

International Journal of DAGENE

# Danubian Animal Genetic Resources

Volume 6, Issue 2 (2021)

DAGENE  
International Association for the Conservation  
of Animal Breeds in the Danube Region  
1078 Budapest, István street 2  
Hungary



Danubian Animal Genetic Resources  
Volume 6, Issue 2 (2021)

International Journal of DAGENE

DAGENE  
International Association for the Conservation  
of Animal Breeds in the Danube Region  
1078 Budapest, István street 2.  
Hungary

Danubian Animal Genetic Resources

Volume 6, Issue 2 (2021)

Person responsible for edition:

Editor-in-Chief: András GÁSPÁRDY (Hungary)

Editorial board:

President: Ante IVANKOVIČ (Croatia)

Pál HAJAS (Hungary)

Beate BERGER (Austria)

Marcel MATIUTI (Romania)

Zsolt BECSKEI (Serbia)

Peter CHRENEK (Slovakia)

János POSTA (Hungary)

Technical editor: Jelena RAMLJAK (Croatia)

Editorial office: DAGENE - International Association for the Conservation of Animal Breeds in the Danube Region, 1078 Budapest, István street 2. [office@dagene.eu](mailto:office@dagene.eu) - [www.dagene.eu](http://www.dagene.eu)

Publisher: DAGENE - International Association for the Conservation of Animal Breeds in the Danube Region, 1078 Budapest, István street 2. [office@dagene.eu](mailto:office@dagene.eu) - [www.dagene.eu](http://www.dagene.eu)

Person responsible for publishing: András GÁSPÁRDY president of DAGENE

Printed by A/3 Printing and Publishing Ltd., Péter MOHAI

HU ISSN: 2498-5910

This journal, founded 2016 is the official publication medium for the yearly activity of DAGENE members. Manuscripts should be submitted to [aivankovic@agr.hr](mailto:aivankovic@agr.hr).

Our journal is freely distributed in hard copy among the members of DAGENE and cooperating associations, however it is available from website [www.dagene.eu](http://www.dagene.eu).

Supporting and advertising are possible at the office. Persons interested in becoming members of the DAGENE should contact the office.

## Table of content

### Research articles

pages

- 43-47 **The current status of breeding Slavonian-Syrmian Podolian Cattle in the Republic of Croatia**  
BOBIĆ, Tina – MIJIĆ, Pero – GREGIĆ, Maja
- 49-57 **Vergleich zweier Nachfolgerassen des Zaupel-Schafs, Cikta und Bovec, basierend auf ihren mtDNA CR-Sequenzen**  
HEINZ, Maria Natasha – ZABAVNIK PIANO, Jelka – ZENKE, Petra – KOVÁCS, Endre – SAFÁR, László – BECSKEI, Zsolt – MARÓTI-AGÓTS, Akos – GÁSPÁRDY, András
- 59-65 **Descriptive information of Hungarian Chicken's egg production**  
POSTA, János – ROZSÁNE VARSZEGI, Zsófia – ÓLAH, János
- 67-75 **Bearbeitung eines Fragebogens zur Förderung der Erhaltung des bedrohten Murnau-Werdenfelser Rindes**  
SCHELLINGER, Felix – GÁSPÁRDY, András – KOVÁCS, Endre
- 77-84 **Possibility and practice of action against drift in the Lipizzan horse population in Hungary**  
KOVÁCS, Máté – MIHÓK, Sándor



## **The current status of breeding Slavonian-Syrmian Podolian Cattle in the Republic of Croatia**

BOBIĆ, Tina\* – MIJIĆ, Pero – GREGIĆ, Maja

Department of Animal Production and Biotechnology, Faculty of Agrobiotechnical Sciences Osijek,  
University of Josip Juraj Strossmayer in Osijek, Vladimira Preloga 1, Osijek, Croatia

\*corresponding author: [tbobic@fazos.hr](mailto:tbobic@fazos.hr)

### **Abstract**

The aim of this paper were to present the current state of endangerment of the Slavonian-Syrmian Podolian Cattle (SSP) and locations where these cattle are still breed in Croatia. Compared to Busha and Istrian Cattle, the Slavonian-Syrmian Podolian Cattle is still the least represented and the most endangered. The counties in which the largest herds of Slavonian-Syrmian Podolian Cattle are located are the Brod – Posavina and Lika – Senj County. According to the number of cows, the SSP is the most represented in eastern part of Croatia (Brod – Posavina, Osijek – Baranja, Virovitica – Podravina, Vukovar – Syrmia). A little progress is visible in preserving the Slavonian-Syrmian Podolian Cattle, and the number of herds and cows has increased in recent years. There has also been an increase in the effective population size, and a change in vulnerability status in positive better way. In order for this positive trend to continue, it is necessary to put more effort in designing a gastronomic offer, and designing cultural and educational events where Slavonian-Syrmian Podolian Cattle could be more involved.

Keywords: local breed, Slavonian-Syrmian Podolian Cattle, effective population size, locations of breeding

### **Introduction**

At the beginning of the 20<sup>th</sup> century, the Slavonian-Syrmian Podolian Cattle (SSP) was the most numerous cattle in the area of Slavonia and Srijem, mostly as a working cattle. Among that, this local breed were well appreciated in the production of meat. With the modernisations and appearance of mechanization in agriculture, that local breeds, with their weak production characteristics, loses its importance and its number has drastically decreased. Such thinking is supported by TABERLET et al. (2008.) which point out that indigenous breeds of cattle are considered a valuable genetic resource that is disappearing due to new economic and agricultural requirements. According to GANDINI and VILLA (2003) and RAMLJAK et al. (2011) local indigenous breeds represent the possible genetic resources and cultural and traditional values of the respective country and contribute to ethnic identity.

Slavonian-Syrmian Podolian Cattle is an excellent breed for preserving habitats or restoring them to their original function (BARAČ et al., 2011), because breed effectively uses pastures, grass, wetland habitats or buds of lower vegetation. Slavonian-Syrmian Podolian Cattle is one of the three native Croa-

tian cattle breeds which classified as endangered and included in a National Cattle Breeding Program launched in 2007. Certain steps have been taken by state institutions for their preservation, and the aim of this paper is to present the current state of endangerment of the Slavonian-Syrmian Podolian Cattle and locations where these cattle are still breed in Croatia.

## Material and methods

In the study were used data regarding to the number of breeders of the Slavonian-Syrmian Podolian Cattle and there geographical locations in the Republic of Croatia. Data were collected from Croatian Agency for Agriculture and Food (CAAF). Population indicators were used to calculate the indices and associated trends of the studied local breed.

## Results and discussion

The Busha cattle are present in almost all county of the Republic of Croatia (except Osijek – Baranja and Vukovar – Syrmia), while Istrian Cattle and Slavonian-Syrmian Podolian Cattle were not. Busha cattle are most represented in Lika-Senj County with a total of 106 herds, while Istrian Cattle can be found most in the Istria County with a total of 116 herds. The counties in which the largest herds of SSP are located are the Brod – Posavina (16) and Lika – Senj County (10). Furthermore, when looking only at the number of cows in SSP, most of them are located in eastern part of Croatia (Figure 1). In Brod – Posavina and Osijek – Baranja counties is located 106 and 54 cows, while in Virovitica – Podravina and Vukovar – Syrmia counties is 32 and 12 cows, respectively.

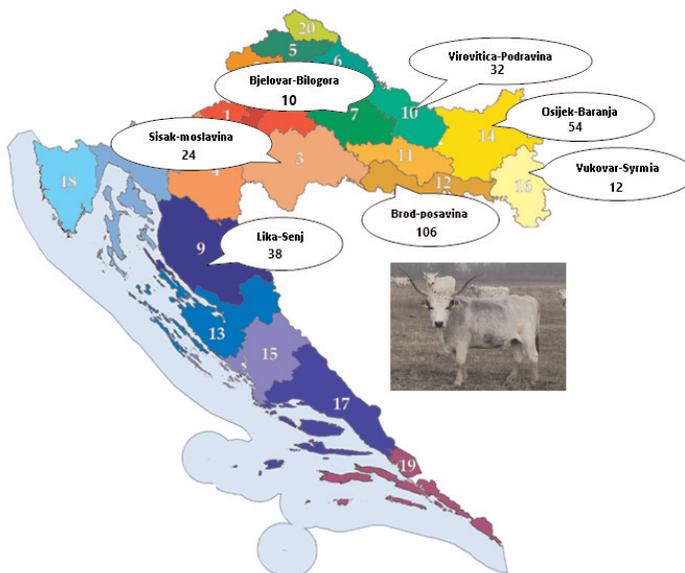


Figure 1 Number of Slavonian-Syrmian Podolian cows by counties on the map (CAAF, 2020)

Numerical population indicators provide a basic insight into the biological condition of local populations and are indispensable in their evaluation. Although important measures have been taken over the past few decades to stabilize the existing populations of local cattle breeds, it is evident that one of them (Slavonian-Syrmian Podolian Cattle) is still in vulnerability (Table 1).

According to data presented in Table 1, the most numerous local cattle breed in Croatia is Busha with 2.120 cows at 267 herds. The Istrian cattle are on the second place in number with 1.053 cows at 174 herds. It is evident that Slavonian-Syrmian Podolian Cattle are numerically very inferior to the other two local cattle breeds, with their minority number of 276 cows at just 48 herds. In terms of bulls, Busha also have the biggest number of bulls (185), while Istrian cattle and Slavonian-Syrmian Podolian Cattle have much less (65, 14).

Table 1: Numerical indicators of the state of the local cattle breed populations in Croatia for 2020 (CAAF, 2020)

	Busha			Istrian Cattle			Slavonian-Syrmian Podolian Cattle		
	Herds	Cows	Bulls	Herds	Cows	Bulls	Herds	Cows	Bulls
Bjelovar-Bilogora	13	71	15	0	0	0	1	10	0
Brod-posavina	1	0	0	0	0	0	16	106	3
Dubrovnik-Neretva	18	278	27	0	0	0	1	0	0
City Zagreb	1	9	5	0	0	0	0	0	0
Istria	1	2	0	116	697	45	0	0	0
Karlovac	9	18	2	4	8	2	0	0	0
Koprivnica-Križevci	3	18	2	4	18	1	0	0	0
Krapina-Zagorje	1	3	1	0	0	0	0	0	0
Lika-Senj	106	909	75	30	168	9	10	38	2
Međimurje	1	1	0	0	0	0	0	0	0
Osijek-Baranja	0	0	0	0	0	0	7	54	3
Primorje-Gorski Kotar	12	46	4	10	106	0	0	0	0
Sisak-Moslavina	10	73	6	2	20	3	2	24	2
Split-Dalmatia	30	187	11	4	24	4	2	0	0
Sibenik-Knin	30	330	17	0	0	0	0	0	0
Varazdin	1	0	1	1	0	0	0	0	0
Virovitica-Podravina	2	0	0	0	0	0	3	32	3
Vukovar-Syrmia	0	0	0	0	0	0	4	12	1
Zadar	26	154	16	3	12	1	1	0	0
Zagreb	2	21	3	0	0	0	1	0	0
Total number	267	2120	185	174	1053	65	48	276	14

The current state of endangerment of local breeds cattle is shown in Table 2. According to the Croatian Agency for Agriculture and Food (CAAF, 2020), it is visible that value of the effective population size of the SSP is the lowest among those three breeds, and amounts 56.92. Slavonian-Syrmanian Podolian Cattle by FAO (2013) is recognized as a vulnerable breed. Looking at the numerical indicators of the SSP over the last ten years (Figure 2), a positive trend can be seen. From 2010 to 2019, the number of cows increased from 143 to 276, while the number of bulls remained unchanged (14). In the same period, the effective size of the population increased from 51.01 to 53.18.

Table 2 Endangerment classes of local breeds cattle in Croatia for 2020 (CAAF, 2020)

Local breed	Herds	$N_m$	$N_f$	$N_e$	Endangerment class (FAO, 2013)
Busha	271	186	2.125	684.11	endangered - maintained
Istrian cattle	174	65	1.053	244.88	endangered - maintained
Slavonian-Syrmanian Podolian Cattle	49	15	278	56.92	vulnerable

$N_m$  – number of breeding males,  $N_f$  – number of breeding females,  $N_e$  – effective population size

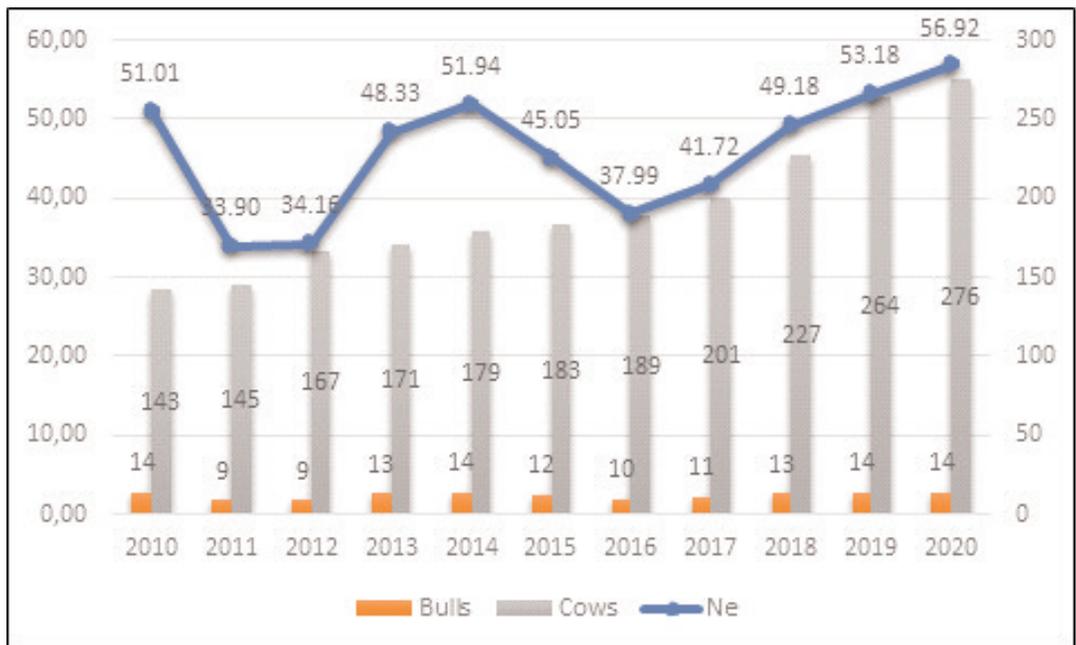


Figure 2: Movement of effective population size and reproductively capable individuals of Slavonian-Syrmanian Podolian cows through ten years (CAAF, 2020; Ministry of Agriculture, 2021)

## **Conclusion and recommendation**

Based on the presented results, little progress is visible in preserving the Slavonian-Syrmian Podolian Cattle. There has been more interest in breeding of this breed, and the number of herds and cows has increased in recent years. There has also been an increase in the effective population size, and a change in vulnerability status in positive better way. Despite the spread of interest in the Slavonian-Syrmian Podolian Cattle in other counties of the Republic of Croatia, this breed is still most represented in its eastern counties. In order for this positive trend to continue, it is necessary to put more effort in designing a gastronomic offer, and designing cultural and educational events where Slavonian-Syrmian Podolian Cattle could be more involved.

## **References**

- BARAĆ, Z. – BEDRICA, L. J. – ČAČIĆ, M. – DRAŽIĆ, M. – DADIĆ, M. – ERNOIĆ, M. – FURY, M. – HORVATH, Š. – IVANKOVIĆ, A. – JANJEČIĆ, Z. – JEREMIĆ, J. – KEZIĆ, N. – MARKOVIĆ, D. – MIOČ, B. – OZIMEC, R. – PETANJEK, D. – POLJAK, F. – PRPIĆ, Z. – SINDIČIĆ, M. (2011): Green Book of Indigenous Breeds of Croatia. Ministry of Environmental and Nature Protection, State Institute for Nature Protection, Croatian Agricultural Agency, Krka National Park, COAST, UNDP, GEF, Republic of Croatia, Zagreb
- CAAF (2020): Croatian Agency for Agriculture and Food - Annual reports. Zagreb (available at: <https://www.hapih.hr/>)
- GANDINI, G. C. – VILLA, E. (2003): Analysis of the cultural value of local livestock breeds: a methodology. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 120: 1–11.
- MINISTRY OF AGRICULTURE (2021): National program for the preservation of native and endangered breeds of domestic animals in the Republic of Croatia 2021 – 2025. Zagreb. Croatia
- RAMLJAK, J. – IVANKOVIĆ, A. – VEIT-KENSCH, C. E. – FÖRSTER, M. – MEĐUGORAC, I. (2011): Analysis of genetic and cultural conservation value of three indigenous Croatian cattle .breeds in a local and global context. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 128(1): 73–84.



## Vergleich zweier Nachfolgerassen des Zaupel-Schafs, Cikta und Bovec, basierend auf ihren mtDNS CR-Sequenzen

HEINZ, Maria Natasha<sup>1</sup> – ZABAVNIK PIANO, Jelka<sup>2</sup> – ZENKE, Petra<sup>1</sup> – KOVÁCS, Endre<sup>1</sup> – SÁFÁR, László<sup>3</sup> – BECSKEI, Zsolt<sup>4</sup> – MARÓTI-AGÓTS, Ákos<sup>1</sup> – GÁSPÁRDY, András<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institut für Tierzucht, Tierernährung und Labortierkunde, Veterinärmedizinische Universität Budapest, 1078 Budapest, István Str. 2, Ungarn

<sup>2</sup>Lehrstuhl für Biochemie, Molekularbiologie und Genetik, Tierärztliche Fakultät, Ljubljana Universität, 1000 Ljubljana, Gerbičeva 60, Slowenien

<sup>3</sup>Verband für Ungarische Schaf- und Ziegenzüchter, 1134 Budapest, Lőportár Str. 16, Ungarn

<sup>4</sup>Lehrstuhl für Tierzucht und Genetik, Tierärztliche Fakultät, Belgrad Universität, 11000 Belgrad, Bulevaroslobodenja 18, Serbien

\*Korrespondenzautor-E-Mail: [gaspardy.andras@univet.hu](mailto:gaspardy.andras@univet.hu)

### Zusammenfassung

Ziel dieser Studie ist es, einen genetischen Hintergrund und die Abstammung der autochthonen Schafrassen zu erhalten und dieses Wissen in der genetischen Datenbank zu bewahren. In dieser Studie liegt der Fokus auf dem Vergleich des Cikta und des Bovec. Dazu wurde ihr Erbgut mit Hilfe der Kontrollregion in der mtDNS verglichen. Zwischen 2015 und 2017 wurden aus 70 Cikta (Ungarn) und 21 Bovec (Slowenien) biologische Proben entnommen.

Im Vergleich von Cikta und Bovec betrug die Gesamtzahl der polymorphen Stellen 118 (die Anzahl der gemeinsamen Mutationen betrug 42), was eine signifikante genetische Identität zwischen den Rassen zeigt. Das Ergebnis des D-Tests von Tajima war  $-0,2639$  und zeigte keine Signifikanz ( $P > 0,10$ ) sowie der negative Wert der Fs-Statistik von FU ( $-1,1404$ ,  $P = 0,058$ ), der ebenfalls als nicht signifikant angesehen wird. Eine Abweichung gefährdet die untersuchte Gemeinschaft der Zaupel-Derivate nicht. Sie befinden sich im genetischen Gleichgewicht. Diese Studie bestätigt die gemeinsame Abstammung von Cikta und Bovec, die für ihre Zuchtgeschichte bekannt sind.

Schlüsselwörter: Zaupel, Cikta, Bovec, mtDNS Kontrollregion

### Einleitung

Der Erhalt genetischer Vielfalt, ist ein wichtiger Aspekt um sowohl gesunde als auch resistente Tiere her vorzubringen. Um dieses Ziel zu erreichen, versucht man autochthone Rassen wiederherzustellen, Standardrassen zu kreuzen und ihre Gesundheit sowie Widerstandsfähigkeit für zukünftige Produktionen zu erhöhen. Aus diesem Grund haben wir Blutproben von mehreren Individuen einer Herde untersucht, von denen

man annahm, dass sie mit dem ausgestorbenen Zaupel verwandt sind. Bei dem ausgestorbenen Zaupel z.B. es gibt einen gewissen Kreis heute lebender Rassen, der als engste Nachkommen anerkannt wird. Es umfasst das Cikta-Schaf, das Bovec-Schaf, das Bergschaf und das Bayerische Waldschaf. Konkret basierte unsere frühere, umfassende Untersuchung auf dem Vergleich der mutierten nuklearen (Mikrosatelliten, KOVÁCS et al., 2019) und mitochondrialen (Zytochrom b Gen, KOVÁCS et al., 2020a; Kontrollregion, KOVÁCS et al., 2020b) Material innerhalb der Rasse Cikta. Daher ist nun der Vergleich innerhalb der Rassen essenziell. Die phänotypischen Ähnlichkeiten sowie die Veränderungen in der DNS gaben uns die Möglichkeit, die gemeinsame Abstammung zu kontrollieren und anschließend die Entwicklung der Schafrassen zu studieren.

In unserem Fall wurde das autochthone Cikta-Schaf als Nachkomme des Zaupel-Schafs verwendet. Im Mittelalter war das Zaupelschaf nicht nur das am weitesten verbreitete Schaf Europas, sondern wurde auch am häufigsten für die drei lebensnotwendigen Produkte verwendet: Fleisch, Wolle und Milch. Ziel unserer Studie ist es, die Nachkommen der Zaupel-Schafe zunächst anhand ihrer phänotypischen Merkmale zu erkennen und zu extrahieren, sie dann aber anhand ihrer genetischen Komponenten zu verifizieren. Dazu sollen mit Hilfe modernster Gentechnik gleiche Abstammung nachgewiesen und auf die gemeinsame Herkunft geschlossen werden. Um dies zu ermöglichen, haben wir die Unterschiede im mütterlichen Erbgut von zwei der drei bekannten Zaupel-Nachkommen untersucht: Cikta und Bovec. Dazu wurde die Sequenzreihenfolge der variablen CR der mtDNS untersucht und anschließend genauer ausgewertet. Anhand unserer Ergebnisse möchten wir die gleiche genetische Abstammung der verschiedenen historischen Rassen nachweisen. Ziel ist es aber vor allem, eine Grundlage für die weitere Untersuchung der genetischen Eigenschaften der Zaupel-Derivate zu schaffen, um in Zukunft in diesem Bereich intensiver forschen zu können.

## **Materialien und Methoden**

Im Jahr 2015 wurde von drei Herden, verschiedener Standorte, eine bestimmte Anzahl von Individuen ausgewählt. Der erste Privatbetrieb wird geführt von Herrn T. Nagy in Pénteszgyőr, der 11 Schaffamilien besitzt. Der zweite private Bauernhof gehört Herrn J. János in Szécsénke und besitzt 5 Schaffamilien. Die dritte Farm ist der staatliche Duna-Dráva-Nationalpark in Nagydorog mit 20 Schaffamilien. Jedes Tier wurde sorgfältig nach Mutterschaft (mütterlichen Linien) ausgewählt. Die Schafe besitzen eine 6-5-4 Ahnengeneration, die auf die 36 ältesten Schaffamilien zurückführbar sind. Die Proben wurden im Herbst 2015 gesammelt. Aus jeder Urfamilie wurden zwei Vertreter für die Probensammlung ausgewählt, sodass eine Gesamtzahl von 70 Exemplaren übrigblieb (RABE, 2017). Die zweite in dieser Studie untersuchte Vergleichsrasse war das Bovec-Schaf. Diese Proben wurden einer Herde in Slowenien entnommen. Dazu wurde von 21 Tieren Blut genommen. Es wurde sichergestellt, dass der reinrassige Stammbaum der Tiere seit drei Generationen besteht. Die reinen männlichen Bovec-Schafe stammen alle von verschiedenen Muttertieren ab und gelten als potenzielle Zuchtböcke, die regelmäßig in das Prion-Genotypisierungsprogramm aufgenommen werden. Dies geschieht auf Anordnung des Ministeriums für Landwirtschaft, Forsten und Ernährung der Republik Slowenien.

Das Blut wurde aus der Jugularvene entnommen und in einem EDTA-Blutröhrchen aufbewahrt.

Gemäß den Anweisungen des Herstellers wurde die mtDNS unter Verwendung des SIGMA GenElute Blood Genomic DNA Kits isoliert. Der Kontrollregion wurde zwei von HIENDLEDER et al. (1998) und GÁSPÁRDY et al. (2021) entworfenen Primerpaare zugewiesen. Ein programmierbares Thermal Cycler 2720 PCR-Instrument (Applied Biosystem) wurde verwendet, um das DNA-Segment zu amplifizieren.

Die Sanger-Sequenzierung der Kontrollregion wurde in beide Richtungen durchgeführt, was zur Bewertung einer 1180-bp-Region (15437–16616) aus 91 Probe führte. Die resultierenden Sequenzen wurden mit MEGAX abgeglichen (KUMAR et al., 2018).

Mit der Software DnaSP v6.0 haben wir die Anzahl der polymorphen Stellen in der gesamten Probe bestimmt und die mittlere Nukleotiddifferenz innerhalb und zwischen den Herden berechnet (ROZAS et al., 2017). Wir verwendeten zur weiteren statistischen Verarbeitung den von FU und LI vorgeschlagenen Test (FU und LI, 1993), die JUKES und CANTOR-Methode (JUKES und CANTOR, 1969) sowie der TAJIMA-Test (TAJIMA, 1989). Die Rassenverteilung der CR-Haplotypen wurde mit der Software Network 10.2.00 (fluxus-engineering.com; BANDELT et al., 1999) aufgezeichnet.

## Ergebnisse und Auswertung

Tabelle 1 zeigt die bewerteten Individuen und deren Mutationen in jeder Rasse.

Tabelle 1. Individuen und Mutationen pro Rasse

Parameter	Cikta	Bovec
Anzahl der ausgewerteten Sequenzen	70	21
Anzahl polymorpher Stellen (Mutationen)	108	52

Bezüglich der Gesamtpopulation, unter Ausschluss von Alignment-Lücken, beträgt die Anzahl der ausgewerteten Stellen im CR-Genom 1180. Im Vergleich dazu betrug die Anzahl der polymorphen (mutierten) Basen 118. Die Mutationen sind in der Cikta-Population polymorph, jedoch mit insgesamt 66 monomorph in der Bovec-Population. Die Mutation in der Bovec-Population war polymorph, aber in der Cikta-Population mit insgesamt 10 monomorph.

Tabelle 2 zeigt, dass jede der Indikatoren Aufschluss über den Diversitätsgrad innerhalb einer Population gibt.

Wir können daraus schließen, dass die Population von Cikta und Bovec 42 polymorphe Stellen miteinander teilt. Daher kann die genetische Identität zwischen den Rassen als signifikant angesehen werden.

Tabelle 2: Werte von k und  $\pi$  pro Rasse

Parameter	Cikta	Bovec
Durchschnittliche Anzahl von Nukleotidunterschieden,	21,251	17,152
Nukleotid-Diversität, $\pi$	$18,02 \cdot 10^{-3}$	$14,55 \cdot 10^{-3}$
Durchschnittliche Nukleotiddiversität nach Jukes und Cantor, $\pi$ (JC)	$18,37 \cdot 10^{-3}$	$14,81 \cdot 10^{-3}$
Standardabweichung von $\pi$ (JC)	$1,86 \cdot 10^{-3}$	$2,29 \cdot 10^{-3}$

Die Gesamtzahl der (Einzel-)Sequenzen betrug insgesamt 91, während die durchschnittliche Nukleotiddiversität ( $\pi$ ) 0,01814 betrug. Dies bestimmt die genomische Vielfalt von Individuen zwischen Rassen. Die Nukleotiddiversität ( $\pi$ ) ist die Anzahl verschiedener Nukleotide an einer bestimmten Basenstelle in zwei zufälligen Chromosomen einer Population.

Es ist offensichtlich, dass die Cikta-Herde als die Population mit der größeren Diversität und höhere Anzahl durchschnittlicher Nukleotidunterschiede (21,251) und einer Nukleotiddiversität ( $18,02 \cdot 10^{-3}$ ) gekennzeichnet ist. Im Vergleich dazu waren die Werte in Bovec mit einer durchschnittlichen Nukleotiddifferenz von 17,152 und einer Nukleotiddiversität von  $14,55 \cdot 10^{-3}$  niedriger.

Die Überprüfung der durchschnittlichen Anzahl von Nukleotidunterschieden (k) und der Nukleotiddiversität ( $\pi$ ) ist besonders nützlich bei der Beurteilung verschiedener Populationen.

Tabelle 3 zeigt die Ergebnisse der durchschnittlichen Zählung der Nukleotidunterschiede (k) und der Nukleotiddiversität ( $\pi$ ) beim Vergleich der Rassen.

Tabelle 3. Ergebnisse von k und  $\pi$  im Rassevergleich

Parameter	Zwischen Cikta und Bovec
Durchschnittliche Anzahl der Nukleotidunterschiede, k	22,204
Durchschnittliche Nukleotiddiversität, $\pi$	$18,14 \cdot 10^{-3}$
Durchschnittliche Anzahl von Nukleotid-Substitutionen pro Seite zwischen den Rassen, Dxy	$18,83 \cdot 10^{-3}$
Durchschnittliche Nukleotiddiversität nach Jukes und Cantor, Dxy (JC)	$19,18 \cdot 10^{-3}$
Standardabweichung von Dxy (JC)	$2,36 \cdot 10^{-3}$

Im Vergleich von Cikta und Bovec beträgt die durchschnittliche Zahl der Nukleotidunterschieden 22,204. Bei den korrigierten Zahlen nach JUKES und CANTOR (Dxy (JC)) betragen die Basensubsti-

tutionen  $19,18 \cdot 10^{-3}$ , mit einer Standardabweichung von  $2,36 \cdot 10^{-3}$ .

Die durchschnittliche Zahl der gepaarten Nukleotidunterschiede ( $k$ ) erreichte 21,383 und die Nukleotid-Vielfalt ( $\pi$ ) betrug  $18,14 \cdot 10^{-3}$ .

Die Gesamtzahl der Haplotypen betrug 40. Davon befanden sich 29 in Cikta und 11 in Bovec, sodass derselbe Haplotyp in den beiden Rassen nicht zusammen vorkam. Die Haplotyp-Diversität ( $H_d$ ) betrug 0,714 mit einer Standardabweichung von 0,0054.

Die Ergebnisse des Tajima D-Tests ergaben -0,2639, was statistisch nicht signifikant ist ( $P > 0,10$ ). Wir können daraus schließen, dass die Rassen als Mitglieder derselben gemeinsamen Population betrachtet werden, welche im Gleichgewicht ist. Ein signifikant negatives Ergebnis wäre ein Indikator für kürzlich aufgetretene selektive Mutationen, die auf eine Expansion der Population nach einem kürzlich erfolgten Engpass schließen. Wohingegen ein signifikant positives Ergebnis ein Indikator für eine genetische Verengung und/oder eine Fragmentierung in Subpopulationen ist.

Die Ergebnisse des  $F_U$  &  $LID^*$ -Tests ergaben den Wert 1,4890, der mit  $P > 0,10$  als unbedeutend angesehen wird. Das Ergebnis des  $F^*$ -Test von  $F_U$  und  $LIS$  war 0,8657, was als nicht signifikant ( $P > 0,10$ ) in der Gesamtpopulation befunden wird.

Die  $F_s$ -Statistik von  $F_U$  lag bei -1,404 ( $P = 0,058$ ), was ebenfalls annähernd, jedoch nicht signifikant ( $P > 0,05$ ) ist. Ein signifikant negativer Wert ist ein Hinweis auf eine übermäßige Anzahl von Allelen, die in einer kürzlichen Populationsexpansion oder einem genetischen Drift zu erwarten ist. Hingegen ist ein positiver Wert ein Beweis für einen Mangel an Allelen, der sich durch einen kürzlich aufgetretenen Flaschenhalseffekt in einer Population zeigt.

Abbildung 1 zeigt die CR-Haplotypen der Cikta-Schafe (gelb) und der Bovec-Schafe (blau) basierend auf deren informativen Mutationen. Die Größe der Kreise hängt von der Anzahl der Individuen ab, die einen Haplotyp repräsentieren. Bei der Rasse Cikta behalten wir unsere untersuchten Herden (Szécsénke, Pénteszgyőr und Nagydorog) im Auge. Es ist gut sichtbar, dass diese Cikta-Haplotypen hauptsächlich nahe beieinander liegen, gleichzeitig jedoch auch nahe der Haplogruppe B der GenBank. Die Haplotypen der Bovec-Rasse bilden eine andere, jedoch eng verwandte Gruppe bezüglich der Vertreter der Haplogruppe B der GenBank. Ausnahmen sind Individuen der Haplogruppe A und insbesondere der Haplogruppen E und C. Die Haplotypen von Urial (schwarz) und Argali (schwarz) liegen weit entfernt von Bovec und Cikta, was eine sehr distanzierte Verbindung zueinander zeigt. Das Mufflon (schwarz) ist in der Nähe der Cikta-Gruppen abgebildet, was eine engere Verwandtschaft dieser Rassen zeigt.

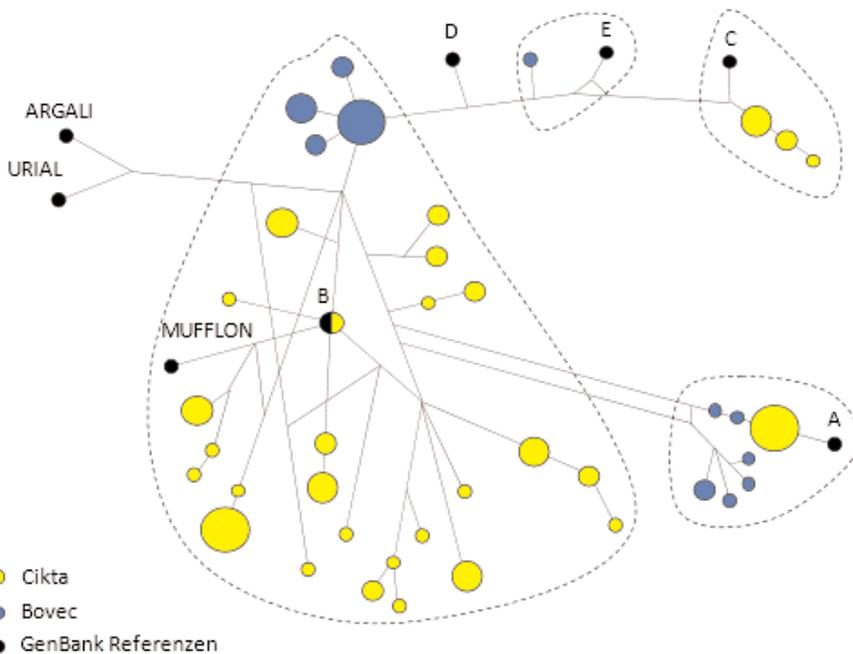


Abbildung 1. Beziehung zwischen der untersuchten CR Haplotypen und der Referenz-CR Haplogruppen (schwarz; A-HM236174, B-HM236176, C-HM236178, D-HM236180, E-HM236182 MEADOWS et al., 2005 und O. musimon Mufflon HM236184, O. ammon Argali HM236188, O. vignei Urial HM236186 HIENDLEDER et al., 2002) als Median-Joining Network (siehe Legende im Text). Die gestrichelte Linie zeigt die Ausdehnung der Haplogruppen.

## Schlussfolgerung und Empfehlungen

Heutzutage ist es entscheidend, so viel genetisches Material verschiedener Rassen wie möglich zu gewinnen und zu reinstallieren. Dies kann nicht nur dazu beitragen, die Leistung und Widerstandsfähigkeit gegen Krankheiten zu erhöhen, sondern auch genetische Fehlzüchtungen zu reduzieren, die oft zu vererbaren Krankheiten führen. Diese Studie hilft, die Gene von Schafressen nicht nur zu erhalten, sondern zu rekonstruieren mit dem Ziel, die Urschafe so ähnlich wie möglich den historischen Dokumentationen nahezukommen.

Die Zahlen zeigen, dass die Populationen von Cikta und Bovec 42 polymorphe Punkte teilen. Abschließend wurden in unserer Studie mitochondriale Teilsequenzen von 70 Individuen der Cikta-Schafe aus Ungarn und 21 Bovec-Schafen aus der Slowakei untersucht. Hinsichtlich der Nukleotid- und Haplotyp-Diversität beim Cikta ist eine genetische Verdichtung zu erkennen. Diese Auswirkung ist auf den Flaschenhalseffekt zurückzuführen, der in der Vergangenheit aufgetreten sein muss. Die Anzahl der paarweisen Nukleotidunterschiede ist jedoch relativ signifikant. Es wird vermutet, dass es in den einzelnen Betrieben Unterschiede in den genetischen Merkmalen der Schaffamilien gibt.

Für unsere Züchter ist es nach wie vor von großer Bedeutung, auch in Zukunft gemeinsame Gene innerhalb der Zaupel-Nachfolger zu finden. Dieses Ziel bedarf jedoch weiterer Forschung.

## Danksagung

Diese Arbeit basiert auf der Diplomarbeit von Maria Natasha Heinz "Comparison of two Zaupel Sheep descendants, Cikta and Bovec, based on their mtDNS sequences" und wurde auf der Scientific Student Circle Conference am 17.11.2021 präsentiert.

Durchführung und Datenverarbeitung von genetischen Untersuchungen wurden durch die Unterstützung der Europäischen Union, kofinanziert vom Europäischen Fonds für regionale Entwicklung (ERFA) (Finanzhilfvereinbarungsnummer: VEKOP-2.3.2.-16-2016-00012, „Wissenschaftliche Grundlage und Entwicklung der Genbankstrategie des 21. Jahrhunderts für einheimische Nutztierarten, Rassen und Ökotypen im Karpatenbecken“) und von der Slowenischen Forschungsagentur (PS-0053) realisiert.

## Literaturverzeichnis

- BANDELT, H. – FORSTER, P. – RÖHL, A. (1999): Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Mol. Biol. Evol.*, 16(1), 37–48.
- FU, Y.X. – LI, W.H. (1993): Statistical tests of neutrality of mutations. *Genetics*, 133(3), 693–709.
- GÁSPÁRDY, A. – BERGER, B. – ZABAVNIK-PIANO, J. – KOVÁCS, E. – ANNUS, K. – ZENKE, P. – SÁFÁR, L. – MARÓTI-AGÓTS, Á. (2021): Comparison of mtDNA control region among descendant breeds of the extinct Zaupel sheep revealed haplogroup C and D in Central Europe. *Vet. Med. Sci.*, 7, 2330–2338. DOI: 10.1002/vms3.585
- HIENDLEDER, S. – LEWALSKI, H. – WASSMUTH, R. – JANKE, A. (1998): The Complete Mitochondrial DNA Sequence of the Domestic Sheep (*Ovis aries*) and Comparison with the Other Major Ovine Haplotype. *J. Mol. Evol.*, 47, 441–448. DOI: 10.1007/PL00006401
- HIENDLEDER, S. – KAUPÉ, B. – WASSMUTH, R. – JANKE, A. (2002): Molecular analysis of wild and domestic sheep questions current nomenclature and provides evidence for domestication from two different subspecies. *Proc. Royal Soc. B*, 269, 893–904. DOI: 10.1098/rspb.2002.1975
- JUKES, T.H. – CANTOR, C.R. (1969): Evolution of protein molecules. In *Mammalian protein metabolism*, III., Munro, H.N., Ed.; Academic Press: New York, USA,; pp. 21–132.
- KOVÁCS, E. – TEMPFLI, K. – SHANNON, A. – ZENKE, P. – MARÓTI-AGÓTS, Á. – SÁFÁR, L. – BALI PAPP, Á. – GÁSPÁRDY, A. (2019): STR diversity of a historical sheep breed bottlenecked, the Cikta. *J. Anim. Plant Sci.*, 29:1, 41–47.
- KOVÁCS, E. – HARMAT, L. – TEMPFLI, K. – SÁFÁR, L. – BECSKEI, ZS. – MARÓTI-AGÓTS, Á. – GÁSPÁRDY, A. (2020a): Results of the sequence analysis of the mitochondrial gene Cyt-b from Cikta sheep (in German with English summary). *Danub. Anim. Genet. Resour.*, 5:1., 19–25.
- KOVÁCS, E. – MARÓTI-AGÓTS, Á. – HARMAT, L. – ANNUS, K. – ZENKE, P. – TEMPFLI, K. – SÁFÁR, L. – GÁSPÁRDY, A. (2020b): Characterisation of Hungarian Cikta sheep based on the control

- region of mtDNA (in Hungarian with English summary).  
*Magy. Allatorvosok Lapja*, 142:7., 421–428.
- KUMAR, S. – STECHER, G. – LI, M. – KNYAZ, C. – TAMURA, K. (2018): MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. *Mol. Biol. Evol.*, 35, 1547–1549. DOI: 10.1093/molbev/msy096
- MEADOWS, J.R.S. – LI, K. – KANTANEN, J. – TAPIO, M. – SIPOS, W. – PARDESHI, V. – GUPTA, V. – CALVO, J.H. – WHAN, V. – NORRIS, B. – KIJAS, J.W. (2005): Mitochondrial sequence reveals high levels of gene flow between sheep breeds from Asia and Europe. *J. Hered.*, 96, 494–501. DOI: 10.1093/jhered/esi100
- RABE, A. (2017): Genetic Investigations in Hungarian Zaupel Sheep. Thesis. University of Veterinary Medicine Budapest, pp. 38.
- ROZAS, J. – FERRER-MATA, A. – SÁNCHEZ-DELBARRIO, J.C. – GUIRAO-RICO, S. – LIBRADO, P. – RAMOS-ONSINS, S.E. – SÁNCHEZ-GRACIA, A. (2017): DnaSP 6: DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Datasets. *Mol. Biol. Evol.*, 34, 3299–3302. DOI: 10.1093/molbev/msx248
- TAJIMA, F. (1989): Statistical Method for Testing the Neutral Mutation Hypothesis by DNA Polymorphism. *Genetics*, 123(3), 585–595.

## **Comparison of two Zaupel sheep successor breeds, Cikta and Bovec, based on their mtDNA CR sequences**

### **Abstract**

The goal of this study is to obtain a genetic background and ancestry of the autochthonous sheep breeds, and to preserve this knowledge in the genetic databank. In the case of extinct Zaupel e.g. there is a certain circle of today living breeds which is recognized as its closest descendants. It includes the Cikta sheep, the Bovec sheep, the Bergschaf and the Bavarian Waldschaf. In this study, the focus lies on the comparison of the Cikta and the Bovec. For this purpose, their genetic material was compared, with the help of control region in mtDNA. Biological samples were collected from 70 Cikta (Hungary) and 21 Bovec (Slovenia) between 2015 and 2017.

In comparison of Cikta and Bovec, the total of polymorphic sites was 118 (the number of shared mutations were 42) which shows a significant genetic identity between breeds. The results of the Tajima's D-test was -0.2639, showing no significance ( $P > 0.10$ ) as well as the negative value of Fu's  $F_s$ -statistic (-1.1404,  $P = 0.058$ ) which is also considered to be not significant. A deviation does not endanger the community of Zaupel derivatives investigated. They are in genetic equilibrium. This study confirms the common ancestry of Cikta and Bovec known for their breed history.

Key words: Zaupel, Cikta, Bovec, mtDNA control region



## Descriptive information of Hungarian Chicken's egg production

POSTA, János<sup>1\*</sup> – RÓZSÁNÉ VÁRSZEGI, Zsófia<sup>1</sup> – OLÁH, János<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Department of Animal Husbandry, University of Debrecen, H-4032 Debrecen, Böszörményi str.138, Hungary

<sup>2</sup>Farm and Regional Research Institute of Debrecen, University of Debrecen, H-4032 Debrecen, Böszörményi str.138, Hungary

\*corresponding author: postaj@agr.unideb.hu

### Abstract

The Hungarian Chicken was a good farm animal having good egg production under suitable conditions. The egg production of the Hungarian Yellow, White, Speckled and Partridge Coloured populations of the University of Debrecen Farm and Regional Research Institute of Debrecen was evaluated. Morphological traits (height, width and weight) and some composition parameters (weight of yolk/albumen and eggshell thickness) of the egg were measured during the experimental period. Hungarian Chickens have smaller and more peaked eggs compared to some (semi)-intensive genotypes, though eggshell thickness is similar to those of, what can be important during transportation.

Keywords: Hungarian Chicken, egg production

### Introduction

To the beginning of the 20<sup>th</sup> century, the Hungarian Chicken was supposed to be a good farm animal as they were extraordinarily hard, firm and resistant. The different colour varieties were bred in different part of the country, depending on the natural conditions.

Several investigations were reported from the relationship between egg quality and genotype. PARMAR et al. (2006) found differences among various populations of Kadaknath breed. BÓDI et al. (2015) found that the unselected indigenous Yellow Hungarian chicken was similar or maybe better performance in physical traits (e.g.: egg yolk ratio, eggshell strength) compared to those of selected or layer hybrids.

The aim of this research study was to collect descriptive information about the egg production of the Hungarian Yellow, White, Speckled and Partridge Coloured breeds.

### Material and methods

The egg production of the Hungarian Yellow, White, Speckled and Partridge Coloured populations of the University of Debrecen Farm and Regional Research Institute of Debrecen was evaluated. The experimental data was collected in 2018. Within all weeks, 30 eggs were randomly chosen from the weekly

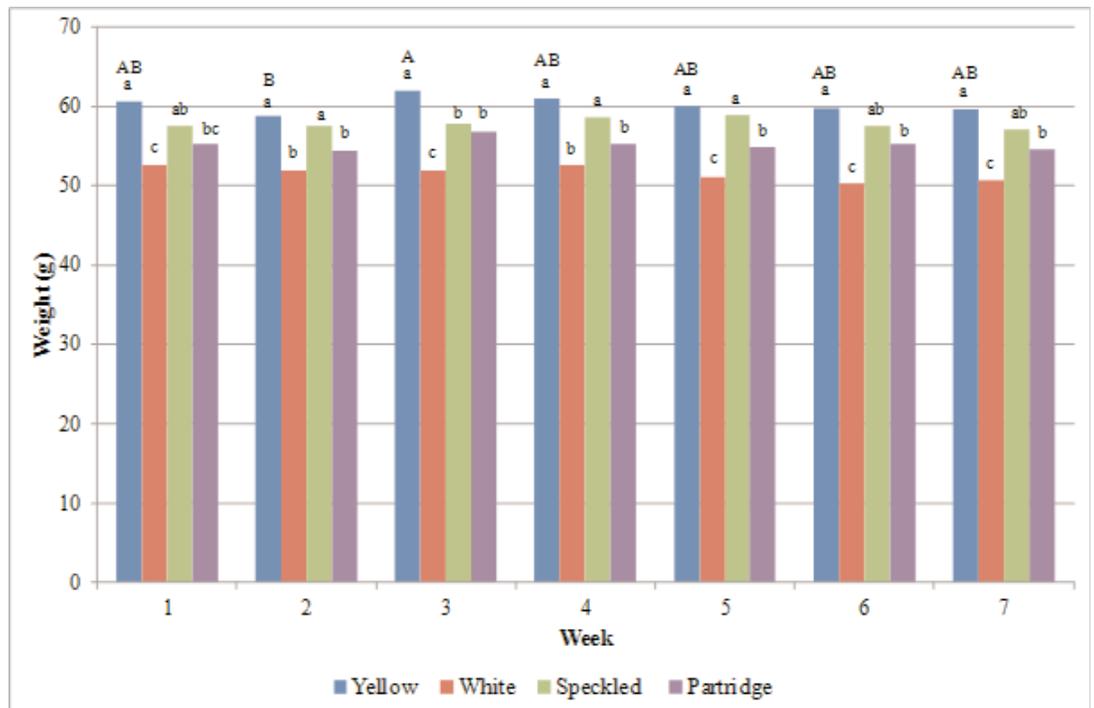
laid eggs and morphological parameters (height, width and weight) were measured. In the next step, five eggs were again randomly chosen among the 30 to measure weight of yolk/albumen and eggshell thickness.

The differences among breeds and weeks of performance were evaluated with analysis of variance. The homogeneity of group variances was checked with Bartlett test, and because of homogenous variances, Tukey-test was used to discover the significance differences ( $P < 0.05$ ) among experimental groups. Statistical analysis was carried out using R software (R Core Team, 2014).

### Results and discussion

There were significant difference among breeds during the experimental period (Figure 1). Hungarian Yellow hens had the heavier eggs during the data collection. Their egg weight differed significantly from White and Partridge coloured hens as their weight was the lowest. There were no significant differences across week for Hungarian Chicken breeds expect in case of Hungarian Yellow where 2<sup>nd</sup> and 3<sup>rd</sup> measurements were differed.

Egg weights of Hungarian Chickens were heavier than it was reported by POSTA et al. (2020) for Transylvanian Naked Neck breeds as well as compared to Kadaknath breed (PARMAR et al., 2006).

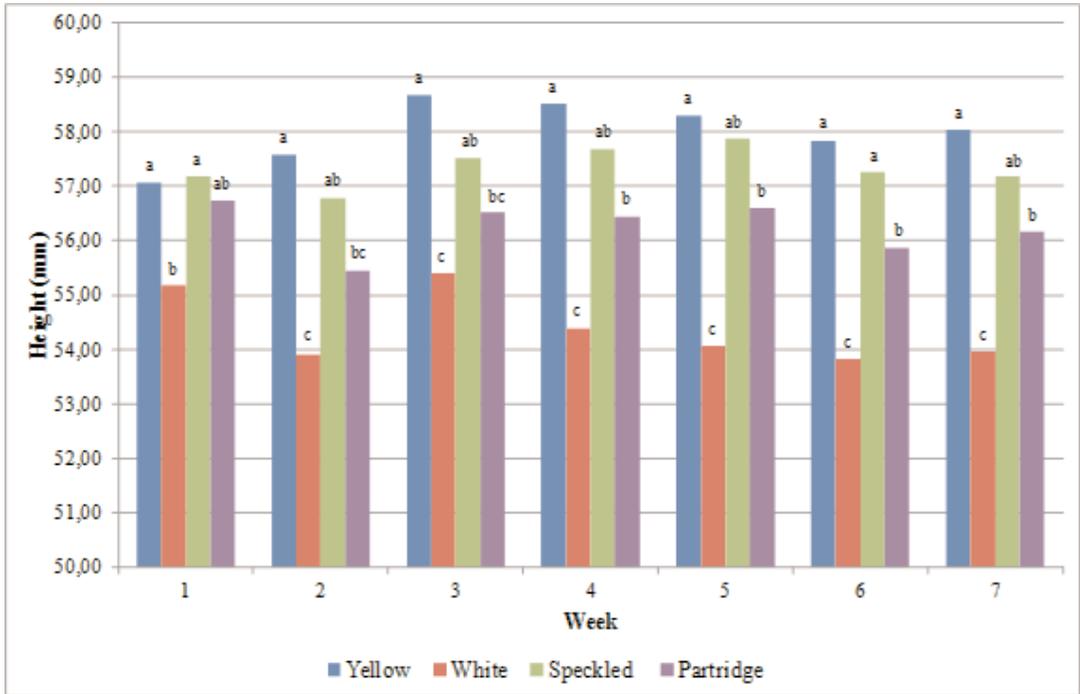


a,b: Significant difference ( $P < 0.05$ ) among breeds within weeks,

A,B: Significant difference ( $P < 0.05$ ) among weeks within breeds

Figure 1: Changing of egg weight during the data collection period

There were no significant differences found for the height of the eggs neither among breeds nor among weeks during the data collection period (Figure 2). Partridge Coloured hens had the smallest eggs while Yellow and Speckled hens egg height was the highest. The average egg height changed within a small interval. Egg height of Partridge Hens was similar to Transylvanian Naked Necks (POSTA et al., 2020) whereas other breeds were slightly higher.

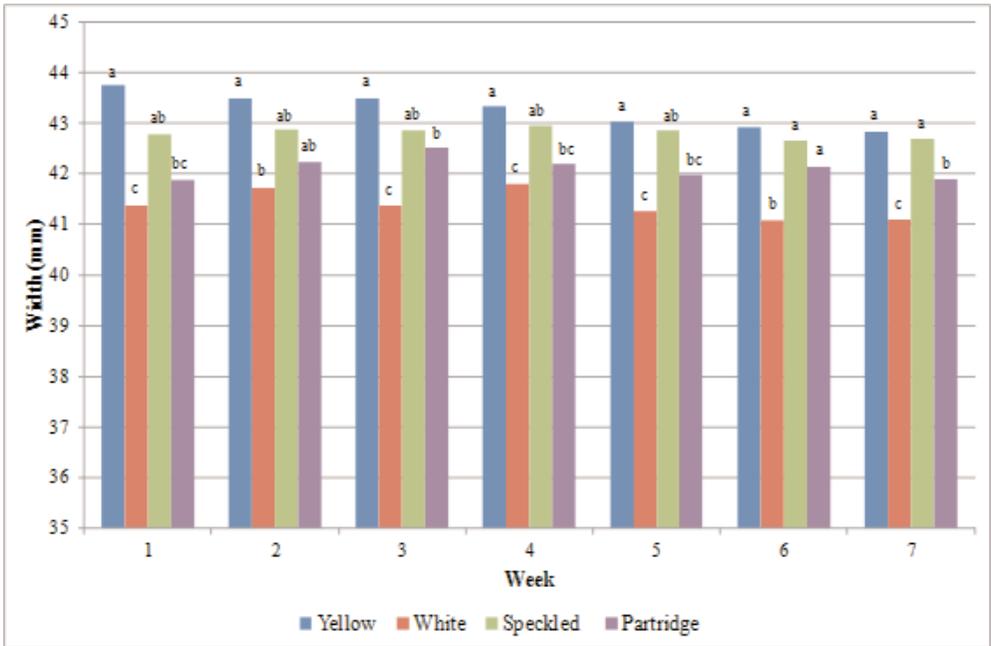


a,b: Significant difference ( $P < 0.05$ ) among breeds within weeks,

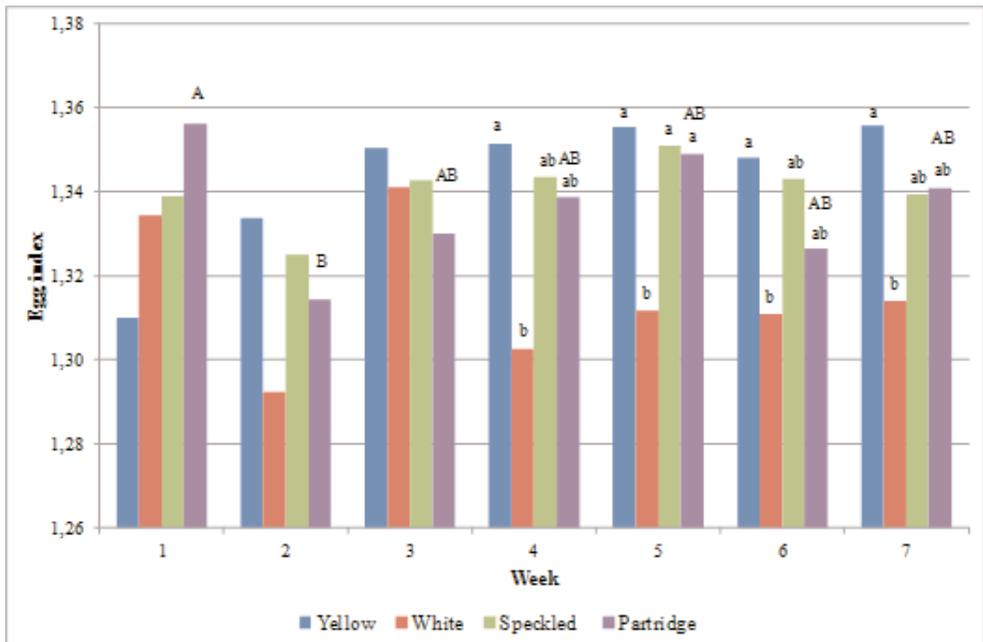
Figure 2: Changing of egg height during the data collection period

The tendency of egg width was quite similar to the height of the eggs (Figure 3). White Hens laid narrower eggs than Yellows during the data collection period. The within breed comparison was not significant, similarly to the height of the eggs. Yellow and Speckled hens laid wider eggs then it was reported for Transylvanian Naked Neck hens (POSTA et al., 2020).

There was no significant difference among breeds for egg index at the beginning of the data collection. Egg index of Yellow Chickens significantly differed from White hens from 4<sup>th</sup> week to the end of data collection (Figure 4). The within breed differences were significant only in the case of Partridge Hens and only between 1<sup>st</sup> and 2<sup>nd</sup> week data. The variance of the egg index was higher than it was estimated for Transylvanian Naked Neck hens having the same environmental conditions (POSTA et al., 2020).



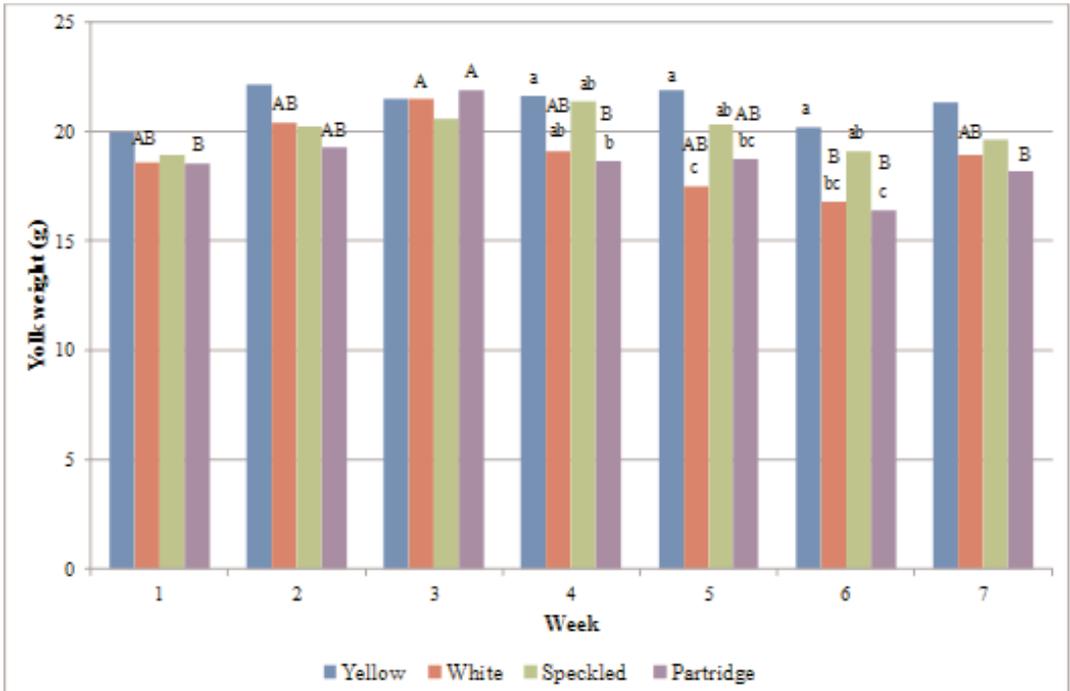
a,b: Significant difference ( $P<0.05$ ) among breeds within weeks,  
 Figure 3: Changing of egg width during the data collection period



a,b: Significant difference ( $P<0.05$ ) among breeds within weeks,  
 A,B: Significant difference ( $P<0.05$ ) among weeks within breeds  
 Figure 4: Changing of egg index during the data collection period

There were no significant differences found for the yolk weight of eggs neither among breeds at the start of data collection (Figure 5). Within breed difference was significant for White and Partridge hens as egg yolk was heavier at the 3<sup>rd</sup> week and lighter at the 6<sup>th</sup> week for both breeds. The among breed comparison showed the dominance of Hungarian Yellow hens. Yellow hens had heavier yolk than it was reported for Transylvanian Naked Neck chicken breeds (POSTA et al., 2020) while other breeds were quite similar to those.

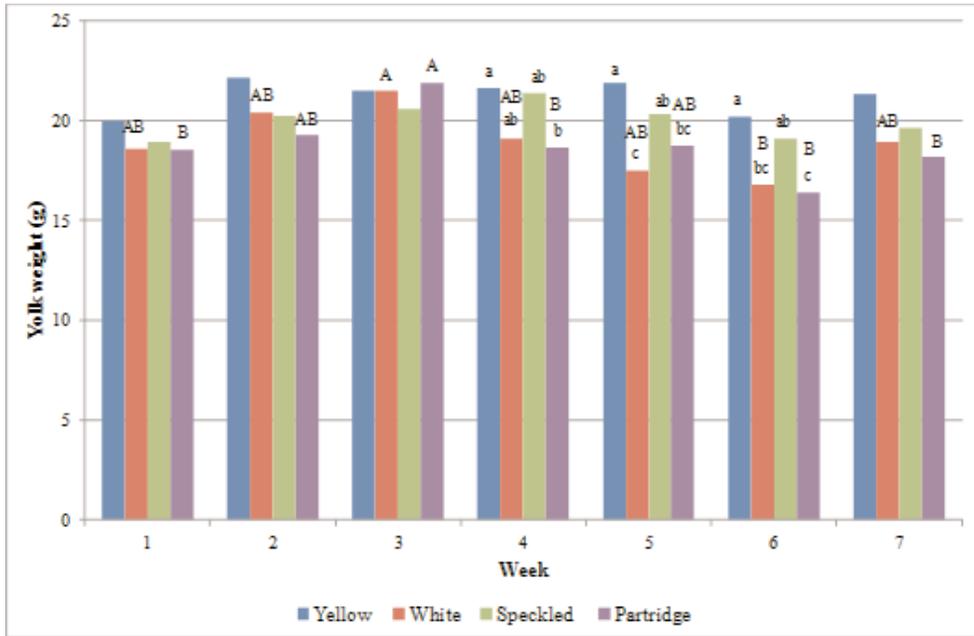
Significant differences were found among breed in the 2<sup>nd</sup> and 5<sup>th</sup> to 7<sup>th</sup> weeks of data collection (Figure 6). White hens produced less albumen during the data collection period than other breeds, whereas Yellow and Speckled had the highest performance. The albumen weights of Hungarian breeds were higher compared to Transylvanian Naked Neck (POSTA et al., 2020) and to PARMAR et al. (2006) results for an Indian indigenous breed. Within breed performance was significant for none of the Hungarian chicken breeds.



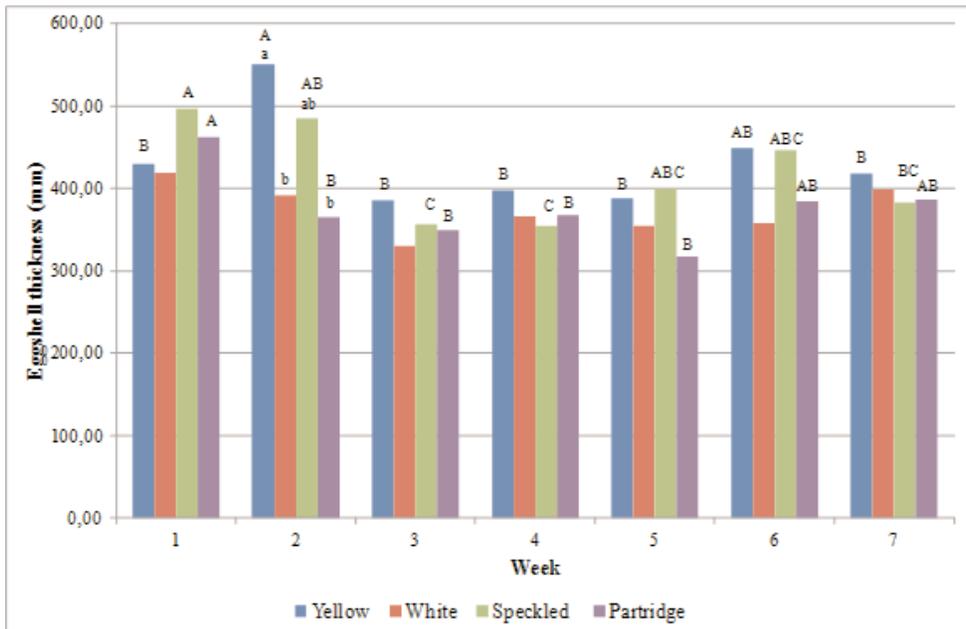
a,b: Significant difference ( $P < 0.05$ ) among breeds within weeks,  
 A,B: Significant difference ( $P < 0.05$ ) among weeks within breeds

Figure 5: Changing of yolk weight during the data collection period

There were significant differences among breeds only in the 2<sup>nd</sup> week as Yellow hens had thicker eggshell compared to the White and Partridge hens (Figure 7). The eggshell thickness of the White hens was not changed significantly during the examined time period. Surprisingly, significant difference was found for 2<sup>nd</sup> week and almost all remaining weeks (except 6<sup>th</sup>) for the Yellow hens, whereas eggshell thickness of Speckled hens between 3<sup>rd</sup> and 4<sup>th</sup> and for Partridge hens from 2<sup>nd</sup> to 4<sup>th</sup> weeks of data collection. Eggshell thickness was in agreement with SZALAY-LENCSEÉS (2004) results reported for Hungarian



a,b: Significant difference ( $P < 0.05$ ) among breeds within weeks,  
 Figure 6: Changing of albumen weight during the data collection period



a,b: Significant difference ( $P < 0.05$ ) among breeds within weeks,  
 A,B: Significant difference ( $P < 0.05$ ) among weeks within breeds  
 Figure 7: Changing of eggshell thickness during the data collection period

indigenous chickens, BÓDI et al. (2015) found for Yellow Hungarian chicken and (semi-)intensive genotypes and to Transylvanian Naked Neck chickens (POSTA et al., 2020). Eggshell thickness was consequently higher for all breeds during the examined time period than it was presented in PARMAR et al. (2006) study for Kadaknath chicken breed.

## **References**

- BÓDI, L. – THIEU NGOC LAN PHUONG – KOVÁCSNÉ GAÁL, K. – KONRÁD, SZ. – BARTA, I. – KISNÉ DO THI DONG XUAN – SZENTES, K. Á. – SZALAY, I. – LENCSEÉS, GY. (2015): Comparing physical quality of eggs between different chicken types. *AWETH Vol 11.2.* p.70-77
- PARMAR, S. N. S. – THAKUR, M. S. – TOMAR, S. S. – PILLAI, P. V. A. (2006): Evaluation of egg quality traits in indigenous Kadaknath breed of poultry. *Livestock Research for Rural Development 18(9)*. <http://www.lrrd.org/lrrd18/9/parm18132.htm>
- POSTA, J. – MAGYAR, A. CS. – RÓZSÁNÉ VÁRSZEGI, ZS. – OLÁH, J. (2020): Descriptive information of Transylvanian Naked Neck hen's egg production. *Danubian Animal Genetic Resources 5 : 1 pp. 27-32.*
- R CORE TEAM (2014): R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <http://www.R-project.org/>.
- SZALAY, I. – LENCSEÉS, GY. (2004): Néhány fizikai paraméter összefüggéseinek vizsgálata különbözőtípusú és fajú háziszárnyasok tojásaiban. *A Baromfi 7(1) 42-47.*



## **Bearbeitung eines Fragebogens zur Förderung der Erhaltung des bedrohten Murnau-Werdenfelser Rindes**

SHELLINGER, Felix<sup>1</sup> – GÁSPÁRDY, András<sup>2\*</sup> – KOVÁCS, Endre<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Tierarztpraxis Felix Dr. Schellinger, Hagener Str. 30, 82418 Murnau, Germany

<sup>2</sup>Institut für Tierzucht, Tierernährung und Labortierkunde, Veterinärmedizinische Universität Budapest, István Str. 2, 1078 Budapest, Ungarn

\*Korrespondenzautor-E-Mail: [gaspardy.andras@univet.hu](mailto:gaspardy.andras@univet.hu)

### **Zusammenfassung**

Das Murnau-Werdenfelser Rind ist eine genügsame und elegante Rasse, die in den letzten Jahrzehnten nahezu aus den Beständen verschwunden ist. Die Tiere sind mittelrahmig groß, schlank, behornt und mit ihren harten Klauen perfekt an die Umgebung des Voralpenlandes angepasst. Dort wurden die Tiere im Sommer auf den Bergwiesen gehalten, die mit Maschinen nur schwer zugänglich waren. Neben den Vorteilen wie der Nutzung als Naturschutz-Arbeitstiere um den Erhalt der Bergwiesen, welche durch das jährliche Abgrasen von Wildwuchs und Verbuschung geschützt wurden und somit das Landschaftsbild des Voralpenraums bewahrte, kamen die Nachteile der Rasse immer mehr in den Vordergrund. Der Unterschied der Milchleistung der Murnau-Werdenfelser Rinder im Vergleich zu moderneren Milchleistungsrassen wurde immer größer, was dazu führte, dass immer mehr landwirtschaftliche Betriebe die Traditionsrasse aufgaben und damit begannen, die Rasse meist mit Braunvieh oder Fleckvieh herauszukreuzen.

Um verschiedenste aktuelle Daten und Einschätzungen über den Stand der vom Aussterben bedrohten Rasse der Murnau-Werdenfelser zu ermitteln, wurde von uns ein Fragebogen entwickelt.

Die Umfrage hat uns deutlich gemacht, dass viele der Landwirte sich sehen, dass durch gezielte Förderung speziell für vom Aussterben bedrohte Rinderrassen für die geringeren Leistungen (Milch, Fleisch) zu entschädigen werden können, allerdings fordern sie noch gesteigerte staatliche Fördermaßnahmen an.

Schlüsselwörter: Murnau-Werdenfelser, Fragebogen, Dreinutzungsrasse

### **Einleitung**

Das Murnau-Werdenfelser Rind, auch „Oberländer“ genannt, von den Bauern als robust, genügsam und elegant beschrieben, ist eine Rasse, die in den letzten Jahrzehnten nahezu aus den Beständen verschwunden ist. Die Tiere sind mittelrahmig groß, schlank, behornt und mit ihren harten Klauen perfekt an die Umgebung des Voralpenlandes angepasst. Dort wurden die Tiere im Sommer auf den Bergwiesen gehalten, die mit Maschinen nur schwer zugänglich waren. Sie konnten auch schlechteres Futter verwerten.

Neben den Vorteilen wie der Nutzung als Naturschutz-Arbeitstiere um den Erhalt der Bergwiesen, welche durch das jährliche Abgrasen von Wildwuchs und Verbuschung geschützt wurden und somit das Landschaftsbild des Voralpenraums bewahrte, kamen die Nachteile der Rasse immer mehr in den Vordergrund. Der Unterschied der Milchleistung der Murnau-Werdenfelser Rinder im Vergleich zu moderneren Milchleistungsrassen wurde immer größer, was dazu führte, dass immer mehr landwirtschaftliche Betriebe die Traditionsrasse aufgaben und damit begannen, die Rasse meist mit Braunvieh oder Fleckvieh herauszukreuzen. Auch die Nachfrage nach einer immer größeren Menge an billig produzierten Lebensmitteln drängte die Bauern zum wirtschaftlichen Umdenken. Nach und nach verschwanden Klein- und Kleinstbetriebe, welche oft nur wenige Tiere hielten. Größere Betriebe mussten ihr Konzept ändern um weiterhin dem wirtschaftlichen Konkurrenzdruck standhalten zu können und setzten auf Rassen mit einer Prävalenz auf Milch- oder Fleischgewinnung. Das Dreinutzungs- und Dreinutzungsmodell der Murnau-Werdenfelser, das sich durch Milch, Fleisch und Arbeit auszeichnete, wurde schnell zum Auslaufmodell. Nur noch wenige Landwirte hielten dem Druck stand und züchteten durchgehend Murnau-Werdenfelser Rinder.

1985 war der Tiefpunkt der Rasse, als nur noch zwei landwirtschaftliche Betriebe mit 39 Einzeltieren an der Milchleistungsprüfung der Murnau-Werdenfelser teilnahmen (LKV, 2015). Einige Jahre später wurde man sich der Gefahr des Aussterbens der Rasse bewusst, doch die Anzahl der Tiere war zu gering, um ohne weiteres eine Population aufzubauen. Auch in der Bevölkerung fand ein Umdenken statt und führte zu einer vermehrten Nachfrage nach biologisch einwandfreien Produkten. In der Fachzeitschrift der Vereine und Verbände zur Erhaltung gefährdeter Nutztierassen „Arche Nova“ wurde das Murnau-Werdenfelser Rind zur Rasse des Jahres 2007 ernannt, die aufgrund ihrer speziellen Eigenschaften als Kulturgut erhalten werden muss (KINZELMANN und SCHEDEL, 2006). Im Rahmen eines neuen Projektes zur regionalen Förderung der Rasse sollten die Tierbestandszahlen erhöht, ein Marketingkonzept entwickelt und eine Verbindung zum Tourismus hergestellt werden (TRAUTMANN, 2016).

Der Name des Murnau-Werdenfelser Viehschlags leitet sich nach SPANN (1928) von dem früheren Kloster Murnau und der ehemaligen Grafschaft Werdenfels ab. Der Ursprung der Rasse geht auf die Blütezeit der Klöster Ettal und Murnau zurück. Allerdings gibt es bei dem Ursprung der Rasse und bei deren Kreuzungen unterschiedliche Meinungen. So beschreiben LYDTIN und WERNER (1899), dass der Schlag der Murnau-Werdenfelser von dem „Gelben Tiroler Vieh“ im Oberinntal aus Tierherden des Kloster Stamms abstammt und dann durch unterschiedliche Einkreuzungen mit Braunvieh, insbesondere aber auch mit Montavoner, Graubündner und Allgäuer und Schweizer Vieh, gepaart wurden.

Die Tiere werden durch braune Augenfarbe und schwarz umrandeten Augenlider beschrieben. Die Hörner sind am Ansatz hell gefärbt und werden zur Spitze hin schwarz. Seine Fellfarbe ist am Hals, Ohren und an den Außenseiten der Gliedmaßen dunkler gefärbt als das restliche Fell. Bullen verfügen meist über eine dunklere Fellfärbung. Die Innenseiten der Gliedmaßen und der Ellenbogen sind manchmal sogar weiß, wie auch meist der Unterfuß, Sprunggelenk und Schienbein bis hin zum schwarzen Kronenrand. Schwanzquaste, After und Scheide sowie das Klauenhorn sind schwarz pigmentiert. Das

Haar ist meist glatt, kurz und glänzend und am Schopf gelockt (SAMBRAUS, 2010). Die Kopfform erscheint keilförmig fein ausgeprägt und nicht besonders lang und läuft zum Maul hin spitz zu. Das Maul selbst ist breit angelegt, der Hals und Trier ist mittelmäßig stark ausgeprägt. Die Hörner sind stark und nach vorne hin nach oben gekrümmt. Das Kreuz, die Lenden, sowie die Hüften sind breit angelegt. Der vordere Teil des Rumpfes ist meist kräftiger entwickelt als das Hinterteil, sowie auch die Füße stark angelegt und im unteren Bereich fein.

Das durchschnittliche Lebendgewicht einer ausgewachsenen Murnau-Werdenfelser Kuh betrug am Ende des 19. Jahrhunderts etwa 400-540 kg, eines Bullen etwa 600-750 kg und eines Ochsen ca. 500-700 kg. Die Tiere werden als schnellwüchsig und vor dem „dritten Schube“ ausgewachsen beschrieben (LYDTIN und WERNER, 1899).

LEHNERT (1896) beschreibt die Milchleistung der Murnau-Werdenfelser als gut. Er schätzt einen jährlichen Milchertrag von 2000-2400 Liter. Aus 12-13 Litern Milch wurden ein Pfund Butter und von sechs bis sieben Litern Milch ein Pfund Käse gewonnen. Die Leistungen der Murnau-Werdenfelser sind in erster Reihe Milchergiebigkeit. Nach dem zweiten oder dritten Kalben liefern sie 10,30-12,36 kg Milch bis hin zu 15 Litern Milch täglich, im Mittel 2163 bis 2369 kg pro Jahr. Der Fettgehalt schwankt zwischen 3,5% und 4,0%.

Bereits 1896 erkennt LEHNERT die außerordentliche Fleischqualität des Murnau-Werdenfelser Rindes. Er beschreibt es als „feinfaseriges, helleres Fleisch als das Allgäuer“, das „gern von dem Fleischer gekauft“ wird. „Das Vieh mästet sich ziemlich leicht“. LYDTIN und WERNER (1899) beschreiben die Mast von Ochsen, Kühen und Färsen. Bullen wurden nur selten gemästet.

Die positiven Leistungen der Murnau-Werdenfelser Rasse rückten im Laufe des 20. Jahrhunderts immer mehr in den Hintergrund. Um die Jahrhundertwende beschreiben LYDTIN und WERNER (1899), sowie KRONACHER (1911) die Vorzüge der Murnau-Werdenfelser Rinderrasse: „In erster Reihe Milchergiebigkeit, sodann Mastfähigkeit und Arbeitstüchtigkeit“. Die Murnau-Werdenfelser Rasse entsprach den damaligen Erwartungen der Bauern.

Reinblütige Stiere wurden immer seltener und eine Umstellung auf andere Rassen wurde nötig (KINZELMANN und SCHEDEL, 2006). Hinzu kam, dass die wachsende Bevölkerung, sowie die zunehmende Mechanisierung der Landwirtschaft, eine Züchtung auf einseitige Hochleistung forderte. Auch verloren die Murnau-Werdenfelser ihre wichtigste Eigenschaft als Zug- und Arbeitstiere, da sie im Laufe der Modernisierung der Betriebe durch Traktoren ersetzt wurden. Durch die zunehmende Verdrängung mit dem leistungsfähigen und gut durchgezüchteten Braunvieh im Westen und Fleckvieh im Osten wurde 1901 von Vertretern der Landwirtschaftlichen Bezirksvereine der „Zuchtverband für einfarbiges Gebirgsvieh in Oberbayern“ gegründet.

Vor allem in den 60er Jahren nahm die Umstellung auf andere leistungsfähigere Rassen zu. Zwischen den Jahren 1970 und 1975 schrumpften die Herdbuchbetriebe von 60 auf 6 Betriebe. Erst als 1980 Samenproben und Embryonen (7215 Spermaportionen von 17 Bullen und 14 Embryonen) vom Zuchtverband tiefgefroren wurden und eine Mutterkuhherde der Murnau-Werdenfelser als Genreserve gehalten wurde, kam neues Interesse an der Erhaltung der Rasse auf. Auch an der Zahl der Betriebe,

die an einer Milchleistungsprüfung teilnahmen, kann die negative Entwicklung nach dem Zweiten Weltkrieg beobachtet werden.

Es ist ebenfalls festzustellen, dass die Zuchterfolge bei dem Murnau-Werdenfelser Rind, gegenüber den weitaus mehr verbreiteten Konkurrenzrassen Fleckvieh und Braunvieh mit wesentlich höheren Leistungsmerkmalen gering ausfiel und bei den Landwirten zu Motivationsproblemen führte, die Rasse zu erhalten. Umso wichtiger wurde die Entwicklung eines umfangreichen Zuchtprogrammes auf molekulargenetischer Basis, um größere Zuchterfolge zu erreichen.

Wie KINZELMANN und SCHEDEL (2006) berichtet, wurde Anfang 2005 von den Züchtern entschieden, dass wiederum die französische Rasse Tarentaise, die den Murnauern im Aussehen sehr ähnlich ist und eine Verbesserung für Wuchs und Milchleistung erwarten lässt, eingekreuzt werden sollte. Deswegen, heutzutage hat sich häufig eine rotbraune Grundfärbung durchgesetzt.

Die nur kleine Population ist zugleich nur auf drei Blutlinien zurückzuführen, was die Zucht von nicht miteinander verwandten Tieren erschwert und somit der Grad der Inzucht stetig zunimmt. Ende des Jahres 2016 ein Projekt mit dem Namen „Genom unterstützte Inzuchtvermeidung und Selektion von neuen Bullenlinien beim Murnau-Werdenfelser Rind“ gestartet, was den Erhalt der vom Aussterben bedrohten Rinderrasse sichern sollte. Durch die Entwicklungen innerhalb der Molekulargenetik mit Hilfe der SNP-Chip Technologie ist eine genomweite Genotypisierung und eine Gliederung der Individuen nach genetischer Verwandtschaft möglich (THUM, 2019). Im Jahre 2016 geht es um die gezielte Paarung innerhalb der Population von optimal ausgewählten Paarungspartnern mit dem kleinsten Verwandtschaftsgrad, um einer zunehmenden Inzuchtdepression vorzubeugen.

Identifikation des originalen Murnau-Werdenfelser Rindes und die Abgrenzung hin zu anderen bereits in der Vergangenheit eingekreuzten Rinderrassen wie Tarentaise. Die erworbenen Ergebnisse könnten zur optimalen Nutzung der genetischen Ressourcen beitragen und einen entscheidenden Schritt im Erhalt der „originalen“ Oberländer Rinder bedeuten (GRAML u. Mitarb., 1986).

Die Zugspitz-Region GmbH hat ein dreijähriges Projekt zur Förderung und den Erhalt des Murnau-Werdenfelser Rindes gestartet. So wurden bereits 20 Laibe Käse aus reiner Oberländer Milch produziert und dieser „Premier-Käse“ als hervorragend befunden (MWR, 2016). Auch wird für die Zukunft eine Vermarktung in den regionalen Supermärkten angestrebt (LORY, 2016).

Heutzutage gewinnt die Vermarktung des „Oberländer“ Rindfleisches aufgrund ihres exzellenten und intensiven Rindfleisch-Geschmackes immer mehr an Bedeutung. Da diese Tiere meist extensiv auf Weiden, mit viel Bewegung in freier Natur gehalten werden und vorwiegend mit Heu und Gras gefüttert werden, wird die Fleischqualität zusätzlich verbessert.

Der Bayerische Staat hat insofern dem großen Interesse zum Erhalt der Murnau-Werdenfelser Rasse Rechnung getragen, als dass er die Schaffung und Unterhaltung der Mutterkuhherde in Schwaiganger (Abbildung 1) unterstützte, Fördergelder für milchleistungsgeprüfte Betriebe aufbrachte und die Gewinnung und Lagerung von tiefgefrorenen Embryonen finanzierte.



Abbildung 1: Aufzuchtälber und Teilnehmer der DAGENE-Konferenz auf der Versuchsstation Guglhör des Staatsguts Schwaiganger (23. April 2016)

## **Materialien und Methoden**

Um verschiedenste aktuelle Daten und Einschätzungen über den Stand der vom Aussterben bedrohten Rasse der Murnau-Werdenfelser zu ermitteln, wurde von uns ein Fragebogen entwickelt. Dazu wurden die landwirtschaftlichen Betriebe und Züchter von dem ersten Verfasser persönlich besucht und befragt, um auch noch zusätzliche Anregungen, Verbesserungen, Wünsche und Bemerkungen in der Auswertung einfließen zu lassen. Die Fragebogen umfassten 18 Fragen unterschiedlicher Kategorien. Es sind dabei sowohl Fragen zum Ankreuzen, als auch Fragen mit persönlicher Einschätzung der Landwirte mithilfe einer Notenskala. Unsererseits werden auch persönliche Meinungen der Bauern, die sich im Gespräch ergeben, und im Fragebogen nicht erwähnt werden, auf der Rückseite des Fragebogens notiert. Auf folgenden Fragen wurden die Antworten ausgewertet: Rassenanteile in den Betrieben, Herdbuchregistrierung, Milchleistungsprüfung (MLP), Nutzung der Murnau-Werdenfelser Rinder, Haltungsart, Futtermittel, Fördermittel, Haltungsdauer, Haltungsgründe, Vermarktung der Schlachttiere, Besamung/Zucht, Einschätzung im Vergleich mit anderen Rassen.

## **Ergebnisse**

Die Befragung im Rahmen der Diplomarbeit des ersten Verfassers<sup>1</sup> sollte einen Überblick über die bedrohte Rasse der Murnau-Werdenfelser Rinder ermöglichen, sie ist jedoch aufgrund der geringen Be-

fragungszahlen (25 Betriebe) und der geringen Bestandszahlen nicht als repräsentativ einzuschätzen. Jedoch sind Tendenzen und Entwicklungen im Hinblick auf den Erhalt der Rasse zu erkennen.

Eine positive Feststellung wurde bezüglich der Bestandsentwicklung gemacht. Eine zunehmende Anzahl an jungen weiblichen Tieren ist für den Fortbestand der Rasse von großer Bedeutung, da sie in der Zukunft als Muttertiere dienen. Auch ist die Anzahl der Betriebe, die sich rein auf Murnau-Werdenfelser spezialisieren, oder eine Neuanschaffung in jüngster Vergangenheit vornahmen, stark gestiegen und eine Tendenz hin zu biologisch nachhaltiger und extensiver Landwirtschaft festzustellen.

Diese Trendwende ist sicherlich auch auf neuere Projekte und intensive Öffentlichkeitsarbeit in regionalen Zeitungen und Medien zurückzuführen.

Das Voralpenland kann nur energiearme Futtermittel bieten, da auf über 850 Metern über dem Meeresspiegel nur Graswiesen zu finden sind. So können energiereiche Futtermittel wie Mais oder Getreidearten nicht kultiviert werden. Die Murnau-Werdenfelser sind optimal an das verfügbare Futter angepasst und eignen sich von je her für die Haltung in solchen Gegenden.

Wenn man sich mit den Gründen für die Haltung der Murnau-Werdenfelser beschäftigt, erfährt man aus den persönlichen Einschätzungen der Landwirte, dass sie sich auch hauptsächlich aus praktischen Gründen, wie guter Gesundheit und Robustheit, wie auch Genügsamkeit, für diese Rasse entscheiden. Viele erklären auch ihre Haltung mit Schönheitsgründen, sowie ein tiefes Traditionsbewusstsein.

Dass sie sich neben der Haltung des eistungsfähigen Braun- und Fleckviehs trotzdem auch für das Murnau-Werdenfelser Rind entscheiden, liegt hauptsächlich an der besseren Milch- und Fleischqualität und dem dafür offenen Markt, der sie mit guten Verkaufspreisen entlohnt. Außerdem scheint im Bewusstsein der Bauern immer mehr auch der langfristige Erhalt der bedrohten Rasse als Kulturgut dieser Region in den Vordergrund zu treten.

Auch ein wesentliches Argument für die Haltung der Murnau-Werdenfelser ergibt sich in dem Fragebogen, wenn es um die Bereitstellung von Subventionen geht.

Viele der Landwirte sehen sich durch gezielte Förderung für speziell vom Aussterben bedrohte Rinderassen für die geringeren Leistungen (Milch, Fleisch) entschädigt, allerdings forderten sie noch gesteigerte staatliche Fördermaßnahmen an. Ebenfalls ist der Absatzmarkt nach Aussage der Landwirten dringend zu erweitern, um auch in Zukunft die qualitativ hochwertigen Produkte zu angemessenen Preisen zu verkaufen.

## **Schlussbetrachtung**

In unserer Arbeit wurde die vom Aussterben bedrohte Rasse der Murnau-Werdenfelser Rinder aus verschiedenen Perspektiven betrachtet, mit der Zielsetzung, den Erhalt der Rasse zu fördern. Insbesondere wollten wir im Kontakt mit den Züchtern und Haltern die Chancen und Möglichkeiten herausarbeiten, um den kleinen Tierbestand zu erhöhen. Auch war es uns wichtig, die Probleme und Einschätzungen der Bauern festzustellen. Denn letztendlich kann diese bedrohte Rasse nur mit engagierten Landwirten und Züchtern in der Praxis dauerhaft überleben. Von besonderer Bedeutung

ist hier der wirtschaftliche Faktor, da die meisten Halter mit ihren Tieren ihren Lebensunterhalt finanzieren und somit auf eine faire Entlohnung für die qualitativ hochwertigen Produkte angewiesen sind.

Bemerkenswert ist, dass die Tiere im Voralpenraum in Klein- und Kleinstbetrieben extensiv gehalten werden und ein hohes Maß an Handarbeit notwendig ist. Wir konnten feststellen, dass viele ehemals konventionelle Betriebe bereits auf eine biologische Haltung umgestellt haben und immer mehr dieser Bewegung folgen. Gleichzeitig vollzieht sich in der Bevölkerung ein Trend in Richtung gesunder Ernährung, in der die Nachfrage nach regionalen, qualitativ hochwertigen Nahrungsmitteln steigt. Diese Entwicklung kommt dem Erhalt der „Murnauer“ zugute, da sie für ihre Fleisch- und Milchqualität längst bekannt sind. Da bei dieser Rasse zwar nur mit geringen Fleisch- und Milchleistungen zu rechnen ist, können durch ein ausgeklügeltes Vermarktungskonzept spezielle Produkte von höchster Qualität zu höheren Verkaufspreisen auf den Markt gebracht werden. Aktuelle Beispiele sind die Herstellung von Käse aus reiner Murnau-Werdenfelser Milch in der Schaukäserei Ettal oder auch die organisierte Abnahme von Schlachttieren zu höheren ökonomischen Preisen durch die „Murnau-Werdenfelser Fleischhandel GmbH“.

Ein nicht zu verachtender Gesichtspunkt ist die Landschaftspflege, die durch die extensive Weidehaltung der „Oberländer“ betrieben wird. So sind meines Erachtens die Murnau-Werdenfelser mit ihren besonderen Eigenschaften, die schon vor Jahrhunderten von den Vorfahren sehr geschätzt wurden, bestens angepasst und geeignet. Die genügsamen und robusten Tiere können einen großen Beitrag zum Natur- und Umweltschutz auf den mageren Berg- und Almwiesen leisten.

Ein weiterer Aspekt, der in unserer Arbeit nur am Rande erwähnt und behandelt werden kann, ist die Verringerung der Inzucht bei kleiner Population. Gerade dieses Problem wird in der Zukunft über das langfristige Fortbestehen der Rasse entscheiden. Da, wie bereits erwähnt, die gesamte Zuchtpopulation der „Murnauer“ auf nur drei Blutlinien zurückzuführen ist, ist nur noch eine geringe genetische Variabilität vorhanden, der große Aufmerksamkeit geschenkt werden muss. Die Wissenschaft und die Forschung müssen in Zusammenarbeit mit Landwirten in der nächsten Zukunft ein großes Problem der genetischen Enge lösen und Modelle entwickeln. Die Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft fordert eine nachhaltige Erhaltung der genetischen Ressourcen (AG, 2010).

Das Voralpenland ist als Tourismusregion weltweit bekannt. Die Urlauber genießen in der Heimat die wunderbare Natur und Landschaft mit Almen und Bergwiesen. Das Murnau-Werdenfelser Rind ist von optisch besonderer Schönheit und eine außergewöhnliche Touristenattraktion. Aus diesem Grund ist es auch von großer Bedeutung, dieses einzigartige Kulturgut nicht nur zu schützen sondern auch zu erhalten, um auch die nachfolgenden Generationen daran teilhaben zu lassen.

Insgesamt ist zum Erhalt dieser bedrohten Nutztier rasse enge Zusammenarbeit von Züchtern, Zuchtverband, Landeskuratorium der Erzeugerringe für tierische Veredelung in Bayern (LKV) und Öffentlichkeit notwendig, um das angestrebte Zuchtziel zu erreichen. Um den Bestand der Murnau-Werdenfelser Rasse zu sichern, ist es notwendig der Beitritt alle Landwirte in den Zuchtverband, die Registrierung im Herdbuch und die Teilnahme an einer Milchleistungsprüfung eine wichtige Voraussetzung.

## Danksagung

Diese Arbeit basiert auf der Diplomarbeit von Felix Schellinger (Abbildung 2.) "Das Murnau-Werdenfelser Rind, eine Rinderrasse vom Aussterben bedroht" an der Veterinärmedizinischen Universität Budapest, 2017.



Abbildung 2: Felix Schellinger und Murnau-Werdenfelser Kuh beim Besuch des Zentral Landwirtschaftsfestes (München, 16.-25. September 2016)

## Literaturverzeichnis

- AG (2010): Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e. V. (ADR). Monitoring tiergenetischer Ressourcen. Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft
- GRAML, R. – SCHMID, D.O. – ERHARD, L. – BUCHBERGER, J. – OHMAYER, G. – PIRCHNER, F. (1986): Verwandtschaft des Murnau-Werdenfelser Rindes zu anderen Rassen. Bayer. Landw. Jahrbuch, 63, 273–281.
- KINZELMANN, M. – SCHEDEL, K. (2006): Das Murnau-Werdenfelser Rind ist Rasse des Jahres 2007. Amt für LWF-Weilheim. Arche Nova, 4.
- KRONACHER, C. (1911): Die Entwicklung der bayrischen Rinderzucht. Schaper, Hannover
- LEHNERT, H. (1896): Rasse und Leistung unserer Rinder. Verlagsbuchhandlung Paul Parey Verlag für Landwirtschaft, Gartenbau und Forstverein, Berlin
- LYDTIN, A. – WERNER, H. (1899): Das deutsche Rind. Unger-Verlag, Berlin

- LKV (2015): Landeskuratorium der Erzeugerringe für tierische Veredelung in Bayern e.V. (LKV). Milchleistungsbetriebe des Murnau-Werdenfelser Schlages
- LORY, R. (2016): Murnau-Werdenfelser dürfen nicht aussterben. Garmisch-Partenkirchner Tagblatt. Münchner Merkur, 20.04.2016, S. 1.
- MWR (2016): Murnau-Werdenfelser Rind - Erhalt der Rasse als dreijähriges Projekt auf der Agenda „Murnau-Werdenfelser Rind vor dem Aussterben bewahren“ Spitze! Zeitungsverlag Oberbayern GmbH & Co KG., Ausgabe 2 - Sommer 2016, 4–6.
- SAMBRAUS, H. (2010): Gefährdete Nutztierassen: Ihre Zuchtgeschichte, Nutzung und Bewahrung. Eugen Ulmer Verlag, Stuttgart
- SPANN, J. (1928): Tierheilkunde und Tierzucht. Urban & Schwarzenberg, Berlin
- THUM, R. (2019): Genomuntersützte Inzuchtvermeidung und Selektion von neuen Bullenlinien beim Murnau-Werdenfelser Rind. Inaugural-Dissertation. Tierärztliche Fakultät, Ludwig-Maximilians-Universität, München, pp. 138.
- TRAUTMANN, I. (2016): Hartnäckigkeit soll sich auszahlen. Kreisbote Garmisch-Partenkirchen, 27.04.2016, S. 1–2.

## **Processing of a questionnaire to promote the conservation of the endangered Murnau-Werdenfelser cattle**

### **Abstract**

The Murnau-Werdenfelser cattle is a frugal and elegant breed that has almost disappeared from the cattle herds in recent decades. The animals are medium-sized, slim, horned and with their hard claws perfectly adapted to the environment of the foothills of the Alps. There the animals were kept in the summer on the mountain meadows, which were difficult to access with machines. In addition to the advantages, such as being used as nature conservation using animal power to preserve the mountain meadows, which were protected from overgrowth and bushes by annual grazing and thus preserved the landscape of the foothills of the Alps, the disadvantages of the breed came more and more to the fore. The difference in the milk yield of the Murnau-Werdenfelser cattle compared to more modern dairy breeds became ever greater, which meant that more and more farms abandoned the traditional breed and began to cross the breed mostly with Brown Swiss or Fleckvieh.

We developed a questionnaire in order to determine a wide variety of current data and assessments of the status of the Murnau-Werdenfelser breed, which is threatened by extinction.

The survey made it clear to us that many of the farmers see that targeted support specifically for cattle breeds threatened with extinction can compensate for the lower performance (milk, meat), but they are still demanding increased state support measures.



# Possibility and practice of action against drift in the Lipizzan horse population in Hungary

KOVÁCS, Máté\* – MIHÓK, Sándor

Department of Animal Husbandry, Faculty of Agricultural and Food Sciences and Environmental Management, University of Debrecen, Böszörményi str.138, H-4032 Debrecen, Hungary

\*corresponding author: kovacsmate25@gmail.com

## Abstract

Modern animal husbandry has drastically changed the genetic structure of some domestic species. Many factors has negative effect on small, preserved populations, but perhaps the intensification of the genetic drift is the biggest challenge for the breeder.

In order to reduce the effects of genetic drift, breeding animal exchanges are of paramount importance, which can maintain the greatest possible genetic variation in the subpopulations of a breed and help to build the required genetic links among them. In the case of the Hungarian population, the mentioned process is exemplary on the paternal side, but cannot be considered satisfactory on the maternal side. Looking to the future, efforts should be made to import as many breeding mares as possible from the original mare families, as well as to rotate the Hungarian, Făgăraș (Fogaras) and original mare families already in Hungary.

Keywords: Lipizzan, mare families, genetic drift

## Introduction

The Lipizzan is one of the horse breeds of which special historical past creates a unique situation for the current breeders of the breed. The specimens of the breed can be found in many parts of the world, but no doubt its breeding centre can be found in the territory of the successor states of the former Austro-Hungarian Monarchy. After the end of the Monarchy, breeding continued in all independent countries. The magnitude of gene flow between studs in these countries varied considerably by time and location. Therefore, the subpopulations became more and more isolated. As a result, subpopulations have emerged that are distinct in their phenotype and genotype, but in both senses the fact that they belong to the same breed is unquestionable.

ZECHNER et al. (2001) examined the body measurements of Lipizzan horses in European public studs. They found that in terms of type, the two opposite poles are represented by studs of Szilvásvár and Piber. This result can be explained by different selection aim.

ZECHNER et al. (2002) examined the genetic distance between state studs of the breed. They found,

based on the relationship of the horses of different studs that the studs can be divided into three groups. The first group includes studs of Lipica, Piber and Monterotondo. The second group consists studs of Făgăraş (Fogaras) and Bethlen. Szilvásvár, Đakovo (Diakóvár) and Topolčianky (Kistapolcsány) as representatives of the third group are located between the two extreme ones, but are genetically closer to the first group, due to a continuous gene flow.

The genetic structure of a given population can be influenced by a number of factors. Such as mutation, natural and artificial selection, immigration, emigration and drift. Each of these affects the genetic structure of a herd in different ways, e.g. influencing the frequency of genes responsible for the development of a certain trait (BODÓ, 2011; DOHY, 1999; LACY, 1987).

One of the biggest sources of danger is the genetic drift during maintenance of an endangered breed. In a panmictic population the proportion of the heterozygous allele pairs is quite high, thus ensuring the long-term survival of such a population (SZALAY and KOPPÁNY, 2017).

According to RÉDEI (1987), genetic drift is the change in random allele frequency that results from a sampling error in gametes. This means that some genes become homozygous and others drift out of the gene pool. We can talk about drift not only in the case of genes, but also in the case of individuals and even certain genotypes, which is a serious loss for a variety, so special care must be taken to prevent it (DOHY, 1999).

However, for a breed that is bred with significant numbers of individuals in several countries, its subpopulations may be quite different. Mating between subpopulations serves to prevent the differences. In the absence of such a relationship between countries, the herds become increasingly closed, and the process of drift begins, thereby increasing the genetic distance between the subpopulations (SOMOGYVÁRI, 2019).

In maintaining of endangered populations, high heterozygosity, satisfactorily large population size, narrow sex ratio, reliable artificial selection and a mating of non-related animals are favourable (SZALAY and KOPPÁNY, 2017).

The subject of our research was the study of the genetic diversity in the Hungarian Lipizzan horse population on the basis of studbook data. The aim of the research study was to identify the possible presence of genetic drift and the breeding management practices taken against it.

Evaluation effect of imported stallions and presence of mare families were also aim of the current study.

## **Material and methods**

Several studbooks and studies were available for the processing of pedigree data, such as the Magyar Lipicai Méneskönyv I. (Mezőgazdasági Minősítő Intézet, 1988), a Magyar Lipicai Méneskönyv II. (Magyar Lipicai Lótenyésztők Országos Egyesülete, 1990), Magyar Lipicai Méneskönyv III. (Magyar Lipicai Lótenyésztők Országos Egyesülete, 2008), Magyar Lipicai Méneskönyv IV. (Magyar Lipicai Lótenyésztők Országos Egyesülete, 2013), Lipicai Ménismertető 2021 (Magyar Lipicai Lótenyésztők Országos Egyesülete, 2021). The old studbooks kept in Bábolna, Făgăraş and Szilvásvár, owned by the State Stud Farm of Szil-

vásvárad (Lipicai ménés Fogaras törzskönyv 3., 1882-1896; Lipicai ménés Fogaras törzskönyv 4., 1889-1905; Lipicai ménés Fogaras törzskönyv 5., 1885-1913; Lipicai ménés Bábolna-Szilvásvár, 1950-1975), Stutenprotokoll Volume I 1785-1880 in Mezőhegyes. Romanian studbooks (Cartea Crescatoriei Asiciatie Volomul II (2007); Cartea Crescatoriei Asiciatie Volomul IV (2016)).

Furthermore, data from Croatian stud books (ČAČIĆ and TADIĆ, 2005; ČAČIĆ, 2010; KERESTEŠ, 2008; MANDIĆ and RASTIJA, 1997) were processed.

In addition, we used the pedigree data found in the National Horse Breeding Database and in the database of the Association of Hungarian Lipizzan Horse Breeders.

As the first step of our work, we build the mare families in the Hungarian population. When making the family trees, we traced the origin of the live mares back to the founder mares. As a second step, a pedigree analysis was carried out, which gave us a real picture of the genetic composition of the Hungarian Lipizzan horse. The graphical presentation was created with Microsoft Office 365.

## Results and discussion

After a long separation era, on the initiative of Szilvásvár, several foreign stallions were introduced into Hungarian breeding. Their task was to reduce the mating among closely related animals. Its diversity-enhancing effect cannot be ignored either. Stallions 4969 Maestoso Bellamira-37 (XXXIII.) and 5540 Neapolitano Trompeta III-05 (XXVIII.) came to the Hungarian breeding from Austria. From Croatia arrived 5132 Tulipan Toplica XXII-2 (VIII.) and 4574 Conversano Krabbe III-1 (XXVII.). From Slovenia, 4101 Favory Allegra XXVI (XXVIII), 3974 Neapolitano Allegra XXVI (XXV.), Pluto Steaka XVI (XXXII.) and 5450 Siglavy Samira XVIII (XVI.) came. These stallions enriched the genetic material of the domestic population, while at the same time strengthening the breed characteristics. These processes are essential to help maintain the greatest possible genetic variance that ensures the long-term survival of the breed. In addition, due to the historical origin of the breed, breeders in all countries should strive to ensure that the different subpopulations do not become genetically distant from each other and the common gene pool contains as much of the original as possible.

Figure 1 and 2 show the pedigree of domestic stallions of import sire paternity. Individuals from different countries are marked in different colours in the figures (green - Hungary, red - Austria, yellow - Slovenia, blue - Croatia, purple - Făgăraş/Dalnic (Dálnok), brown - Czechoslovakia).

3974 Neapolitano Allegra XXVI (XXV. tm)	358 Neapolitano Primavera-70	185 Neapolitano VI Presciana III 50 Primavera
	527 Allegra XXVI	461 Neapolitano Capriola V 358 Allegra XXII
253 Siglavy Capriola X-70	Siglavy Capriola X	Siglavy Capriola VIII 48 Pluto XXVI
	191 Pluto XXIX-3	Pluto XXIX
		107 Neapolitano XX

Figure 1: Pedigree of 4749 Neapolitano XXV-9

5132 Tulipan Toplica XXII-2 (VIII. tm)	498 Tulipan Mara XXXVII-1	Tulipan IX-39
		364 Mara XXXVII
	735 Toplica XXII	206 Maestoso Mahonia
		451 Toplica XXI
257 Conversano XXIV-51	1946 Conversano XXIII-6 (XXIV. tm)	631 Conversano XX-11 (XXIII. tm)
		52 Favory XXI
	200 uto XXIX-18	2027 Pluto VIII Roviga (XXIX. tm)
		145 Maestoso XXIX

Figure 2: Pedigree of 6398 Tulipan VIII-27

It is clear from the figures that the ancestors include individuals from several countries. In the case of the stallion Neapolitano XXV-9, it can be said that both the stallion and its father are truly the result of mating through animal exchanges. From the 358 Neapolitano Primavera-70, which was bred by the stud of Piber and covered in Lipica, descends a son, 3974 Neapolitano Allegra XXVI (XXV.) who entered the Hungarian national stud.

In the case of 6398 Tulipan VIII-27, there are several examples of pairings achieved by animal exchange. The stallion itself is the result of such mating, and three of its four grandparents have been bred in this way. These consciously bred stallions increased the genetic diversity of the Hungarian population with a large number of their offspring, so approaching the genetic substance of the Lipizzaner breed as a whole. With the strengthening of the Hungarian civil breeding organization, in the last decade and a half, dozens of breeding mares have entered into Hungarian breeding, which have riched the genetic structure of the herd. The immigration took place mainly from the stud farm in Făgăraș, and at the same time one of the mare families in Făgăraș came to the country. In addition to the mare families in Făgăraș, original, Croatian and Slovenian mare families also appeared in Hungarian breeding. The relative proportions of these are illustrated in Figure 3.

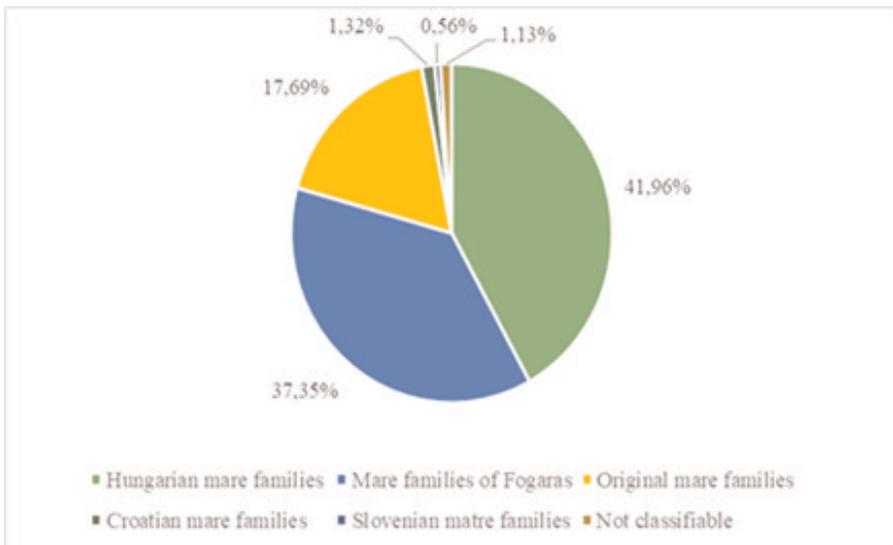


Figure 3: Distribution of mare families by origin

The mare families of Făgăraș and the mares which can be classified into them represent almost the same proportion as the Hungarian mare families. The former participates in the Hungarian population with 41.96% (446 mares) and the latter with 37.35% (397 mares). Approximately one third of the original and Croatian mare families and the only Slovenian mare family are listed in the Hungarian register. The proportion of original mare families is 17.69% (188 mares), of which 172 mares can be classified as one mare family. The proportion of mare families in Croatia and Slovenia is 1.32% (14 mares) and 0.55% (6 mares). The original Croatian and Slovenian mare families, with the exception of the Presciana/Bradamanta family, are present in numbers between 1 and 6 mares, so their numbers have little effect on the Hungarian population. We could not classify 12 individuals into any of the families. Their proportion is 1.13%.

Because of the mare families of Făgăraș’s origin goes back to Mezőhegyes, the maintenance of mare families in Făgăraș is the right and obligation of the breeders of Hungary. Apart from gene conservation tasks, the mare families in Făgăraș have given many performance horses to both the World and Hungary. Figure 4 shows the pedigree of Maestoso XXXIX-14 Mithos, who has been declared the best driving horse in the world, and the other horse is, Conversano Szellő, who won first place as a member of the Hungarian team at the World Championship for Pairs in 2021.

Maestoso XXXIX	Maestoso XXXVI	Maestoso XXVIII
	373 Conversano XX-31	134 Siglavy Capriola IV-10
454 Maestoso XXXV-19	Maestoso XXXV	Conversano XX
	353 Favory XXVI-25	114 Tulipan VI-5
		Maestoso XXVII
		70 Siglavy Capriola III-5
		Favory XXVI
		179 Pluto V-1

Figure 4: Pedigree of Maestoso XXXIX-14 Mithos

The research of ZECHNER et al. (2002) is supported by Figure 4, which also illustrates the situation after the First World War. Romania has completely distanced itself from other breeding countries of the breed and has continued the breeding with no emigration and immigration. In Maestoso XXXIX-14 Mithos’s pedigree, we don’t find any examples of breeding animal changes, but it’s worldwide success draws attention to the need for such processes, as they allow not only gene conservation work, but also individuals of outstanding value for sport to enter breeding.

4825 Conversano XXIV-40 Herceg	Conversano XXIII-6 (XXIV. m)	Conversano XX-11 (XXIII. m)
	Favory XXXV-13	52 Favory XXI
Siglavy Capriola XXI-4 Sziszi	Siglavy (XXI. m)	Favory Dubovina IV (XXV. m)
	Incitato I-36	164 Favory XXIV-15
		Siglavy Capriola XIV
		434 Neapolitano XXI-64 Volga
		2056 Incitato X-35 (XII. m)
		1 Tulipan X-77

Figure 5: Pedigree of Conversano Szellő

In contrast the origin of Maestoso XXXIX-14 Mithos, Figure 5 shows the origin of Conversano Szellő, which provides outstanding sporting performance, and at the same time is a good example of the flow of genetic material between nations. The mare's mother Siglavy Capriola XXI Sissi came to Hungary from Romania, and this mare, which mostly has a genetic background in Făgăraș, has already been fertilized in Hungary with the stallion 4825 Conversano XXIV-40 Herceg. The paternal side contains mostly Hungarian horses, but it also contains Favory Dubovina IV (XXV.), bred in Piber.

The mare families No. 2 (Presciana/Bradamanta), No. 30 (502 Mozsgó Perla) and No. 32 (Almerina), which are listed as Hungarian families in many source works, but these are in a special situation in Hungary.

The imported specimens of these families entered our country many generations ago, so in the case of the representatives of the families living today, the imported animals “grew” from the 4-5-6 ancestral generations.

In the domestic herd, we can find examples of the import of mares belonging to mare families of non-Hungarian origin bred in foreign countries in recent decades as well. Figure 6 shows the origin of breeding mares from such imports. The mare, 285 Thais XLVI, combining the genetic material of the state studs breeding the breed, moved to Szilvásvár. Her origin is mainly found in the Stud Farm Lipica, but it also includes the Croatian 513 Neapolitano Batosta XXI and the already mentioned Favory Dubovina IV (XXV. in Hungary). The genetic material of the mare was handed over to the foals with the Hungarian Favory XXVII and Siglavy Capriola XIV and the Conversano Krabbe III-1 (XXVII.) from Piber.

973 Neapolitano Capriola XIV	701 Neapolitano Samira XIII	Neapolitano Batosta XXXVII-54 579 Samira XIII
	670 Capriola XIV	513 Neapolitano Batosta XXI 310 Capriola V
246 Thais XXXIX	947 Favory Allegra XXVI	Favory Dubovina IV (XXV. m) 527 Allegra XXVI
	881 Thais XXXII	Conversano Wera III Thais XXIII

Figure 6: Pedigree of 285 Thais XLVI

## Conclusions

Because of the breeding animal changes, there is an exemplary gene flow in the Hungarian subpopulation of the Lipizzan breed. Stallion exchanges and purchases has great importance, and this is why many individuals have entered into the country in recent decades. Regarding our stallion park, the increasing proportion of imported stallions and/or sons of imported stallions is very significant. The repeated immigration of stallions has an effect against genetic drift, and another advantage is that the gene pool characteristic of the whole breed is moving towards completeness in the Hungarian population as well. From the mare side, imports can be approached from several perspectives. In addition to the increasing

number of mare families bred in Hungary, the blood refreshment of mares also has a diminishing effect on genetic drift. Most of the foreign-bred mares that came to Hungary can be traced back to mares from Făgăraș, which, due to their original descendance in Mezöhegyes, they also represent a cultural and historical value in Hungary. The mare families Presciana/Bradamanta, Almerina and 502 Mozsgó Perla can be classified as original Croatian families. However, due to their breeding in Hungary for generations, they do not qualify as imports. Apart from mares classified in these families, only 33 individuals can be classified in any of the original Croatian as well as Slovenian families. This is 3.1% of the domestic mare population, which is unsatisfactory for maintaining the breed's identity. In addition to the current state, the preservation of the fullest possible genetic composition of the breed is not ensured. That is why the importation of foreign-bred breeding mares, especially those belonging to the original mares of the breed, is recommended in the future. The purchase of importing live animals and reproductive material is not typical of domestic breeding, however, in order to avoid the status described above, it should be given a prominent role in the future.

## References

- ASOCIATIA CRESCATORILOR PARTICULARI DE CAL LIPITAN DIN ROMANIA (2007):  
Cartea Crescatoriei Asociatie Volomul II
- ASOCIATIA CRESCATORILOR PARTICULARI DE CAL LIPITAN DIN ROMANIA (2016):  
Cartea Crescatoriei Asociatie Volomul IV
- BODÓ, I. (2011): Háziállatok génvédelme. Egyetemi jegyzet, Debreceni Egyetemi Kiadó. Debrecen
- ČAČIĆ, M. – TADIĆ, D. (2005): Lipizzan Stud Book of Territorial Breeding Republic of Croatia  
Vol. 1. Hrvatski savez udruga uzgajivača lipicanske pasmine konja & Hrvatski stočarski centar
- ČAČIĆ, M. (2010): Lipizzan Stud Book of Croatian Center for Horse Breeding – State Stud Farm  
Lipik 1982-2010. Papirna konfekcija, Luka
- DOHY, J. (1999): Genetika állattenyésztőknek. Mezőgazda Kiadó, Budapest
- KERESTEŠ, T. (2008): Maticna knjiga lipicanskih konja Ergela Kelebija. Kelebija
- LACY, R. C. (1987): Loss of genetic diversity from managed populations: interacting effects of drift, mutation, immigration, selection, and population subdivision. *Conservation biology*, 1-2. 143-158.
- LIPICAI MÉNES BÁBOLNA-SZILVÁSVÁRAD, 1950-1975.
- LIPICAI MÉNES FOGARAS TÖRZSKÖNYV 3., 1882-1896.
- LIPICAI MÉNES FOGARAS TÖRZSKÖNYV 4., 1889-1905.
- LIPICAI MÉNES FOGARAS TÖRZSKÖNYV 5., 1885-1913.
- MAGYAR LIPICAI LÓTENYÉSZTŐK ORSZÁGOS EGYESÜLETE (1990): Magyar Lipicai  
Méneskönyv II. kötet. Budapest
- MAGYAR LIPICAI LÓTENYÉSZTŐK ORSZÁGOS EGYESÜLETE (2008): Magyar Lipicai  
Méneskönyv III. kötet. Passzer Nyomdaipari Kft., Budapest
- MAGYAR LIPICAI LÓTENYÉSZTŐK ORSZÁGOS EGYESÜLETE (2013): Magyar Lipicai  
Méneskönyv IV. kötet. Budapest

- MAGYAR LIPICAI LÓTENYÉSZTŐK ORSZÁGOS EGYESÜLETE (2021): Lipicai Ménismertető 2021
- MANDIĆ, I. – RASTIJA, T. (1997): Matična knjiga lipicanskih konja ergele Đakovo. PIK  
Đakovo – Poljoprivredni fakultet, Osijek
- MEZŐGAZDASÁGI MINŐSÍTŐ INTÉZET (1988): Magyar Lipicai Méneskönyv I. kötet. Budapest
- RÉDEI, GY. (1987): Genetika. Mezőgazdasági Kiadó – Gondolat Kiadó, Budapest
- SOMOGYVÁRI, E. (2019): A hucul lófajta populációgenetikai értékelése. Doktori (Ph.D.),  
Debreceni Egyetem, Debrecen
- STUTENPROTOKOLL 1785-1880. Mezőhegyes
- SZALAY, I. – KOPPÁNY, G. (2017): Haszonállataink in vivo fajtavédelmi rendszere, a génbanki állományok kialakításának és fenntartásának hagyományos tenyésztési módszerei. In: Génbanki kutatások régi haszonállataink védelmében (Szerk. Szalay I.). Mezőgazda Lap-és Könyvkiadó – Haszonállat-génmegőrzési Központ, Budapest - Gödöllő
- ZECHNER, P. – ZOHMAN, F. – SÖLKNER, J. – BODÓ, I. – HABE, F – MARTI, E. – BREM, G (2001): Morphological description of the Lipizzan horse population. *Livestock Production Science*, 69-2. 163-177.
- ZECHNER, P. – SÖLKNER, J. – BODÓ, I. – DRUML, T. – BAUMUNG, R. – ACHMANN, R. – MARTI, E. – HABE, F. – BREM, G. (2002): Analysis of diversity and population structure in the Lipizzan horse breed based on pedigree information. *Livestock Production Science*, 77. 137-146.

