



Weg ist weg

Unsere Natur funktioniert nur dank biologischer Vielfalt. Um sie zu schützen, richtet sich der Blick immer stärker auf alte Rassen.

»Uns beschäftigt die Frage, wie wir bestimmen können, welche Gruppen von Tieren, welche Ökotypen wir als wichtige Ressource betrachten und erhalten wollen.«

Von der weißen gehörnten Heidschnucke über das Deutsche Sattelschwein bis hin zum Bergischen Schlotterkamm – vielfältig sind die deutschen Nutzierrassen. Noch. Denn mittlerweile führen die alten und lokalen Rassen eher ein Nischendasein. In den meisten Ställen sind nur noch wenige Zuchtlinien zu finden, die nach bestimmten Merkmalen selektiert wurden und heute in der kommerziellen Landwirtschaft hocheffizient Milch produzieren, viele Eier legen oder schnell Fleisch zulegen. Alte und lokale Nutzierrassen hingegen benötigen mehr Platz und Futter, sind bei Weitem nicht so produktiv. „Biodiversität bei Nutztieren ist wichtig“, sagt Prof. Dr. Klaus Wimmers, Vorstand des Leibniz-Instituts für Nutztierbiologie (FBN), trotzdem. Denn die Rassen der Vergangenheit bergen genetische Schätze für die Zukunft.

„Uns beschäftigt die Frage, wie wir bestimmen können, welche Gruppen von Tieren, welche Ökotypen wir als wichtige Ressource betrachten und erhalten wollen“, erklärt der Molekularbiologe und Veterinärmediziner. Dabei konzentrieren sich die FBN-Wissenschaftler nicht nur auf deutsche Nutzierrassen, sondern schauen auch über den nationalen Tellerand. Derzeit arbeiten die deutschen Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler mit Kollegen vom russischen L. K. Ernst-Institut in Moskau zusammen. Im Nord-

osten Sibiriens, angepasst an klimatische und geografische Herausforderungen, sind Schneeschafe verbreitet. Sechs Untergruppen der felsenkletternden Pflanzenfresser können unterschieden werden, die sich in geografisch verschiedenen Regionen zurechtfinden. Doch zeigen sich die Unterschiede in der Anpassung an den Lebensraum auch in ihren Genen? Müssen Forscher bei Erhaltungsmaßnahmen pro Gruppe getrennt vorgehen, weil die

Gibt es Merkmale, die kommerziell genutzte Rassen nicht mehr besitzen?

sich so sehr voneinander abheben, oder können die Gruppen miteinander gemischt werden, um die genetische Vielfalt zu erhöhen?

Um diese Frage zu beantworten, lieferte das FBN das Rüstzeug für die genetische Analyse. Erstmals konnten bei Schneeschafen sogenannte DNA-Chips eingesetzt werden, die es ermöglichen, anhand von Probenmaterial die genetische Distanz zwischen den einzelnen Gruppen zu

untersuchen. Das Ergebnis: Die geografische Verteilung spiegelt sich tatsächlich auf molekularer Ebene wider. Je weiter die Gruppen geografisch voneinander getrennt sind, desto weiter entfernt voneinander sind sie auch genetisch.

Warum aber könnten exotische Tierarten wie das Schneeschaf interessant für die deutsche Landwirtschaft sein? Wird das Gen entdeckt, das dem Träger eine besondere Anpassung an bestimmte Umweltbedingungen ermöglicht, eröffnen sich viele Möglichkeiten für die Zukunft. „Es ist eine wertvolle genetische Ressource, die potenziell für andere Regionen eine Rolle spielen kann“, erläutert Wimmers. Es gehe um die Erkenntnis, ob Rassen besondere Gene mitbringen, die in kommerziell genutzte Rassen eingekreuzt werden könnten. Zu Zeiten des Klimawandels kann beispielsweise die Hitzetoleranz bei lokalen Nutztieren auch in Deutschland ein lohnendes Merkmal in der Zucht sein. So wie beim Zebu, das, hitzetolerant und resistent gegenüber Krankheiten, bereits in Regionen mit tropischem Klima in Rinderrassen eingekreuzt wurde.

Am FBN werden derzeit für ein neues Programm Stallanlagen gebaut, in denen die kommerzielle Schweinelinie „Deutsche Landrasse“ mit zwei alten und lokalen Schweinerassen verglichen werden soll. Zwei bis drei Jahre Zeit werden sich die FBN-Wissenschaftler für die Analyse nehmen. Mit Akribie wollen die Forscher so



Zebus sind für Wissenschaft und Zucht interessant, da sie große Hitze vertragen und resistent gegenüber zahlreichen Krankheiten und Seuchen sind.

herausfinden, ob die fast vergessenen alten Rassen besondere Merkmale besitzen, die bei der kommerziell genutzten nicht vorhanden sind. „Wir wollen den Stammbaum so gut wie möglich abdecken“, so Wimmers über das mittel- bis langfristig angelegte Projekt.

Um herauszufinden, welche Anpassungen und genetischen Eigenschaften alte Rassen besitzen, was ihr Erscheinungsbild ausmacht, braucht es Zeit für die systematische Analyse. Die ist aber knapp. Denn viele dieser Rassen werden nur noch als Liebhaberzucht erhalten, die Zahlen

sinken immer weiter. Für Dr. Steffen Weigend vom Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) ist deshalb klar, dass weltweit alle seltenen Rassen bewahrt werden müssen – unabhängig von molekularen Eigenschaften, vorrangig aufgrund der geringen Bestandszahlen: „Was einmal verloren ist, kann nicht wiedergeholt werden.“

Aktuell ist das FLI am EU-Projekt IMAGE (Innovative Management of Animal Genetic Resources) beteiligt, das im Jahr 2016 gestartet ist und von Frankreich aus koordiniert wird. Ziel ist es, genetische Informationen verschiedener Nutztierarten zu-

sammeln und miteinander zu vergleichen, Prioritäten zur Erhaltung der Rassen abzuleiten und die genetische Diversität in Genbanken zu bewahren. „Es geht darum zu verhindern, dass große Teile genetischer Vielfalt unbeachtet verschwinden“, sagt Weigend. Und mit dieser Vielfalt auch das Wissen um molekulare Mechanismen sowie zukünftige Chancen in der Zucht, auf wechselnde Bedingungen reagieren und auf wertvolle genetische Ressourcen zurückgreifen zu können.

Von Aileen Hohnstein