven most important sires*

Hengst	SK	NOR	RD	BK	SD	FB	WF	unbekannt
Militär	65,6	25,0	6,2	2,3	–	–	–	0,7
Retter	56,6	9,3	3,8	1,4	–	–	–	28,5
Moritz	73,6	9,3	1,9	0,6	1,5	–	1,5	11,1
Dirk	55,6	3,1	3,5	1,2	12,4	–	–	23,8
Wirt	30,4	56,2	4,6	1,7	–	–	–	6,8
Diktator	70,3	6,2	3,1	1,1	6,2	–	–	12,8
Feldsee	44,1	12,0	2,0	0,7	1,9	9,5	1,5	27,6

SK: Schwarzwälder Kaltblut, NOR: Noriker, RD: Rheinisch-Deutsches Kaltblut, BK: Belgisches Kaltblut, SD: Süddeutsches Kaltblut, FB: Freiburger, WF: Westfälisches Kaltblut

Die Schwarzwälder Kaltblut Stute Lotte, geboren im Jahre 1965, weist mit 5,3% den höchsten marginalen Genanteil auf Seiten der Stuten auf (Tab. 5). Es folgen Uniane, geboren 1958, mit 1,5% und Faba, geboren 1963, mit 1,1% marginalem Genanteil. Die marginalen Genanteile der neun bedeutsamsten Stuten erreichen 11,2%. Im Vergleich zu den Hengsten sind diese Werte deutlich niedriger.

Die Genanteile der unterschiedlichen Rassen an der Gesamtpopulation sind in Abbildung 3 dargestellt. In der Referenzpopulation sind durchschnittlich 60% der Genanteile auf das Schwarzwälder Kaltblut zurückzuführen. Die Genanteile der Noriker liegen mit leichten Schwankungen durchgehend um 4%. Das Süddeutsche Kaltblut und das Rheinisch-Deutsche Kaltblut sind mit Genanteilen von jeweils 3% vertreten. Die Haflinger machten weniger als 1% der Genanteile aus.

#### 4 Diskussion

Die vorliegende Arbeit konnte zeigen, dass der mittlere Inzuchtkoeffizient für das Schwarzwälder Kaltblut bei 9% liegt und ein weiterer Anstieg des Inzuchtkoeffizienten zwischen 2004 und 2010 verhindert werden konnte. In diesen Jahrgängen war der Inzuchtkoeffizient zwischen 9,4 und 9,8%. Bei den Zuchthengsten wird die genetische Variabilität der Gründergenome weitgehend voll genutzt, während bei den Zuchtstuten und der Gesamtpopulation die effektiven Gründergenome deutlich ungleicher repräsentiert sind. Eine Verbesserung der Populationsstruktur kann deshalb über die Zuchtstuten erreicht werden. Es müsste also der Zuchteinsatz von den Stuten, die in der Referenzpopulation seltene Gründergenome vertreten, gefördert werden, um eine breiter gestreute genetische Diversität in der Stutenpopulation zu erreichen.

Die Inzuchtkoeffizienten für Lipizzaner (ZECHNER et al., 2002) lagen in einem ähnlichen Bereich wie die für das Schwarzwälder Kaltblut. Die Andalusier (VALERA et al., 2005), italienischen Haflinger (GANDINI et al., 1992), die spanischen Araber (CERVANTES et al., 2008), die spanischen Anglo-Araber, Hispano-Araber und Spanischen Sportpferde (CERVANTES et al., 2009) wiesen geringere Inzuchtkoeffizienten als die hier untersuchte

Tab. 5. Gesamte und marginale Genanteile (%) der neun wichtigsten Zuchtstuten  
*Total and marginal gene contributions (%) of the nine most important mares*

	Name	Geburtsjahr	Rasse	Gesamt	Marginal
1	Lotte	1965	SK	6,83	5,34
2	Uniane	1958	SK	5,21	1,49
3	Faba	1963	SK	2,28	1,14
4	Najade	1967	SK	4,84	0,64
5	Forle	1958	SK	0,60	0,60
6	Edith	1964	SK	2,04	0,55
7	Oreira	1943	SK	2,74	0,53
8	Edith	1947	SK	1,06	0,49
9	Goldine	1946	SK	0,39	0,39
Insgesamt					11,2

SK = Schwarzwälder Kaltblut

Population auf. Bei den englischen Vollblütern (CUNNINGHAM et al., 2001) und Friesen (SEVINGA et al., 2004) waren die Inzuchtkoeffizienten mit 13 und 15% dagegen deutlich höher (Tab. 6).

Ein sehr niedriger Inzuchtkoeffizient von 1,5% wurde für die Hannoveraner festgestellt (HAMANN und DISTL, 2008). Dies beruht auf der hohen Populationsgröße, der großen Anzahl Gründertiere aus unterschiedlichen Rassen und der Einführung neuer Hengstlinien (HAMANN und DISTL, 2008).

Für Kaltblutrassen wurden in der Literatur Inzuchtkoeffizienten zwischen 1,7 und 6,2% angegeben (Tab. 6). Inzuchtkoeffizienten für das Schwarzwälder Kaltblut wurden auch von BIEDERMANN und SCHRÖTER (2003) sowie von ABERLE et al. (2003a) geschätzt. Bei der Ermittlung der Inzuchtkoeffizienten beider Studien wurden jedoch nur fünf Ahnengenerationen berücksichtigt. Die höhere Pedigreetiefe in der vorliegenden Arbeit lässt daher vermuten, dass die Inzuchtkoeffizienten in den früheren Arbeiten unterschätzt wurden. Der niedrige Inzuchtkoeffizient des Rheinisch-Deutschen Kaltblutes ist durch einen hohen Fremdgenanteil zu erklären. Auch der von DRUML et al. (2009) für die Noriker sowie der von HASLER et al. (2011) für die Freiburgerpopulation berechnete Inzuchtkoeffizient liegt mit 5% deutlich unter dem des Schwarzwälder Kaltbluts.

Da die Höhe des Inzuchtkoeffizienten stark von der Stammbaumtiefe und -qualität abhängt, sind die gewonnenen Ergebnisse nur mit den Daten mit ähnlicher Pedigreevollständigkeit und -tiefe vergleichbar. Den Einfluss der Pedigreetiefe wurde von DRUML et al. (2009) für die von 2000 bis 2004 in Österreich registrierten Noriker aufgezeigt. Unter Berücksichtigung von einer, fünf bzw. aller Generationen wurden Inzuchtkoeffizienten von 1,2%, 3,2% bzw. 5,0% errechnet. GANDINI et al. (1992) berechneten die Inzuchtkoeffizienten nur für ein 3-Generationen-Pedigree. Die von CERVANTES et al. (2008, 2009) untersuchten Pedigrees von Spanischen Pferderassen hatten ein geringeres Generationsäquivalent als die hier untersuchten Pedigrees des Schwarzwälder Kaltbluts, so dass die Inzuchtkoeffizienten von diesen Spanischen Pferderassen im Vergleich zum Schwarzwälder Kaltblut etwas unterschätzt sein dürften. Die Pedigreetiefe der Andalu-

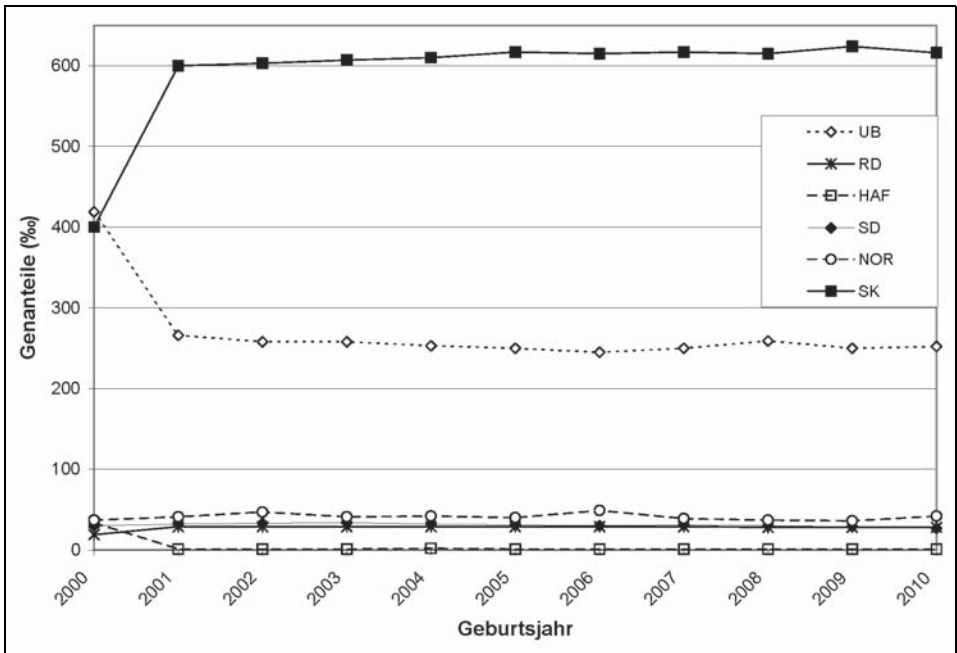


Abb. 3. Entwicklung der Genanteile der verschiedenen Kaltblutrassen (‰) an der Referenzpopulation des Schwarzwälder Kaltbluts (SW: Schwarzwälder Kaltblut, NOR: Noriker, RD: Rheinisch-Deutsches Kaltblut, SD: Süddeutsches Kaltblut, HAF: Haflinger, UB: Rasse unbekannt)  
*Development of the gene contributions of the different coldblood breeds (‰) in the Black Forest reference population (SK: Black Forest, NOR: Noriker, RD: Rhenish-German, SD: South German, HAF: Haflinger, UB: breed unknown)*

sierpopulation besitzt ähnlichen Umfang wie das in dieser Studie untersuchte Pedigree. Bei den Andalusiern sind bis zur 5. Generation 90% der Ahnen bekannt und nach der 11. Generation nur noch 10%. Beim Schwarzwälder Kaltblut sind knapp 75% bis zur 5. Generation bekannt, aber noch 10% bis zur 18. Generation. Der Inzuchtkoeffizient der Andalusier wurde von VALERA et al. (2005) auf 8,5% bei Verwendung aller Pedigreedaten geschätzt sowie auf nur 4,0% für eine Pedigreetiefe von zehn Generationen. Dieser Wert ist mit dem des Schwarzwälder Kaltbluts vergleichbar und liegt unter dem Wert der hier untersuchten Population.

Eine wichtige Kenngröße für die Entwicklung einer Population ist die Inzuchtrate. Die von BIEDERMANN und SCHRÖTER (2003) und ABERLE et al. (2003a) geschätzte Inzuchtrate des Schwarzwälder Kaltbluts für die letzte Generation ist ähnlich hoch wie der in dieser Untersuchung errechnete Wert von 2,5%. Die Zahlen stellen in beiden Studien im Vergleich zu den vorhergehenden Generationen den höchsten Wert dar. Die Inzuchtrate der anderen deutschen Kaltblutrassen liegt dagegen unterhalb des hier errechneten Wertes (ABERLE et al., 2003b, 2004a; BIEDERMANN et al., 2002). Gründe für die hohe Inzuchtrate können die geringe Populationsgröße sein, woraus sich geringere Anpaarungsmöglichkeiten ergeben sowie die geringe Hengstanzahl, die zu einem hochfrequenten Einsatz der Tiere führt. Durch die Gründung neuer Linien, wie z. B. der V-Linie im Jahre 2000, wurde versucht, die Inzuchtrate zu minimieren. Andere Möglichkeiten

Tab. 6. Inzuchtkoeffizienten, Umfang der Gesamt- und Referenzpopulation bei Pferdepopulationen in früheren Arbeiten  
*Inbreeding coefficients, size of the total and the reference populations in previously published analyses*

Referenz	Rasse	Umfang Referenzpopulation	Umfang Gesamtpopulation	Inzuchtkoeffizient (%)
BIEDERMANN und SCHRÖTER, 2003	Schwarzwälder Kaltblut	768		6,2
ABERLE et al., 2003a	Schwarzwälder Kaltblut	699		5,2
ABERLE et al., 2003b	Schleswiger Kaltblut	220		4,5
BIEDERMANN et al., 2002	Rheinisch-Deutsches Kaltblut	1.491		1,7
HASLER et al., 2011	Freiberger	6.121	16.402	5,2
ABERLE et al., 2004a	Süddeutsches Kaltblut	1.918		2,3
DRUML et al., 2009	Noriker	2.808	13.035	5,0
VALERA et al., 2005	Andalusier/ Karthäuser-Linie	75.389	75.389	8,5/9,1
CERVANTES et al., 2008	Spanische Araber	6.240	18.880	7,0
CERVANTES et al., 2009	Anglo-Araber	3.071	8.289	5,6
	Hispano-Araber	1.783	3.394	7,7
	Spanisches Sportpferd	6.198	7.099	3,4
ZECHNER et al., 2002	Lipizzaner	565	3.867	10,8
SEVINGA et al., 2004	Friesen		52.392	15,7
GANDINI et al., 1992	Hafflinger		12.061	6,6
HAMANN und DISTL, 2008	Hannoveraner	167.063	310.109	1,3
CUNNINGHAM et al., 2001	Englisches Vollblut	211	940.196	13,0
RIZZI et al., 2011	Martina Franca Esel	422	1.658	6,9

bestehen über die Stutenseite, um die genetische Diversität besser zu nutzen. Hier sollte auch darauf geachtet werden, Stuten mit Abstammung von weniger oft vertretenen Gründertieren mehr Chancen für die Zucht zu geben.

Um die Gefahren von Inzucht, Inzuchtschäden und dem zufälligen Genverlust durch genetische Drift möglichst gering zu halten, sollte ein möglichst großer Zuchttierbestand mit einer effektiven Populationsgröße von mindestens 50 (Ausschuss der DGfZ zur Erhaltung genetischer Vielfalt bei landwirtschaftlichen Nutztieren, 1992) aufrecht erhalten werden. Dies ist in der untersuchten Population mit 33,6 nicht erfüllt. Im Vergleich zu anderen Kaltblutrassen ist die effektive Populationsgröße des Schwarzwälder Kaltbluts am unteren Ende für Pferdepopulationen. Nur die Population der Friesen ist mit einer  $N_e$  von 27 noch kleiner (SEVINGA et al., 2004).

Die Anzahl der effektiven Gründer (4,9% aller Gründer) entspricht in etwa der effektiven Anzahl bei den Andalusiern (VALERA et al., 2005), den spanischen Arabern (CERVANTES et al., 2008), den Lipizzanern (ZECHNER et al., 2002) und dem englischen Vollblut (CUNNINGHAM et al., 2001, Tab. 7). Diese Werte sind deutlich niedriger als die-

Tab. 7. Anzahl Gründer, effektiver Gründer und effektiver Ahnen bei Pferdepopulationen in früheren Arbeiten  
*Number of founders, effective founders and effective ancestors in horse populations of previously published analyses*

Referenz	Rasse	Anzahl Gründer	Effektive Anzahl Gründer	Effektive Anzahl Ahnen
BÖMCKE et al., 2011	Skyros Pony	104	13,3	13,1
CERVANTES et al., 2008	Spanische Araber	1.626	39,5	19,0
CERVANTES et al., 2009	Anglo-Araber	2.414	210	98
	Hispano-Araber	860	87	41
	Spanisches Sportpferd	5.655	602	436
CUNNINGHAM et al., 2001	Englisches Vollblut	158	28,2	
DRUML et al., 2009	Noriker	1.991	117,2	29,3
HAMANN und DISTL, 2008	Hannoveraner	13.881	244,9	77,7
PONCET et al., 2006	Freiberger	827	75,7	19–20
VALERA et al., 2005	Andalusier	1.465	39,6	16,5
RIZZI et al., 2011	Martina Franca Esel	120	19	13
ZECHNER et al., 2002	Lipizzaner	457	48,2	26,2

jenigen, die von HAMANN und DISTL (2008) für die Hannoveraner und CERVANTES et al. (2009) für die Anglo-Araber und spanischen Sportpferde berechnet wurden. Die unterschiedliche Nutzung der Gründer ist beim Schwarzwälder Kaltblut bei den Stuten deutlicher erkennbar als bei den Hengsten. In der Hengstpopulation beträgt die Anzahl der effektiven Gründer von der gesamten Gründerzahl 15,7%, bei den Zuchtstuten sind es nur 8%.

Die effektive Anzahl der Vorfahren wird durch die Qualität der Pedigrees wenig beeinflusst (BOICHARD et al., 1997). Dieser Parameter fällt für das Schwarzwälder Kaltblut unter allen hier verglichenen Populationen am niedrigsten aus.

Für die gesamte Population ist die effektive Anzahl der Gründer fast dreimal so hoch wie die effektive Anzahl der Ahnen. Dies deutet darauf hin, dass es aufgrund der ungleichmäßigen Nutzung der Hengste und Stuten zum Verlust genetischer Diversität gekommen ist. Der Verlust der genetischen Diversität ist ähnlich hoch wie im Vergleich zu den Hannoveranern (3,15), den spanischen Arabern (3,04) und den Andalusiern (2,4).

Der Anteil an Ahnen, die 50% der genetischen Variabilität der Referenzpopulation des Schwarzwälder Kaltbluts erklärten, ist geringer als bei den spanischen Arabern, Anglo-Arabern, Hispano-Arabern, spanischen Sportpferden, Andalusiern und Lipizzanern (CERVANTES et al., 2008, 2009; VALERA et al., 2005; ZECHNER et al., 2002), jedoch in einem ähnlichen Bereich wie für die griechischen Skyros Ponies (BÖMCKE et al., 2011), die Freiberger (PONCET et al., 2006) und die Martina Franca Esel (RIZZI et al., 2011).

Die geschätzten genetischen Parameter lassen im Gegensatz zu den Studien von BIEDERMANN und SCHRÖTER (2003) und ABERLE et al. (2003a) Aussagen über die genetische Diversität des Schwarzwälder Kaltbluts zu. Es fällt auf, dass die Anzahl effektiver Gründer und effektiver Ahnen beim Schwarzwälder Kaltblut am unteren Ende der Skala im Vergleich mit anderen Pferdepopulationen liegen. Dies deutet auf einen genetischen Flaschenhals in früheren Generationen hin. Eine niedrigere Anzahl effektiver Gründer hatten in den hier verglichenen Arbeiten nur das Englische Vollblut, das Skyros Pony und

die Martina Franca Esel. Für die beiden letzteren Populationen waren allerdings die Pedigrees sehr unvollständig.

Das Generationsintervall beim Schwarzwälder Kaltblut unterscheidet sich nicht von anderen Populationen. Ein langes Generationsintervall trägt dazu bei, den Inzuchtkoeffizienten niedrig zu halten. Ein kurzes Generationsintervall kann also ursächlich an einem hohen Inzuchtkoeffizienten beteiligt sein. Im Falle des Schwarzwälder Kaltbluts ist das Generationsintervall nicht lang genug, um die Inzuchtrate zu senken.

Der individuelle Beitrag der wichtigsten Ahnen zur genetischen Variabilität der Population ist ähnlich wie bei anderen Pferderassen, für welche eine unsymmetrische Paarungspolitik bekannt ist. Beispielsweise tragen die zwei bedeutendsten spanischen Araber 13,8% bzw. 12,7% (CERVANTES et al., 2008) sowie die zwei bedeutendsten Andalusier 15,8 und 12,6% zum Genpool der Referenzpopulationen bei (VALERA et al., 2005). Der wichtigste Vorfahre der Lipizzaner erklärt 10,7% der genetischen Variabilität (ZECHNER et al., 2002). Ein ähnlich deutliches Hervortreten im marginalen Genanteil der Hengste ist in der Hannoveraner Population zu beobachten. Der Hengst Weltmeyer liegt mit 6% noch über Donnerhall mit knapp 5% marginalem Genanteil (HAMANN und DISTL, 2008).

Aufgrund der höheren Anzahl an weiblichen Zuchttieren sind die marginalen Genanteile bei den Schwarzwälder Stuten entsprechend geringer. Dies ist auch bei den Hannoveranern zu beobachten. Hier machten die Genanteile der zehn bedeutendsten Stuten 5,3% des gesamten Genpools aus, bei den Hengsten sind es dagegen 34,2% (HAMANN und DISTL, 2008). Beide Werte sind jedoch nur halb so hoch wie jene des Schwarzwälder Kaltbluts.

Ende des 19. Jahrhunderts wurde versucht, schwerere Kaltblutrassen (Belgier, Rheinisch-Deutsches Kaltblut) in das Schwarzwälder Kaltblut einzukreuzen. Viele dieser Linien waren aber nur bedingt brauchbar für die weiterführende Zucht (FREY, 1984). Dies ist in den geringen Genanteilen dieser Rassen (maximal 3,5% in den Jahren 2000 bis 2010) ersichtlich. Norikerhengste hatten mit 4–5% den größten Einfluss auf die Zucht des Schwarzwälder Kaltbluts. In dem untersuchten Zeitraum wurden Hengste aus neu gegründeten Linien eingesetzt. Hierzu gehören die F-Linie mit dem Begründer Feldsee, ein Nachkomme des Freibergers Dayan und die im Jahre 2000 gegründete V-Linie durch den Hengst Vogtsberg, einem Nachkommen des Schleswiger Hengstes Varus. Feldsee wurde von den Züchtern gut frequentiert, er wurde in dem untersuchten Zeitraum insgesamt 262-mal eingesetzt, davon 45-mal (13%) im Jahr 2000. Vogtsberg kann 139 Bedeckungen bis 2010 aufweisen. Die V-Linie taucht unter den neun bedeutendsten Hengsten allerdings noch nicht auf. Deswegen spielen Schleswiger Gene in der untersuchten Population bisher noch keine Rolle.

Der Einfluss anderer Kaltblutrassen auf das Schwarzwälder Kaltblut erschien gering, auch wenn einzelne Hengste aus anderen Rassen eingeführt wurden. Ein ähnliches Ergebnis ergab die Analyse der Verwandtschaftskoeffizienten aller deutscher Kaltblutrassen (ABERLE et al., 2004b) sowie der genetischen Distanz zwischen den Kaltblutrassen in Deutschland (ABERLE et al., 2004c). Das Schwarzwälder Kaltblut hat sich somit als eine weitgehend eigenständige Rasse erhalten.

## 5 Schlussfolgerungen

Das Schwarzwälder Kaltblut ist aufgrund der ermittelten Populationsparameter in Übereinstimmung mit der FAO (2008) als ein in ihrem Bestand gefährdete Haustierrasse einzuordnen. Bei den Zuchthengsten ist die genetische Diversität der Gründertiere gut erhalten, während auf Zuchtstutenseite deutlich mehr Gründergenome verloren gingen. Um die Verbesserung der Inzucht für Folgegenerationen zu unterstützen, ist die Bereitstellung von Anpaarungsplänen vor allem für die Zuchtstuten erforderlich. Eine effektive

Umsetzung erfordert eine intensive Beratung der Züchter, um insbesondere die Zuchtstuten entsprechend ihrer repräsentierten Gründergenome gleichmäßiger einzusetzen.

## Danksagung

Unser Dank gilt dem Pferdezuchtverband Baden-Württemberg, insbesondere Herrn Dr. Weber für die Unterstützung und dem Vit/Verden sei für die Datenbereitstellung sehr herzlich gedankt.

## Literatur

- ABERLE, K., J. WREDE und O. DISTL, (2003a): Analyse der Populationsstruktur des Schwarzwälder Kaltblutpferdes. Berl. Münch. Tierärztl. Wochenschrift **116**, 333–339.
- ABERLE, K., J. WREDE und O. DISTL, (2003b): Analyse der Populationsentwicklung des Schleswiger Kaltbluts. Züchtungskunde **75**, 163–175.
- ABERLE, K., J. WREDE und O. DISTL, (2004a): Analyse der Populationsstruktur des Süddeutschen Kaltbluts in Bayern. Berl. Münch. Tierärztl. Wochenschrift **117**, 57–62.
- ABERLE, K., J. WREDE and O. DISTL, (2004b): Analysis of relationships between German heavy horse breeds based on pedigree information. Berl. Münch. Tierärztl. Wochschr. **117**, 72–75.
- ABERLE, K.S., H. HAMANN, C. DRÖGEMÜLLER and O. DISTL, (2004c): Genetic diversity in German draught horse breeds compared with a group of primitive, riding and wild horses by means of microsatellite DNA markers. Anim. Genet. **35**, 270–277.
- Ausschuss der DGfZ zur Erhaltung genetischer Vielfalt bei landwirtschaftlichen Nutztieren, (1992): Empfehlungen zur Erhaltung lebender Tierbestände einheimischer gefährdeter Nutztierassen. Züchtungskunde **64**, 77–80.
- BIEDERMANN, G., U. CLAR, A. FINKE und M. BICKEL, (2002): Analyse der Population des Rheinisch-Deutschen Kaltbluts. Züchtungskunde **74**, 237–249.
- BIEDERMANN, G. und S. SCHRÖTER, (2003): Analyse der Population des Schwarzwälder Kaltbluts. Züchtungskunde **75**, 1–8.
- BOICHARD, D., (2002): A Fortran package for pedigree analysis suited for large populations. (<http://www-sgqa.jouy.inra.fr/article.php3?id>).
- BOICHARD, D., L. Maignel and E. VERRIER, (1997): The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. Genet. Sel. Evol. **29**, 5–23.
- BÖMCKE, E., N. GENGLER and E.G. COTHRAN, (2011): Genetic variability in the Skyros pony and its relationship with other Greek and foreign horse breeds. Genet. Mol. Biol. **34**, 68–76.
- CERVANTES, I., A. MOLINA, F. GOYACHE, J.P. GUTIERREZ and M. VALERA, (2008): Population history and genetic variability in the Spanish Arab horse assessed via pedigree analysis. Livest. Sci. **122**, 24–32.
- CERVANTES, I., J.P. GUTIÉRREZ, A. MOLINA, F. GOYACHE and M. VALERA, (2009): Genealogical analyses in open populations: the case of three Arab-derived Spanish horse breeds. J. Anim. Breed. Genet. **126**, 335–347.
- CUNNINGHAM, P., J.J. DOOLEY, R.K. SPLAN and D.G. BRADLEY, (2001): Microsatellite diversity, pedigree relatedness and the contribution of founder lineages to thoroughbred horses. Anim. Genet. **32**, 360–364.
- DRUML, T., R. BAUMUNG and J. SÖLKNER, (2009): Pedigree analysis in the Austrian Noriker draught horse: genetic diversity and the impact of breeding for coat colour on population structure. J. Anim. Breed. Genet. **126**, 348–356.

- FALCONER, D.S. and T.F.C. MACKAY, (1996): Introduction to quantitative genetics. 4<sup>th</sup> ed. Longman's Green, Harlow, Essex.
- FAO, (1998): Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans. FAO Rome, Italy, pp. 63.
- FREY, O., (1984): Baden-Württembergs Pferde. Franckh'sche Verlagshandlung, Stuttgart, 110–146.
- GANDINI, G.C., A. BAGNATO, F. MIGLIOR and G. PAGNACCO, (1992): Inbreeding in the Italian Haflinger horse. *J. Anim. Breed. Genet.* **109**, 433–443.
- GUTIERREZ, J.P. und F. GOYACHE, (2005): A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.* **122**, 172–176.
- HAMANN, H. und O. DISTL, (2008): Genetic variability in Hanoverian warmblood horses using pedigree analysis. *J. Anim. Sci.* **86**, 1503–1513.
- HASLER, H., C. FLURY, S. MENET, B. HAASE, T. LEEB, H. SIMIANER, P.A. PONCET and S. RIEDER, (2011): Genetic diversity in an indigenous horse breed – implications for mating strategies and the control of future inbreeding. *J. Anim. Breed. Genet.* **128**, 394–406.
- LACY, R.C., (1989): Analysis of founder representation in pedigrees: Founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biol.* **8**, 111–123.
- LACY, R.C., (1995): Clarification of genetic terms and their use in the management of captive populations. *Zoo. Biol.* **14**, 565–578.
- MACCLUER, J., B. BOYCE, L. BUKE, D. WEITZKAMP, A. PFENNIG and C. PARSON, (1983): Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *J. Hered.* **74**, 394–399.
- PONCET, P.A., W. PFISTER, J. MUNTWYLER, M.L. GLOWATZKI-MULLIS and C. GAILLARD, (2006): Analysis of pedigree and conformation data to explain genetic variability of the horse breed Franches-Montagnes. *J. Anim. Breed. Genet.* **123**, 114–121.
- RIZZI, R., E. TULLO, A.M. CITO, A. CAROLI and E. PIERAGOSTINI, (2011): Monitoring of genetic diversity in the endangered Martina Franca donkey population. *J. Anim. Sci.* **89**, 1304–1311.
- SAMBRAUS, H.H., (2010): Gefährdete Nutztierassen. Stuttgart, Germany: Verlag Ulmer (Eugen). 6. Auflage, 89–98.
- SEVINGA, M., T. VRIJENHOEK, J.W. HESSELINK, H.W. BARKEMA und A.F. GROEN, (2004): Effect of inbreeding on the incidence of retained placenta in Friesian horses. *J. Anim. Sci.* **82**, 982–986.
- SÖLKNER, J., L. FILIPCIC and N. HAMPSHIRE, (1998): Genetic variability of populations and similarity of subpopulations in Austrian cattle breeds determined by analysis of pedigree. *Anim. Sci.* **67**, 249–256.
- VALERA, M., A. MOLINA, J.P. GUTIERREZ, J. GOMEZ and F. GOYACHE, (2005): Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. *Livest. Prod. Sci.* **95**, 57–66.
- WEBER, M., (2001): Stand und Weiterentwicklung der Schwarzwälder Kaltblutzucht in Baden-Württemberg zur Jahrhundertwende 2000/2001: Entwicklung der Kaltblutzucht seit 1947 bis heute. Festschrift zum 23. Tag des Schwarzwälder Pferdes. Pp. 34–64. Titisee-Neustadt, Germany: Gemeinde St. Märgen, Druck & Papier Berenbold.
- WREDE, J. und T. SCHMIDT, (2003): OPTI-MATE Version 3.88. Ein Management-Programm zur Minimierung der Inzucht in gefährdeten Populationen. Programmbeschreibung. Institut für Tierzucht und Vererbungsforchung, Tierärztliche Hochschule Hannover.
- WRIGHT, S., (1931): Evolution in Mendelian population. *Genetics* **16**, 97–159.
- ZECHNER, P., J. SÖLKNER, I. BODO, T. DRUML, R. BAUMUNG, R. ACHMANN, E. MARTI, F. HABE und G. BREM, (2002): Analysis of diversity and population structure in the Lipizzan horse breed based on pedigree information. *Livest. Prod. Sci.* **77**, 137–146.