

Sven König

**Untersuchungen
zu einem kooperativen
Zuchtprogramm der Rasse
Holstein-Friesian**

Aus dem Institut für Tierzucht und Haustiergenetik
der Georg-August-Universität Göttingen

**Untersuchungen zu einem kooperativen Zuchtprogramm
der Rasse Holstein-Friesian**

Dissertation
zur Erlangung des Doktorgrades
der Fakultät für Agrarwissenschaften
der Georg-August-Universität Göttingen

vorgelegt von
Sven König
geboren in Kassel

Göttingen, im November 2001

D 7

1. Referent:	Prof. Dr. Peter Glodek
2. Korreferent:	Prof. Dr. Hermann H. Swalve
Tag der mündlichen Prüfung:	22. November 2001

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	1
2	Literatur	3
2.1	Rahmendaten des deutschen Zuchtprogramms der Rasse Holstein-Schwarzbunt	3
2.2	Strukturanalyse zum Testeinsatz von Besamungsbullen	5
2.2.1	Auswirkungen heterogener Varianzen in der Zuchtwertschätzung von Besamungsbullen	9
2.2.2	Genetische Analysen für Produktionsmerkmale in verschiedenen Managementsystemen	11
2.3	Selektion von Bullenvätern	14
2.3.1	Internationale Zuchtwertschätzung für Besamungsbullen	15
2.3.1.1	Probleme der aktuellen MACE-Zuchtwertschätzung	17
2.3.1.2	Grenzen der MACE-Zuchtwertschätzung	19
2.4	Selektion von Bullenmüttern	20
2.4.1	Organisatorischer Ablauf der Bullenmütterselektion im Feld	20
2.4.2	Kriterien der Selektion von Bullenmüttern im Feld	22
2.4.3	Problematik der Selektion von Bullenmüttern im Feld	23
2.4.4	Alternative Formen der Prüfung von Bullenmüttern	26
2.4.4.1	DELTA-Zuchtprogramm in den Niederlanden	27
2.4.4.2	EUREKA-Zuchtprogramm von Genetics Australia	29
2.4.4.3	TREND-Zuchtprogramm in Kanada	29
2.4.4.4	Jungrinderspülprogramm der Nord-Ost-Genetik	30
2.4.4.5	Färsentestprogramm der Osnabrücker Herdbuchgesellschaft	31
2.5	Integration neuer Erkenntnisse der Molekulargenetik in moderne Zuchtprogramme	32

3	Eigene Auswertungen	37
3.1	Modellkalkulationen zum optimalen Testanteil	37
3.1.1	Material und Methode	37
3.1.2	Ergebnisse	39
3.1.3	Diskussion und Empfehlungen für die Zuchtorganisation	41
3.2	Testeinsatz von Jungbullen im Ausland	43
3.2.1	Material und Methode	43
3.2.2	Ergebnisse	47
3.2.3	Diskussion und Empfehlungen für die Zuchtorganisation	51
3.3	Vergleich des genetischen Niveaus von Ländern	54
3.3.1	Material und Methode	54
3.3.2	Ergebnisse und Schlussfolgerungen	56
3.4	Untersuchungen zur Varianzstruktur von Produktionsmerkmalen in deutschen Zuchtverbandsgebieten	60
3.4.1	Material und Methode	60
3.4.2	Ergebnisse	63
3.4.2.1	Univariate Rechenläufe	63
3.4.2.2	Multivariate Rechenläufe	67
3.4.2.3	Zuchtwertschätzung	72
3.4.3	Diskussion	74
3.4.4	Schlussfolgerungen für die Zuchtwertschätzung und das Zuchtprogramm	80
3.5	Selektion von Bullenmüttern	81
3.5.1	Extreme Intraherdenvarianzen und deren Beziehung zur Selektion von Bullenmüttern	81
3.5.1.1	Material und Methode	81
3.5.1.2	Ergebnisse	86
3.5.1.2.1	Einzelbetriebsanalysen	93
3.5.1.2.2	Restriktionen für die Selektion von Bullenmüttern	99
3.5.1.3	Empfehlungen für die Zuchtorganisation	102

3.5.2	Modellkalkulationen zur Stationsprüfung von Bullenmüttern	105
3.5.2.1	Testkapazität	105
3.5.2.1.1	Methode	105
3.5.2.1.2	Ergebnisse	108
3.5.2.2	Testdauer	110
3.5.2.2.1	Methode	110
3.5.2.2.2	Ergebnisse	111
3.5.2.3	Organisatorischer Ablauf und Kosten-Nutzen-Rechnung	113
3.5.2.3.1	Methode	113
3.5.2.3.2	Ergebnisse	115
3.5.2.4	Schlussfolgerungen zur zentralen Prüfung von Bullenmüttern	124
4	Zusammenfassende Diskussion zur Ausrichtung zukünftiger Zuchtprogramme	127
5	Zusammenfassung	134
6	Summary	137
7	Literaturverzeichnis	140
8	Anhang	153

Tabellenverzeichnis

Tab. 1:	Leistungsergebnisse der Herbuchkühe (Holstein-Sbt) 1999 nach Verbänden.....	3
Tab. 2:	Genetische Korrelationen im Merkmal Milch-kg zwischen verschiedenen Managementsystemen.....	13
Tab. 3:	Holsteinbullen nach Herkunftsländern mit ausländischen Verwandten	16
Tab. 4:	Beispiel für die Matrix der genetischen Korrelationen im Merkmal Eiweiß-kg..	18
Tab. 5a:	Anzahl abzuschließender Anpaarungsverträge im TopQ-Kooperationsgebiet....	21
Tab. 5b:	Anzahl abzuschließender Anpaarungsverträge im Rest von Deutschland.....	21
Tab. 6:	Mindestbedingungen für Bullenmütter des TopQ-Zuchtprogramms.....	22
Tab. 7:	Ergebnisse einer Simulationsstudie an Daten mit heterogener und homogener Varianzstruktur, wenn in beiden Fällen eine homogene Varianzstruktur unterstellt wird (nach GARRICK und VAN VLECK, 1987).....	24
Tab. 8:	Parameter zur Berechnung des Zuchtfortschritts im Testbullenprogramm.....	37
Tab. 9:	Zuchtfortschritt in Abhängigkeit vom Testanteil und der Anzahl Testbullen.....	40
Tab. 10:	Töchterzahlen des Bullen <i>BELT</i> in den Ländern, die an der MACE-ZWS teilnehmen (Interbull-Datei 08/99).....	45
Tab. 11:	Matrix der genetischen Korrelationen im Merkmal Eiweiß-kg für die 9 Länder, in denen der Bulle <i>Belt</i> eigene Töchter hat und den übrigen 21 Ländern, die an der internationalen Zuchtwertschätzung teilnehmen.....	46
Tab. 12:	Prozentuale Gewichtungsfaktoren der Töchterleistungen des Bullen <i>BELT</i> in der MACE-ZWS für die Basen 21 verschiedener Länder.....	48
Tab. 13:	Prozentuale Gewichtungsfaktoren der Töchterleistungen des universellen Bullen in der MACE-ZWS für die Basen von 6 verschiedenen Ländern.....	49
Tab. 14:	Prozentuale Gewichtungsfaktoren in der MACE-ZWS eines Bullen auf deutscher Basis und auf Basis eines zweiten Landes (Land B) für verschiedene Töchterzahlen in beiden Ländern.....	50
Tab. 15:	Genetische Korrelationen im Merkmal Eiweiß-kg der wichtigsten Holsteinländer zum jeweiligen Drittland (Interbull, 1999).....	55
Tab. 16:	Interbull-ZW der mütterlichen Großväter auf Basis CSK.....	57
Tab. 17:	Anzahl der Kühe (n), Mittelwerte (\bar{x}) und Standardabweichungen (s) für die Merkmale Milch-, Fett-, und Eiweiß-kg in der ersten Laktation.....	61
Tab. 18:	Varianzkomponentenschätzung für einzelne Zuchtverbandsgebiete.....	64
Tab. 19:	Varianzkomponentenschätzung innerhalb Zuchtverbandsgebiet stratifiziert nach HKJ-Standardabweichungsklassen.....	65
Tab. 20:	Varianzkomponentenschätzung innerhalb Zuchtverbandsgebiet stratifiziert nach der Anzahl Kühe innerhalb Herdenkalbejahr.....	66
Tab. 21:	Datenstruktur für die bivariaten Rechenläufe.....	67

Tab.22a: Gemeinsame Väter, stratifiziert nach Bullenkategorien, im Rechenlauf WEST-1 x OST-1 mit Kennzahlen ihrer Töchter.....	68
Tab.22b: Gemeinsame Väter, stratifiziert nach Bullenkategorien, im Rechenlauf OST-1 (≤ 50 Färsen/HKJ) x OST-1 (≥ 150 Färsen/HKJ) mit Kennzahlen ihrer Töchter.....	69
Tab. 23: Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzung aus der bivariaten Analyse für das Merkmal 305-Tage-Eiweiß-kg.....	70
Tab. 24: Schätzwerte für die genetische Korrelation zwischen Regionen im Merkmal 305-Tage-Eiweiß-kg.....	71
Tab. 25: Analyse der Toplisten nach ZW-Eiweiß-kg für 237 Bullen der Zuchtverbände OST-1 und WEST-1.....	72
Tab. 26: Analyse der Toplisten nach ZW-Eiweiß-kg für 138261 Kühe der Zuchtverbände OST-1 und WEST-1.....	73
Tab. 27: Analyse der Toplisten nach ZW-Eiweiß-kg für 237 Bullen der Zuchtverbände OST-1 und WEST-1 für die Basen beider Regionen.....	74
Tab. 28: Absolute (N) und prozentuale (%) Verteilung der Herdenkalbejahre (HKJ) auf HKJ-Größenklassen stratifiziert nach Zuchtverbänden.....	82
Tab. 29: Anzahl Laktationsleistungen, Betriebe und Herdenkalbejahre stratifiziert nach Zuchtverbänden mit und ohne der Restriktion ≥ 6 Abschlüssen / HKJ.....	83
Tab. 30: Statistische Parameter der Erstlaktationsleistungen.....	84
Tab. 31: Verteilung der Färsenleistungen auf Leistungsklassen.....	85
Tab. 32: Verteilung der Färsen auf Erstkalbealterklassen.....	85
Tab. 33: Statistische Beschreibung der Produktionsmerkmale über alle Herdenkalbejahre für die Verbände WEST-1, OST-1 und WEST-2.....	86
Tab. 34: Statistische Beschreibung der Produktionsmerkmale über alle Herdenkalbejahre für die Verbände WEST-3, West-4 und OST-2.....	87
Tab. 35: Prozentuale Anteile der HKJ und der Einzelleistungen in Herdenkalbejahr-Standardabweichungsklassen.....	89
Tab. 36: Prozentuale Anteile der TOP-1000 Kühe nach ihrem Zuchtwert im Merkmal Eiweiß-kg und nach Eiweiß-kg absolut in HKJ-Standardabweichungsklassen....	93
Tab. 37: Verteilung der potenziellen Bullemütter aus heterogenen HKJ-Standardabweichungsklassen auf ihre Herkunftsbetriebe.....	94
Tab. 38: Herdencharakteristika für Betriebe, die mehrere Bullenmütter aus extrem heterogenen HKJ-SD-Klassen stellen.....	98
Tab. 39: Größe des Selektionspools und Kennziffern der selektierten besten 100 Färsen nach RZM unter Berücksichtigung von Restriktionen für die HKJ-SD.....	100
Tab. 40: Statistische Kennziffern der TOP-1000 Kühe im Zuchtwert für Eiweiß-kg stratifiziert nach ihrer Herdenkalbejahr-Standardabweichung.....	102

Tab. 41: Genauigkeit der Zuchtwertschätzung für Bullenmütter für verschiedene Zeitstufen.....	107
Tab. 42: Varianzkomponenten und Heritabilitäten für einzelne Testtage und deren genetische Korrelation zur 305-Tage-Leistung im Merkmal Eiweiß-kg.....	111
Tab. 43: Phänotypische Korrelationen der Testtagsleistungen untereinander.....	112
Tab. 44: Kosten- Nutzen- Rechnung für Phase I von Alternative I eines modifizierten MOET-Nukleuszuchtprogramms.....	118
Tab. 45: Kosten- Nutzen- Rechnung für Phase II von Alternative I eines modifizierten MOET-Nukleuszuchtprogramms.....	119
Tab. 46: Kosten- Nutzen- Rechnung für Phase I von Alternative II eines modifizierten MOET-Nukleuszuchtprogramms.....	120
Tab. 47: Kosten-Nutzen-Rechnung für Phase I und Phase II von Alternative III eines modifizierten MOET-Nukleuszuchtprogramms.....	123

Abbildungsverzeichnis

Abb. 1: Schema eines konventionellen Besamungszuchtprogramms.....	5
Abb. 2: Wirkungsweisen der Genotyp-Umwelt-Interaktion (GxU-Interaktion).....	11
Abb. 3: DELTA-Zuchtprogramm in den Niederlanden.....	28
Abb. 4: EUREKA – Zuchtprogramm von Genetics Australia.....	29
Abb. 5: Färsentestprogramm der OHG.....	31
Abb. 6: Schematische Darstellung des Bottom Up-Ansatzes.....	34
Abb. 7: Schematische Darstellung des Top Down-Ansatzes.....	35
Abb. 8: Häufigkeitsverteilung der Zuchtwerte für Milch-kg unter verschiedenen Szenarien.....	41
Abb. 9: Differenz der Mittelwerte für ZW (Eiweiß-kg) nach Bullenjahrgängen zwischen Deutschland und dominierenden Holsteinländern, gemittelt über die ‚Drittländer‘ CHE, IRL, CSK, EST und SLO.....	56
Abb.10: Differenz der Mittelwerte für den RZE nach Bullenjahrgängen zwischen Deutschland und dominierenden Holsteinländern auf spanischer Basis.....	57
Abb.11: Differenz der Mittelwerte für das Merkmal Klauen nach Bullenjahrgängen zwischen Deutschland und dominierenden Holsteinländern auf spanischer Basis.....	58
Abb.12: Differenz der Mittelwerte für das Merkmal Eutertiefe nach Bullenjahrgängen zwischen Deutschland und dominierenden Holsteinländern auf spanischer Basis.....	59
Abb.13: Wahrscheinlichkeit (%) für einen Verband A mindestens 3 Bullen in eine Topliste der Größe 20 zu bekommen bei unterschiedlicher wahrer Heritabilität im Verbandsgebiet A (n. DIETL, 2001, unveröffentlicht).....	75
Abb.14: Statistische Parameter der Kuhzuchtwerte (RZM) innerhalb der HKJ-Standardabweichungsklassen für Verband OST-1.....	90
Abb.15: Statistische Parameter der Kuhzuchtwerte (RZM) innerhalb der HKJ-Standardabweichungsklassen für Verband WEST-3.....	91
Abb.16: Häufigkeitsverteilung im Merkmal Milchmenge für Betrieb 1 aus OST-1.....	95
Abb.17: Häufigkeitsverteilung im Merkmal Milchmenge für Betrieb 2 aus OST-1.....	96
Abb.18: Häufigkeitsverteilung im Merkmal Milchmenge für Betrieb 1 aus WEST-1.....	97
Abb.19: Zuchtfortschritt in Einheiten der genetischen Standardabweichung in Abhängigkeit von der Testkapazität für vier Varianten der BM-Selektion.....	109
Abb.20: Sicherheit der ZWS auf Basis von sukzessiv einbezogenen Testtagen von Tag 10 bis Tag 170 im Abstand von 20 Tagen.....	112
Abb.21: Schema eines Zuchtprogramms mit zentraler Bullenmütterprüfung und effizienter Nutzung der Embryonenimporte.....	114

Abkürzungen

ADR	:	Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter
AUS	:	Australien
AUT	:	Österreich
BEL	:	Belgien
BLUP	:	Best Linear Unbiased Prediction
BM	:	Bullenmutter
BST	:	Bovines Somatotropin
BV	:	Bullenvater
bzgl.	:	bezüglich
bzw.	:	beziehungsweise
CAN	:	Kanada
CHE	:	Schweiz
CSK	:	Tschechische Republik
DB	:	Deckbulle
DEU	:	Deutschland
d.h.	:	das heißt
DHV	:	Deutscher Holstein Verband
DNK	:	Dänemark
dt	:	Dezitonne
DYD	:	Daughter Yield Deviation
EB	:	Erstbesamung
ELP	:	Eigenleistungspüfung
ESP	:	Spanien
EST	:	Estland
ET	:	Embryotransfer
etc.	:	et cetera
FIN	:	Finnland
FRA	:	Frankreich
GBR	:	Großbritannien
HKJ	:	Herdenkalbejahr
HKJ-SD	:	Standardabweichung innerhalb Herdenkalbejahr
HTD	:	Herdentesttag
i.d.R.	:	in der Regel
ICAR	:	International Committee for Animal Recording
IRL	:	Irland
IVF	:	In Vitro Fertilisation
ITA	:	Italien
KB	:	Künstliche Besamung
kg	:	Kilogramm

LA	:	Laktation
LSQ	:	Least Square
MACE	:	Multiple Across Country Evaluation
MAS	:	Marker Assisted Selection
MGS	:	Maternal Grandsire
Mio.	:	Million
MLP	:	Milchleistungsprüfung
MME	:	Mixed Model Equations, <i>Mischmodellgleichungen</i>
MOET	:	Multiple Ovulation and Embryo Transfer
NKP	:	Nachkommenprüfung
NLD	:	Niederlande
NOG	:	Nord-Ost-Genetik
Nsel	:	Nicht als Bullenmutter selektierte Färse
NZL	:	Neuseeland
OHG	:	Osnabrücker Herdbuchgesellschaft
OPU	:	Ovum Pick Up
PA	:	Pedigree Average, <i>gemittelter Elternzuchtwert</i>
QTL	:	Quantitative Trait Loci
r_g	:	genetische Korrelation
RZG	:	Relativzuchtwert Gesamt
RZM	:	Relativzuchtwert Milch
Sbt	:	Schwarzbunt
SIP	:	Selection Index Program
SLO	:	Slowenien
SMR	:	Schwarzbuntes Milchrind
SWE	:	Schweden
TB	:	Testbulle
Tö.	:	Töchter
u.a.	:	unter anderem
u.U.	:	unter Umständen
VIT	:	Vereinigte Informationssysteme Tierzucht
WE	:	Wiedereinsatzbulle
ZW	:	Zuchtwert
ZWS	:	Zuchtwertschätzung

1 Einleitung

Insbesondere in den letzten Jahren hat der Konkurrenzkampf um Marktanteile im Besamungsbereich der deutschen Milchrinderzucht stetig zugenommen. Rückläufige Besamungszahlen durch Leistungssteigerung und Milchquote sind hierfür als Gründe zu nennen. Zusätzlich hat sich die Wettbewerbssituation in den letzten Jahren verschärft, da der Wettbewerb sich von der nationalen auf die internationale Ebene ausgedehnt hat.

Ziel der Zuchtverbände muss es daher sein, kostengünstige und effiziente Zuchtprogramme zu gestalten. Im Prozess der Globalisierung sind kleine Zuchtprogramme nicht mehr konkurrenzfähig. Die Zusammenarbeit von Alta Genetics und Landmark über die Grenzen von Kanada und den USA hinweg oder die Internationalisierung von ABS sind Beispiele für Zusammenschlüsse privater Organisationen zu Beginn der 90er Jahre. Die Kooperation von genossenschaftlichen Besamungsorganisationen in Holland Genetics zur Durchführung eines gemeinsamen Zuchtprogramms hat in der niederländischen Rindviehzucht stattgefunden. In Deutschland gründeten, um alle Aktivitäten in einem Zuchtprogramm zu koordinieren und einheitlich durchführen zu können, fünf Rinderzuchtorganisationen (Rinderproduktion Berlin-Brandenburg (RBB), Rinderproduktion Niedersachsen (RPN), Rinderzucht Mecklenburg-Vorpommern (RMV), Rinderzucht Schleswig-Holstein (RSH), Zuchtrindererzeugergemeinschaft Hannover (ZEH)) im Jahre 1998 die Nord-OST-Genetik. Das gleiche Interesse verfolgt die im August 1999 gegründete TopQ-Kooperation, bestehend aus dem Rinderzuchtverband Sachsen-Anhalt (RSA), dem Landesverband Thüringer Rinderzüchter (LTR), der Rinder-Union-West (RUW), der Weser-Ems-Union (WEU) und der Zucht- und Besamungsunion Hessen (ZBH). In der vorliegenden Arbeit soll eine Studie über ein modernes Milchrinderzuchtprogramm durchgeführt werden, die in einigen praktischen Detailfragen auf die Rahmenbedingungen der TopQ-Kooperation abgestimmt ist.

Den Marktanteil einer Zucht- und Besamungsorganisation bestimmen die Anzahl Bullen mit Zuchtwerten über einer Marktschwelle, die Spermapreise dieser marktfähigen Bullen und die Anzahl der verkauften Spermaportionen. Die Anzahl vermarktungsfähiger Bullen ist abhängig von der Gesamtzahl der Testbullen, der Anzahl Töchter je Testbulle und den Selektionskriterien der Elterntiere. Diese letztgenannten Faktoren werden in einer Strukturanalyse zum Testbulleneinsatz überprüft.

Hinsichtlich der nationalen Zuchtwertschätzung ist zu untersuchen, ob Heterogenität von Varianzen zwischen Subgruppen, also Zuchtverbandsgebieten, des gesamten, für die Zuchtwertschätzung zur Verfügung stehenden Datenmaterials, besteht. Wenn Heterogenität von Varianzen vorliegt, die von unterschiedlichen Verbandsgebieten verursacht wird, dann sind Verzerrungen in der Zuchtwertschätzung von Bullen zu erwarten, da deren Testeinsatz in der Regel nur innerhalb Verbandsgrenzen erfolgt. HILL (1984) zeigt, dass aus zwei gleich großen Gruppen mit gleichem Mittelwert, aber unterschiedlicher Standardabweichung, umso mehr Tiere aus der variableren Umwelt selektiert werden, je größer die Varianzunterschiede sind und je schärfer selektiert wird.

Im Prozess der Globalisierung werden zunehmend Jungbullen in anderen Ländern getestet. Hier ist die Gewichtung der Töchterinformationen aus mehreren Ländern im internationalen Zuchtwert eines Bullen für die Basen verschiedener Länder von Interesse. Daten der internationalen Zuchtwertschätzung von Besamungsbullen werden verwendet, um das genetische Niveau dominierender Holsteinländer vergleichen zu können. Diese vorzustellende Methode des Ländervergleichs mit den Ergebnissen für Produktions- und Exterieurmerkmale soll Empfehlungen geben, in welchen Ländern Präferenzen für die Selektion von Bullenvätern und Bullenmüttern zu setzen sind.

Für die Selektion von Bullenmüttern im Feld werden die Ursachen und Auswirkungen heterogener Varianzen innerhalb von Herden (Intraherdenvarianz) untersucht. Ziel der vorliegenden Studie ist es, eine Bestandsaufnahme der Varianzverhältnisse in Einzelherden von 6 Zuchtverbandsgebieten anhand rein phänotypischer Laktationsdaten durchzuführen, und auf dieser Basis die Auswahl von Bullenmüttern bei unterschiedlichen Restriktionen hinsichtlich der Herdenvarianz zu simulieren. Eine Alternative zur Selektion von Bullenmüttern im Feld ist die Stationsprüfung bzw. die Prüfung in vertraglich organisierten Testherden. Anhand von Modellkalkulationen wird der Zuchtfortschritt für unterschiedliche Varianten der zentralen Bullenmütterprüfung berechnet. Weitere Fragestellungen der zentralen Prüfung der Bullenmütter betreffen die optimale Dauer des Tests und den organisatorischen Ablauf.

Am Ende gilt es, das Schema eines modernen Zuchtprogramms zu entwickeln, in das unter Berücksichtigung der Erlös- und Kostenstruktur auch die neuesten Erkenntnisse aus Molekulargenetik und Biotechnik angemessen integriert werden.

2 Literatur

2.1 Rahmendaten des deutschen Zuchtprogramms der Rasse Holstein-Schwarzbunt

In *Tabelle 1* wird eine Übersicht der Anzahl Kühe und Betriebe sowie der Durchschnittsleistungen in den Produktionsmerkmalen aller deutschen Zuchtverbände für die Rasse Holstein-Schwarzbunt gegeben (ADR, 1999). Der erste Block mit LTR, RSA, RUW, WEU und ZBH kooperiert im TopQ-Zuchtprogramm, der zweite Block mit RBB, RMV, RPN und RSH repräsentiert die Nord-Ost-Genetik, und im dritten Block sind die sonstigen Verbände (Osnabrücker Herdbuchgesellschaft (OHG), Sächsischer Rinderzuchtverband (SRV), Zuchtverband Schwarzbunt und Rotbunt Bayern (SRB), Rinderunion Baden-Württemberg (RBW)) zusammengefasst, wobei der VOST (Verein Ostfriesischer Stammviehzüchter) im Bereich des Zuchtprogramms in enger Verbindung mit der TopQ-Kooperation steht.

Tabelle 1: Leistungsergebnisse der Herbuchkühe (Holstein-Sbt) 1999 nach Verbänden

Verband	Be- triebe	Kühe	Kühe/ Betrieb	Milch- kg	Fett- %	Fett- kg	Eiweiß- %	Eiweiß- kg
TopQ								
LTR	398	110059	276,5	6890	4,33	298	3,45	238
RSA	514	96758	188,2	7255	4,26	309	3,47	252
RUW	6428	156073	24,3	7879	4,15	349	3,33	262
WEU	3533	124309	35,2	7719	4,29	331	3,39	261
ZBH	1489	56004	37,6	7508	4,21	316	3,35	251
NOG								
RBB	555	140001	252,3	7026	4,26	299	3,49	245
RMV	549	115747	210,8	7310	4,27	312	3,50	256
RPN	6472	260953	40,3	7837	4,21	330	3,39	266
RSH	1133	60792	53,7	8106	4,26	345	3,39	275
Rest								
OHG	1353	36026	26,6	8421	4,14	349	3,36	283
SRV	643	144969	225,5	7111	4,33	308	3,47	247
SRB	824	24080	29,2	7706	4,15	320	3,37	260
VOST	2632	117610	44,7	7416	4,27	317	3,39	251
RBW	1113	41689	37,5	7338	4,19	308	3,35	246
Sbt-West	24977	877545	35,1	7555	4,22	327	3,37	262
Sbt-Ost	2659	607534	228,5	7112	4,29	305	3,48	247

Größere Betriebseinheiten mit durchschnittlich 228,5 Kühen je Betrieb sind Charakteristika der Neuen Bundesländer (zum Vergleich Alte Bundesländer: 35,1 Herdbuchkühe je Betrieb). Die Durchschnittsleistungen der Kühe aus den Neuen Bundesländern haben im Merkmal Milch-kg fast das Niveau der Alten Bundesländer erreicht. Die Vorteile in den Inhaltsstoffen sind auf die genetische Grundlage des Schwarzbunten Milchrindes (SMR) zurückzuführen.

Die Tendenz, dass in Zukunft die Rinderproduktion in Deutschland auf einzelbetrieblicher Ebene weiteren gravierenden strukturellen Änderungen unterworfen sein wird, zeigt der Vergleich der ADR-Jahresberichte für Milchkühe aller Rassen der Jahre 1992 bis 1999. Eine Reduzierung der Anzahl Milchkühe um jährlich 1,5% bis 2% durch Zuchtfortschritt und Betriebsaufgaben sowie eine Reduzierung der Anzahl milchviehhaltender Betriebe um jährlich 5% bis 6% und einer Erhöhung der Anzahl Milchkühe je Betrieb von 22,7 (1992) auf 30,6 (1999) als auch der Rückgang der Anzahl Erstbesamungen um jährlich ca. 3% zwingt die Zuchtorganisationen zu strukturellen Änderungen.

Um die Konkurrenzfähigkeit des deutschen Schwarzbuntzuchtprogramms beurteilen zu können, hat LEISEN (1999) eine Übersicht züchterisch und ökonomisch relevanter Rahmendaten der wichtigsten Holsteinländer zusammengestellt. Daraus ist abzuleiten, dass in Deutschland im Jahre 1998 insgesamt extrem hohe Anzahlen von Testbullen der Rasse Schwarzbunt (1026) geprüft wurden. Testkapazitäten bedeuten Kosten, die über den Verkauf von Vererbersperma gedeckt werden müssen. Das Verhältnis der Gesamterstbesamungen zur Anzahl Testbullen lag in Deutschland bei 2400, in den Niederlanden bei 3500 und in den USA gar bei 5000. Bis 1999 wurden in Deutschland 18 verschiedene Zuchtprogramme durchgeführt, d.h. es wurden durchschnittlich 57 Testbullen je Zuchtprogramm geprüft. Länder, die in der internationalen Zuchtwertschätzung für Besamungsbullen erfolgreich abschneiden, kommen mit wesentlich weniger Zuchtprogrammen aus (USA: 9 Zuchtprogramme, Frankreich: 4 Zuchtprogramme, Niederlande: 2 Zuchtprogramme). Die Grundvoraussetzungen zur effizienteren Gestaltung des Zuchtprogramms sind in Deutschland durch die Größe der aktiven Zuchtpopulation, die Herdbuchdichte und die Formen der Leistungsprüfung gegeben. LEISEN (1999) fordert daher ein Zusammenlegen der Zuchtprogramme, um die Konkurrenzsituation innerhalb Deutschlands zu minimieren und die Effizienz der Selektion zu steigern. Dieser Forderung wurde in Deutschland durch Gründung der oben erwähnten Kooperationen in den letzten beiden Jahren teilweise Rechnung getragen.

Um objektive Maßstäbe für die Qualität verschiedener Rinderzuchtprogramme in Deutschland zu entwickeln, rangieren GRANDKE und SIMIANER (1998) Top-50-Listen der deutschen Schwarzbuntbullen nach dem RZM von Schätzterminen zwischen März 1994 und August 1997. Die durchschnittliche Anzahl der Top-50-Bullen pro 10000 Herdbuchkühe und Jahr in Abhängigkeit von der aktiven Populationsgröße zeigt, dass sich Größennachteile weitgehend egalisieren lassen, wenn das Zuchtprogramm optimal ausgerichtet ist. Unterschiede in den Erfolgsfaktoren zwischen den deutschen Verbänden nach einer Korrektur für die Größe des Zuchtprogramms zeigen auch die Auswertungen von SWALVE und FEDDERSEN (1999).

2.2 Strukturanalyse zum Testeinsatz von Besamungsbullen

Das konventionelle Zuchtprogramm in der deutschen Rinderzucht läuft seit der Etablierung der künstlichen Besamung und der Möglichkeit der Spermatiefgefrierkonservierung nach der von SKJERVOLD (1966) vorgestellten Grundstruktur ab (*Abbildung 1*).

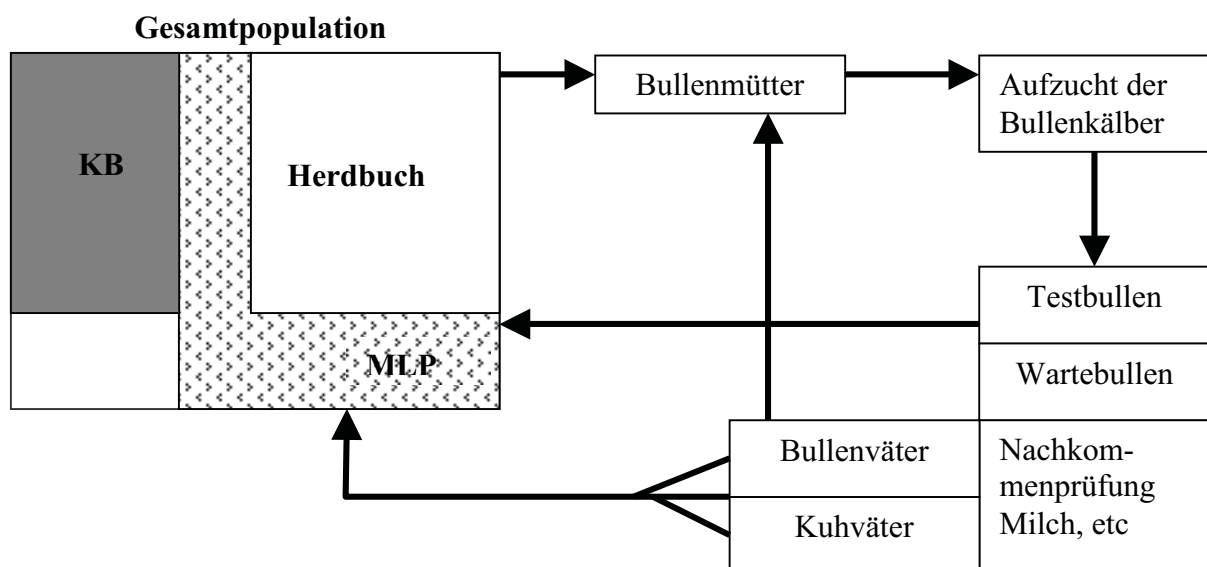


Abbildung 1: Schema eines konventionellen Besamungszuchtprogramms

Eine wichtige Frage bis in die heutige Zeit hinein betrifft hierbei den optimalen Testanteil und die anzustrebende Töchterzahl je Testbulle aus genetischer und ökonomischer Sicht. Um einen geregelten Testeinsatz durchzuführen und die Anpaarung der Testbullen an eine Zufallsstichprobe in der Population zu gewährleisten, gilt in Deutschland in vielen Verbänden der Zweitkalbskuhbeschluss. Das heißt, dass alle Erstkalbskühe der aktiven Population zum zweiten Kalb mit einem Testbulle zu besamen sind. Der Anteil der Testbesamungen ist in den letzten 15 Jahren von 15% auf fast 25% gestiegen. RENSING (1998) führt dies auf den Strukturwandel zurück. Freiwerdende Milchquote wandert oft von kleinen Betrieben, die keine Milchleistungskontrolle betreiben, in größere spezialisierte Milchviehbetriebe, die der Milchkontrolle oder gar dem Herdbuchverband angeschlossen sind. Obwohl also der Testbulleanteil auf MLP-Betriebsebene gleich geblieben ist, nämlich ca. 1/3 (30% Erstkalbskühe), wächst er anteilmäßig an den Gesamtbesamungen kontinuierlich. Heute stehen 75% aller besamten Kühe unter MLP und daraus resultiert ein Testanteil von 24%. Steigt der MLP-Anteil auf 85%, so ergeben sich bereits 28% Testbulleanteil. Weitere Effekte, wie die Verjüngung der Kuhbestände durch einen höheren Anteil Erstkalbskühe, wirken in die gleiche Richtung. Letztendlich müssen die Kosten des Testbulleinsatzes aber durch den Verkauf des Spermas hochpositiver Vererber aus dem Testprogramm gedeckt werden. LEISEN (1999) kalkuliert, dass die Kosten des Testbulleprogramms jede Erstbesamung in Deutschland mit 16,50 DM belasten.

DEKKERS et al. (1996) berechnen mit semistochastischen Simulationsmodellen die optimale Anzahl der Töchter je Testbulle bei einer fix gesetzten Testkapazität unter verschiedenen Szenarien für vier im Wettbewerb stehende Besamungsorganisationen. Im Gegensatz zu den älteren Untersuchungen mit deterministischen Modellen von RENDEL und ROBERTSON (1950) sowie SKJERVOLD und LANGHOLZ (1964) berücksichtigen DEKKERS et al. (1996) die Effekte der Selektion auf die genetische Varianz und Genauigkeit der Zuchtwertschätzung. Aufgrund der Reduzierung im Generationsintervall und der schärferen Selektion unter den Altbullen steigt grundsätzlich der Zuchtfortschritt mit der Größe der Testkapazität, was DEKKERS et al. (1996) sowohl für deterministische als auch semistochastische Modelle durch Variation der Testkapazität zeigen. Die optimale Anzahl Töchter liegt mit 60 für das semistochastische Modell leicht über dem Optimalwert, der mit dem deterministischen Modell ermittelt wird. Für ökonomische Bewertungen der optimalen Nachkommengruppengröße gilt es, die diskontierten Einnahmen aus dem Spermaverkauf und die diskontierten Züchtungskosten gegenüber zu

stellen. Die diskontierten Einnahmen aus dem Spermaverkauf berechnen DEKKERS et al. (1996) nach folgender Formel:

$$R_{ij} = 25000 \sum_t \sum_{k \in B_{t,ij}} P_{t,ijk} (1+r)^{-(t-1)/2}$$

- R_{ij} = total diskontierte Einnahmen aus dem Spermaverkauf der marktfähigen Bullen einer Besamungsorganisation j, die innerhalb eines halbjährigen Zeitabschnittes i geboren sind
- r = Jährliche Diskontierungsrate (5%)
- t = halbjährige Periode, in der das Sperma eines marktfähigen Bullen der Kohorte ij verkauft wird
- $B_{t,ij}$ = alle Bullen der Kohorte ij, die im Zeitraum t marktfähig sind
- $P_{t,ijk}$ = Spermapreis des marktfähigen Bullen k der Kohorte ij im Zeitraum t
- 25000 = Zahl der verkauften Spermaportionen eines marktfähigen Bullen im Zeitraum t

Entsprechend der Einnahmen aus dem Spermaverkauf werden auch die Kosten auf den Zeitpunkt der Geburt mit jährlich 5% diskontiert, wobei folgende Berechnung zugrunde gelegt wird:

$$C = B(F + VD)$$

- C = diskontierten Kosten der Kohorte
- B = Anzahl der selektierten Bullen
- F = fixen Kosten der selektierten Bullen
- D = Nachkommengruppengröße
- V = variable Kosten je Testbullenochter

Das Basisprogramm, 60 Testbullen mit je 60 Töchterleistungen je Testbulle, wird von den Besamungsorganisationen B, C und D durchgeführt. Für Besamungsorganisation A werden bei einer fixen Testkapazität bzgl. der Anzahl Testbullen und der Anzahl Töchter je Testbulle verschiedene Szenarien unterstellt und letztendlich der Gewinn ermittelt, der aus dem Verkauf von Spermaportionen positiver Vererber des Zuchtprogramms resultiert. Der Gewinn wird maximiert, wenn 45 Testbullen selektiert werden und die Nachkommengruppengröße 80 Töchter je Testbulle beträgt. Es werden somit weniger Testbullen mit höheren Töchterzahlen als im Basisprogramm geprüft, da die hohen Fixkosten für jeden selektierten Jungbullen stär-

ker ins Gewicht fallen als der Anstieg der variablen Kosten, verursacht durch Erhöhung der Nachkommengruppengröße.

DEKKERS et al. (1996) sowie DEKKERS und SHOOK (1990) weisen aber ausdrücklich darauf hin, dass neben der Struktur des Testprogramms der genetische Wert der Testbullen als das zukünftige Potenzial für positiv geprüfte Vererber entscheidend ist, um durch deren Spermaverkauf Gewinne zu erzielen.

In den USA werden einzelne Herden für den Testeinsatz von Jungbullen ausgewählt. VIERHOUT et al. (1998) gehen der Frage nach, ob Bullen in der Zuchtwertschätzung besser abschneiden, wenn ihr Testeinsatz in großen Herden oder in Herden mit hoher Durchschnittsleistung durchgeführt wird. Dazu teilen sie die Töchter von Bullen zweier Besamungsorganisationen entsprechend der Differenz der Daughter Yield Deviations (DYDs) minus dem Pedigreeaverage (PA), also dem Erwartungswert der Bullen, in drei Gruppen ein. Für Bullen, deren DYDs über dem Erwartungswert liegen, können keine signifikanten Unterschiede bzgl. der Kennziffern der Herden, in denen ihre Töchter stehen, ermittelt werden.

Im Testagsmodell (PTAK und SCHAEFFER, 1993; SWALVE, 1998; SWALVE, 2000) wird in der Zuchtwertschätzung als noch adäquatere Zeitgefährtengruppe der Herdenkontrolltag herangezogen. Deshalb ist grundsätzlich von einem Bullen ein extremerer Zuchtwert zu erwarten, wenn er bei gleicher Töchterzahl und gleichen Leistungsabweichungen seiner Töchter von den Herdentesttagsgefährtinnen in größeren Herden zum Einsatz kommt. Das Testen von Jungbullen in Vertragsbetrieben bietet die Möglichkeit, gezielt große Herden auszuwählen und den Testeinsatz in der Weise zu steuern, dass die effektive Töchterzahl (n_{eff}) erhöht wird. Deren Berechnung erfolgt nach ROBERTSON und RENDEL (1954):

$$n_{eff} = \sum_{i=1}^{nh} n_{ij} - \frac{n_{ij}^2}{ni.}$$

nh = Anzahl Herden

nij = Anzahl Töchter des Bullen j in Herde i

ni. = Anzahl aller Zeitgefährtinnen in Herde i.

2.2.1 Auswirkungen heterogener Varianzen in der Zuchtwertschätzung von Besamungsbullen

In Deutschland ist momentan innerhalb der Zuchtorganisationen und der Züchterschaft eine allgemeine Unzufriedenheit hinsichtlich der Ergebnisse der Zuchtwertschätzung für Bullen gegenwärtig, da die vorderen Plätze der Listen, rangiert nach den bedeutenden Relativzuchtwerten RZM und RZG, weitestgehend von Bullen der gleichen Organisationen eingenommen werden. Auch durch Berücksichtigung des dreimaligen Melkens in der VIT-ZWS (DOPP und REINHARDT, 2000) ab dem Zuchtwertschätztermin Februar 2000 konnte diese Problematik nicht beseitigt werden.

Ein Punkt, der schon in früheren Zeiten bzgl. des Zuchtwertschätzverfahrens diskutiert wurde und aufgrund der deutschen Situation mit teilweise völlig verschiedenen Betriebsstrukturen und Managementbedingungen in den Alten und Neuen Bundesländern wieder an Aktualität gewonnen hat, sind heterogene Varianzstrukturen zwischen Subpopulationen, also Zuchtverbänden, im gesamten, für eine Zuchtwertschätzung zur Verfügung stehendem Datenmaterial. Wenn Heterogenität von Varianzen vorliegt und diese durch unterschiedliche Verbandsgebiete verursacht wird, sind auch Verzerrungen in der ZWS zu erwarten. Dass durchaus heterogene Varianzverhältnisse vorliegen können, bestätigen Untersuchungen von DODENHOFF und SWALVE (1998) für verschiedene Wirtschaftsregionen Norddeutschlands in den Alten Bundesländern, die geographisch in etwa mit den Zuchtgebieten übereinstimmen. Heterogene additiv genetische Varianzen und Restvarianzen ermitteln IBANEZ et al. (1999), wenn sie das Datenmaterial der spanischen Holsteinpopulation nach Regionen stratifizieren.

Mehrere Untersuchungen beschäftigen sich mit den Folgen der Selektion, wenn homogene Varianzen zwischen Subpopulationen angenommen werden, aber tatsächlich heterogene Varianzverhältnisse vorliegen (u.a. VAN VLECK, 1963; HILL, 1984; VINSON, 1987; GARRICK und VAN VLECK, 1987; BOLDMAN und FREEMAN, 1990). Schon VAN VLECK (1963) weist nach, dass im höheren Herdenniveau eine höhere genetische Variabilität vorliegt und es somit für die ZWS eines Bullen von Vorteil sein kann, wenn Töchterleistungen aus niedrig leistenden Herden ignoriert werden. AVERDUNK und ALPS (1971) bilden drei Leistungsklassen und ermitteln in der höchsten Leistungsklasse die höchste Heritabilität. Die Rangierung der Bullen ist im niedrigen Leistungsniveau die gleiche wie im hohen Leistungsniveau. Wenn die Heterogenität der Varianzen ignoriert wird, könnten die Milchleistungen der Töchter eines Bullen

in variableren Herden den Zuchtwert des Bullen in einem größeren Ausmaß beeinflussen, als dies bei Töchtern in homogenen Herden der Fall wäre (VINSON, 1987). VINSON geht jedoch davon aus, dass die Töchter eines Bullen aus dem Testeinsatz auf alle Intraherdenvarianzen verteilt sind und somit keine Verzerrungen in der ZWS für diese Bullen zu erwarten sind.

Es ist jedoch fraglich, ob die Annahme, dass Verzerrungen in der ZWS von Bullen zu vernachlässigen sind, auch für die aktuelle deutsche Situation gilt. Hier operieren die Besamungsorganisationen regional begrenzt und entsprechend wird der Testeinsatz der Jungbullen durchgeführt. Nur in den seltensten Fällen erfolgt der Test eines Bullen sowohl in einer Region eines Verbandes aus den Alten Bundesländern als auch in einer Region eines Verbandes in den Neuen Bundesländern, deren Betriebsstrukturen sowie Management- und Fütterungsstrategien sich teilweise deutlich voneinander unterscheiden.

Wenn Ursachen erhöhter Intraherdenvarianz, wie die Optimierung von Haltung, Fütterung und Gesundheitsprophylaxe (PADIALLA und KEOWN, 1990), die verwendete Melktechnik und die Herdengröße (WEIGEL et al., 1993) oder unterschiedliche Sachkenntnis und Geschicklichkeit der Betriebsleiter (SHORT et al., 1990) exemplarisch für bestimmte Zuchtverbandsgebiete sind, dann tragen sie auch zur Heterogenität zwischen diesen bei. Als mögliche Ursachen für heterogene Varianzen zwischen Herden führt VINSON (1987) unterschiedliche regionale oder lokale Klimafaktoren und Unterschiede im Herdenmanagement auf. Als wichtige Faktoren des Herdenmanagements definiert er die Fütterungsintensität, Gesundheitsüberwachung und die Jungrinderaufzucht. Weitere Ursachen für heterogene Herden sind extreme Leistungen einzelner Kühe innerhalb einer Herde, die aus bewussten Sonderbehandlungen potenzieller Bullenmütter resultieren (DÖPKE und SWALVE, 1994).

2.2.2 Genetische Analysen für Produktionsmerkmale in verschiedenen Managementsystemen

Genotyp-Umwelt-Interaktionen treten auf, wenn Unterschiede der Umwelt unterschiedliche Auswirkungen bei verschiedenen Genotypen verursachen.

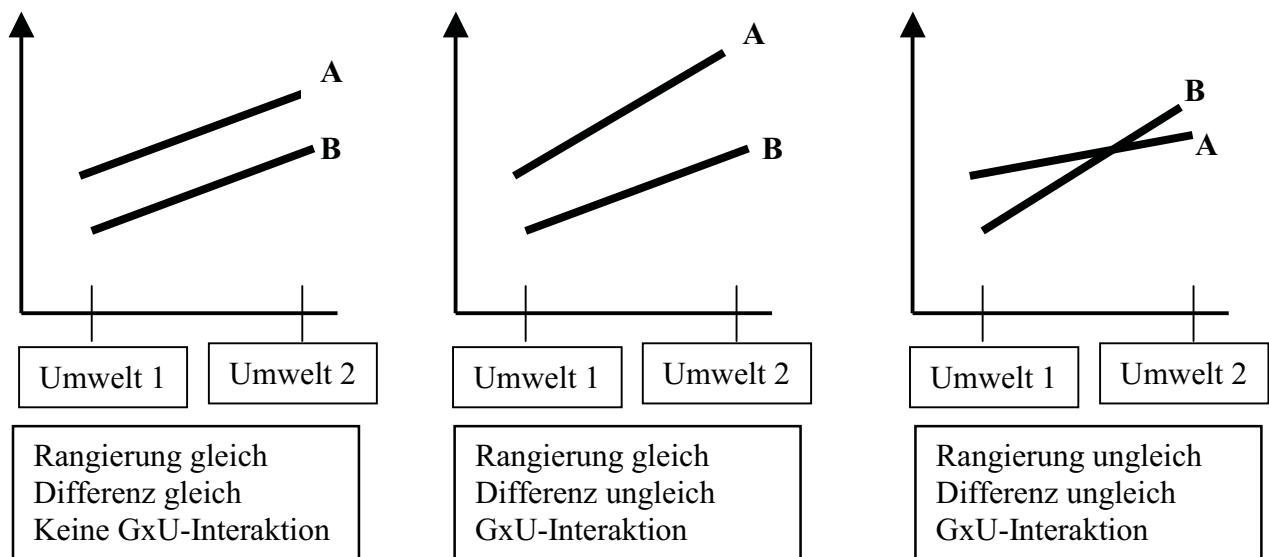


Abbildung 2: Wirkungsweisen der Genotyp-Umwelt-Interaktion (GxU-Interaktion)

In *Abbildung 2* sind die Wirkungsweisen einer Genotyp-Umwelt-Interaktion anhand der Zuchtwerte zweier Bullen A und B in zwei verschiedenen Umwelten dargestellt. Ist die Differenz der Zuchtwerte von Bulle A und Bulle B in beiden Umwelten identisch, so liegt keine Genotyp-Umwelt-Interaktion vor. Eine leichte Tendenz zur Genotyp-Umwelt-Interaktion besteht, wenn die Rangierung der Bullen in beiden Umwelten gleich ist, sich aber die Differenz zwischen den Zuchtwerten ändert. Die Existenz der deutlichsten Form einer Genotyp-Umwelt-Interaktion bedeutet, dass der beste Genotyp in einer Umwelt nicht auch der beste in einer anderen ist. Da die physiologischen Mechanismen in beiden Umwelten zum Teil verschieden sind, werden folglich auch verschiedene Gene für eine hohe Leistung angesprochen (FALCONER, 1952).

Die Bestimmung einer etwaigen Genotyp-Umwelt-Interaktion beruht auf dem Prinzip von FALCONER (1952), nämlich Leistungsausprägungen in verschiedenen Umwelten als verschiedene Merkmale zu definieren und somit genetische Korrelationen zwischen diesen Merkmalen berechnen zu können. Durch die Schätzung genetischer Korrelationen mit einem Mehr-

merkmals-Tiermodell ist es möglich, genetische Korrelationen zwischen zwei Merkmalen zu schätzen, die nicht am selben Tier gemessen werden können. Bei diesem Modell kann es kein Tier geben, das eine Leistung in beiden Umwelten aufweist. Deshalb können Kovarianzen und Korrelationen zwischen Resteffekten nicht geschätzt werden.

Beim Milchrind existieren zahlreiche Forschungsarbeiten, die sich mit dem Problem der Genotyp-Umwelt-Interaktion hinsichtlich eines Vergleichs der Milchleistung in verschiedenen Ländern oder Klimaten beschäftigen. Innerhalb Deutschlands gewinnen derartige Forschungsarbeiten an Aktualität, da sich bedingt durch die Wiedervereinigung in den Neuen Bundesländern moderne Betriebs- und Managementstrukturen ergeben haben, die deutlich von denen in den eher traditionell kleinbäuerlichen Familienbetrieben der Alten Bundesländer abweichen.

Eine Genotyp-Umwelt-Interaktion und daraus resultierende Rangverschiebungen der Zuchtwerte für Besamungsbullen ist von größtem Interesse für Zuchtorganisationen und Züchter. ROBERTSON (1959) schlägt vor, dass eine genetische Korrelation zwischen Leistungen in zwei verschiedenen Umwelten von kleiner 0,80 als Indikator einer Genotyp-Umwelt-Interaktion anzusehen ist, der von biologischer und wirtschaftlicher Bedeutung ist. ROBERTSON et al. (1960) ermitteln genetische Korrelationen für Britisch Friesian, die in Managementgruppen von niedriger, mittlerer und hoher Intensität gehalten werden, von 0,87 bis 0,96. WIGGANS und VAN VLECK (1978) können keine Genotyp-Umwelt-Interaktionen bei Bullennachkommenschaften im Nordosten der USA feststellen, deren Rationen unterschiedliche Kraftfutteranteile enthalten. Entsprechende Untersuchungen führen WAHEED et al. (1980) für Herden in Illinois durch und können ebenfalls keinen Beweis für eine Genotyp-Umwelt-Interaktion erbringen. GRAINGER et al. (1985) untersuchen in Neuseeland, ob eine Genotyp-Umwelt-Interaktion auftritt, wenn importierte Kühe energetisch nur auf Basis der Rotationsweide versorgt werden oder höhere Mengen an Kraftfutter erhalten. Eine Genotyp-Umwelt-Interaktion kann nicht nachgewiesen werden. CARABANO et al. (1990) können keine Genotyp-Umwelt-Interaktion nachweisen, wenn sie das Merkmal Milchmenge in den Staaten Kalifornien, New York und Wisconsin als verschiedene Merkmale definieren. Signifikante Interaktionen zwischen Bullennachkommenschaften und dem Niveau des Kraftfutteranteils in der Ration ermitteln WANG et al. (1992) in der kanadischen Holsteinpopulation, geben aber zu bedenken, dass diese Resultate dadurch beeinflusst sein könnten, dass die Kraftfutterzuteilung individuell entsprechend der Milchleistung erfolgte. WEIGEL et al. (1999) berechnen genetische Korrela-

tionen von 0.92, 0.88 und 0.99 für die Merkmale Milch,- Fett- und Eiweißmenge zwischen zwei verschiedenen Managementsystemen in Wisconsin. Hierbei vergleichen sie das konventionelle System mit hohem Kraftfutterinput mit einem System, das auf intensiver Weidewirtschaft und geringen Kraftfuttergaben basiert. Basierend auf einem Datensatz mit 104 Kühen, die in der ersten Laktation in Züchterställen (Produktionsumwelt) und in der zweiten Laktation in einer zentralen Teststation (Prüfumwelt) gehalten werden, berechnen SWALVE et al. (1993) genetische Korrelationen zwischen diesen Umwelten von 0.93, 0.94 und 0.65 für die Merkmale Milch,- Fett- und Eiweißmenge. CROMIE (2000) teilt Herden aus Irland entsprechend ihres Kraftfutterinputs in 2 Kategorien ein und berechnet genetische Korrelationen zu den entsprechenden Produktionsmerkmalen von HF-Kühen in den USA, die eine sehr hohen Kraftfuttermenge von durchschnittlich 30 dt je Kuh und Jahr erhalten. Die Korrelationen zu Kühen aus irischen Herden, die zu dem Viertel mit dem größten Kraftfuttereinsatz gehören, betragen im Merkmal Milch-kg 0,93 bzw. 0,91 im Merkmal Eiweiß-kg. Deutlich niedriger sind die Korrelationen zu jenen irischen Herden, die zu dem Viertel mit dem niedrigsten Kraftfuttereinsatz zählen; 0,85 für Milch-kg und 0,89 für Eiweiß-kg.

In moderneren Arbeiten teilen COSTA et al. (1998), CIENFUEGOS-RIVAS et al. (1999), COSTA et al. (2000), CASTILLO-JUAREZ et al. (2000) Herden in verschiedenen Ländern entsprechend ihrer Standardabweichung innerhalb Herdenkalbejahr in drei verschiedene Niveaulassen von niedrig bis hoch ein (vgl. *Tabelle 2*).

Tabelle 2: Genetische Korrelationen im Merkmal Milch-kg zwischen verschiedenen Managementsystemen

Autor	Material	r_g
COSTA et al. (1998)	HF : USA (ges.) → Brasilien ¹⁾	.79-.80
CIENFUEGOS-RIVAS et al. (1999)	HF : USA (ges.) → Mexiko ¹⁾	.63-.71
	USA (niedrig) → Mexiko ¹⁾	.69-.93
COSTA et al. (2000)	HF : USA (ges.) → Brasilien ¹⁾	.79-.87
	USA (niedrig) → Brasilien (niedrig)	.72
	USA (hoch) → Brasilien (hoch)	.88
	USA (niedrig) → Brasilien (hoch)	.86
CASTILLO et al. (2000)	HF : USA (niedrig) → USA (hoch)	.98

¹⁾jeweils vom niedrigen zum hohen Niveau

Eine weitere Möglichkeit, um etwaige Genotyp-Umwelt-Interaktionen nachweisen zu können, beschreiben STRANDBERG et al. (2000). Für das Merkmal 305-Tage-Eiweiß-kg der Rasse Ayrshire in vier nordischen Ländern wenden sie ein lineares Random Regression Modell an. Phänotypische Leistungen der Töchter eines Bullen werden auf ihre jeweilige Umwelt, die Herde, regressiert und als sogenannte Reaktionsnormen dargestellt. Da der Umweltfaktor ‚Herde‘ auf einer einzigen Skala über alle Länder hinweg gemessen wird, wird das Problem der Gruppierung der Beobachtungswerte vermieden und somit auch das Problem der genetischen Verknüpfung, der connectedness, zwischen den Gruppen bzw. den Ländern. STRANDBERG et al. (2000) weisen Genotyp-Umwelt-Interaktion für das Merkmal Eiweiß-kg nach, im niedrigen Produktionsniveau kommt es gar zu Rangverschiebungen.

Eine Genotyp-Umwelt-Interaktion im Merkmal Milchmenge für die Rasse Holstein-Schwarzbunt zwischen Kanada und einem tropischen Standort (Malawi) leitet CHAGUNDA (2000) aus der geringen genetischen Korrelation von 0,44 ab. Allerdings beruht die Schätzung dieser genetischen Korrelation auf der näherungsweise abgeleiteten Korrelation zwischen geschätzten Zuchtwerten der Bullen. Die Umrechnung einer Korrelation zwischen geschätzten Zuchtwerten in eine genetische Korrelation erfolgt nach folgender Formel (siehe CALO et al., 1972):

$$r_g = \frac{\sqrt{\sum r_{TI_1}^2} * \sqrt{\sum r_{TI_2}^2}}{\sum r_{TI_1}^2 * r_{TI_2}^2} * r_{ZW1,ZW2}$$

Hohe Sicherheiten der Zuchtwertschätzung (r_{TI}^2) ermöglichen die approximative Schätzung der genetischen Korrelation aus der Korrelation zwischen Zuchtwerten ($r_{ZW1,ZW2}$). Dabei ist die Korrelation zwischen Zuchtwerten immer eine Unterschätzung der genetischen Korrelation.

2.3 Selektion von Bullenvätern

Die Selektion der besten Bullenväter ist ein integraler Bestandteil eines erfolgreichen Zuchtprogramms. Die Konzentration auf wenige, im Zuchtwert überragende Bullen-, aber auch Kuhväter, führt zum größten Zuchtfortschritt in der Population, wie Modellkalkulationen von VAN VLECK (1981) zeigen. Auch in einer Rückschau bzw. Erfolgskontrolle anhand der Zuchtwertdateien der deutschen Testbullen, stratifiziert nach Testbullenjahren, wird

deutlich, dass immer dann der größte Zuchtfortschritt realisiert wurde, wenn sich das Zuchtprogramm auf wenige Bullenväter gestützt hat.

Allerdings sollte bei der Selektion der Bullenväter in Zukunft der Aspekt einer Inzuchtminimierung berücksichtigt werden. Bis 1990 betrug die Inzuchtsteigerung innerhalb der wichtigsten Holsteinländer 0,01% pro Jahr, aber ab 1990 ist diese jährliche Inzuchtsteigerung auf 0,2% bis 0,3% angewachsen, so dass der aktuelle durchschnittliche Inzuchtkoeffizient in der Holsteinpopulation Kanadas und der USA über 4,5% liegt (MIGLIOR, 2000). Die negativen Effekte der Inzucht auf Leistungs- und Fitnessmerkmale werden ausführlich von HOESCHELE (1991) und THOMPSON et al. (2000) beschrieben, wobei MIGLIOR (2000) für die Leistungsreduktion infolge Inzuchtsteigerung eine gewisse Familienabhängigkeit sieht.

In dieser Arbeit geht es aber weniger darum, die Selektionskriterien für Bullenväter zu untersuchen, sondern grundsätzliche Empfehlungen zu geben, aus welchen Ländern Bullenväter selektiert werden sollten. Um verschiedene Länder hinsichtlich ihres genetischen Niveaus vergleichen zu können, ist zwangsläufig die internationale Zuchtwertschätzung für Besamungsbullen zu analysieren.

2.3.1 Internationale Zuchtwertschätzung für Besamungsbullen

Insbesondere für die Rasse der Holsteins ist eine internationale Zuchtwertschätzung von großer Wichtigkeit und Notwendigkeit. Die internationale Ausrichtung für den Bereich Holstein-Schwarzbunt zeigt *Tabelle 3*, in der für ausgewählte Länder die Bullen der Geburtsjahrgänge 1990 bis 1994 mit ihren ausländischen Verwandten aufgeführt sind. Die dominierenden Holsteinländer, insbesondere Kanada, Niederlande und USA, haben einen hohen Anteil eigener Vererber mit Töchtern im Ausland. Jene Länder (Spanien, Großbritannien, Neuseeland) die nicht über eine genetisch hochwertige Holsteinpopulation verfügen, vertrauen bei der Auswahl ihrer Bullenväter und auch Bullenmütter im zunehmenden Maße auf ausländische Genetik.

Welch große finanzielle Bedeutung der Spermaverkauf der besten Bullen ins Ausland hat, soll hier am Beispiel der USA aufgeführt werden. Im Jahr 1998 wurden insgesamt 8,7 Millionen Spermaportionen im Wert von 55,7 Millionen US\$ exportiert, davon 2,1 Millionen Portionen

in die EU im Wert von 23 Millionen US\$. Deutschland hat im Jahr 1998 durch den Verkauf von Sperma insgesamt 6,2 Millionen DM und durch den Export von Zuchtvieh insgesamt 131 Millionen DM eingenommen

Table 3: Holsteinbullen nach Herkunftsländern mit ausländischen Verwandten (*Interbull-Datei 11/99*)

Land	Bullen gesamt	Bullen (in %) mit ausländischen		
		Vätern	Müttern	Töchtern
Kanada	2013	47	10	34
Deutschland	3978	89	12	9
Frankreich	2390	95	47	10
Italien	1489	92	10	5
Niederlande	2521	70	38	26
USA	8247	8	1	16
Spanien	72	100	88	3
Großbritannien	448	98	73	3
Australien	834	98	54	5
Neuseeland	982	72	19	5
Israel	225	54	0	0

Aufgrund dieser Globalisierung der Zucht- und Besamungsindustrie sowie des stetig wachsenden Handels mit Sperma, Embryonen und Zuchtvieh ist die internationale ZWS für Holstein-Bullen von großer Bedeutung und mittlerweile zur Meßlatte der internationalen Vermarktung geworden. Zur Schätzung international vergleichbarer ZW auf der Basis nationaler Ergebnisse erfolgte 1983 die Gründung von Interbull als Subkomitee des internationalen Komitees für Leistungsprüfung (ICAR). Das erste Prinzip der Interbull-Zuchtwertschätzung war die einfache Transformierung von ausländischen Zuchtwerten mittels einer linearen Umrechnungsformel. Bei dieser einfachen Umrechnungsart wurde bei jedem Bullen nur seine eigene Information (Zuchtwert aus Töchterleistungen) aus dem Herkunftsland berücksichtigt. Zudem wurde unterstellt, dass die Pedigree-Zuchtwerte der Bullen im Herkunfts- und Importland gleich sind. Dadurch bleibt generell die gegebene Rangfolge der Bullen im Herkunfts- und im Importland gleich.

Ein erstes WELT-BLUP-ZWS-Modell wird von SCHAEFFER (1985) vorgeschlagen. Hierbei werden die nationalen Zuchtwerte eines Bullen als abhängige Variablen definiert und ein ein-

ziger, für alle Länder geltender Zuchtwert, geschätzt. Dieses Verfahren bietet ebenfalls keine Möglichkeit zur Berücksichtigung etwaiger Genotyp-Umwelt-Interaktionen. Aufbauend auf der Grundidee von FALCONER (1952), Leistungen in verschiedenen Umwelten, sprich Ländern, als verschiedene Merkmale zu interpretieren, entwickelt SCHAEFFER (1994) das MACE (Multiple Across Country Evaluation)-Verfahren, welches mittlerweile das von Interbull verwendete Verfahren für die Weltzuchtwertschätzung geworden ist. Im MACE-Verfahren werden zusätzliche Verwandteninformationen über alle Länder eingebunden und damit automatisch Unterschiede im Pedigree-Zuchtwert (Erwartungswert der Bullen) mit berücksichtigt. Jeder Bulle bekommt in jedem Land, das an der Interbull-ZWS teilnimmt, einen Zuchtwert; auch dann, wenn er in diesem Land keine Töchter hat. Durch dieses im MACE-Verfahren angewendete Mehrmerkmalsmodell ist es möglich, dass die Rangierung der Bullen im Importland und im Herkunftsland nicht die gleiche sein muss.

2.3.1.1 Probleme der aktuellen MACE-ZWS

Der erste Schritt des Verfahrens bei Interbull ist die Schätzung der genetischen Korrelationen mit einem approximativen REML-Verfahren (SIGURDSSON und BANOS, 1995). Als Beobachtungen gehen aufgrund der Möglichkeiten in den Rechenkapazitäten nicht die Originaldaten der Kühe in die Gleichungssysteme ein, sondern sogenannte De-Regressed-Proofs (ROZZI und SCHAEFFER, 1996). Dies sind auf eine fiktive Originalskala rücktransformierte nationale Zuchtwerte der Bullen, denen die Regressierung auf das Mittel gemäß des Informationsgehaltes, sowie alle Anteile am Zuchtwert, die von verwandten Tieren außer den eigenen Töchtern stammen, genommen werden und die somit äquivalent zu den Daughter Yield Deviations (DYDs) sind.

Derzeit nehmen an der MACE-Zuchtwertschätzung für Produktionsmerkmale 26 Länder und für Exterieur 10 Länder teil. Zur Schätzung der genetischen Korrelationen können aber nicht alle teilnehmenden Länder gleichzeitig berücksichtigt werden, sondern es werden mehrere Teilmengen von je 10 Ländern gebildet. Jene Länder, die die meisten genetischen Verknüpfungen zu anderen Ländern aufweisen, sind somit in mehreren Teilmengen vertreten. Werden für ein Länderpaar verschiedene genetische Korrelationen geschätzt, so wird der höchste Schätzwert offiziell ausgegeben, da SIGURDSSON et al. (1996) gezeigt haben, dass genetische Korrelationen mit dem zugrundeliegenden Schätzverfahren unterschätzt, aber nicht über-

geschätzt sein können. Eine Auswahl aus der Matrix der genetischen Korrelationen für das Merkmal Eiweiß-kg der wichtigsten Holsteinländer zuzüglich Neuseeland (NZL) und Australien (AUS) ist in *Tabelle 4* dargestellt.

Tabelle 4: Beispiel für die Matrix der genetischen Korrelationen im Merkmal Eiweiß-kg (IB-ZWS 11/99)

	DEU	FRA	ITA	NLD	USA	NZL	AUS
CAN	0,90	0,94	0,93	0,94	0,95	0,82	0,81
DEU		0,88	0,89	0,91	0,89	0,77	0,77
FRA			0,93	0,94	0,92	0,82	0,84
ITA				0,93	0,96	0,80	0,78
NLD					0,94	0,81	0,82
USA						0,78	0,79
NZL							0,91

Die Schätzung der genetischen Korrelation zwischen Ländern ist nicht nur mit dem rechen-technischen Problem, sondern der oftmals unzureichenden verwandtschaftlichen Verknüpfung der Bullen über Ländergrenzen hinweg behaftet. Dies gilt nicht so sehr für den Holsteinbereich, ist aber bei weniger global ausgerichteten Rassen (Ayrshire, Brown Swiss, Jersey und Simmental) der Fall. Können für diese Rassen zwischen Länderpaaren keine genetischen Korrelationen geschätzt werden, werden die einer anderen Rasse übernommen .

Die Struktur der genetischen Korrelationen bestimmt, wie die Leistungsinformationen eines Bullen aus einem Land A in der MACE-ZWS für diesen Bullen in einem anderen Land B zu gewichten sind. VAN DER BEEK (1999) untersucht die Beziehung der genetischen Korrelationen zwischen Ländern und den relativen Einfluß der Töchterleistungen eines Bullen aus mehreren Ländern im MACE-Zuchtwert des betreffenden Bullen für die Basis verschiedener Länder. Im Extremfall wird ein ‘universeller Bulle’ mit je 50 Töchtern in 23 Ländern betrachtet. Aufgrund der Größe der Kovarianzmatrix sind die Gewichtungen für die Töchterinformation dieses Bullen aus einzelnen Ländern in der MACE-ZWS für die Basis eines jeden Landes seitens der Züchter und Zuchtorganisationen nicht immer nachzuvollziehen, es kommt für sie ‚zu unerklärlichen negativen Gewichtungen‘. Dies ist ein altbekanntes Problem, wenn mit relativ vielen Merkmalen gleichzeitig gearbeitet wird; ein statistisch korrektes, aber in der Praxis schwierig nachvollziehbares Phänomen. Die Zuchtorganisationen sind bestrebt, zu-

nehmend Absatzmärkte über nationale Grenzen hinweg zu erschließen. Die finanziellen Einbußen sind nicht zu unterschätzen, wenn der nationale Zuchtwert des Bullen ansteigt, aber diese ‘positiven nationalen Töchterleistungen’ in der MACE-ZWS auf Basis eines Hauptabsatzlandes negativ gewichtet werden.

Die Konfrontation mit 26 verschiedenen Toplisten für die Produktionsmerkmale und 10 verschiedenen Toplisten für Exterieur bereiten auch den Sire Analysten, die für die Selektion der weltweit besten Bullenmütter und Bullenväter zuständig sind, einige Schwierigkeiten. Bullen, die auf deutscher Basis auf Toppositionen rangieren und als Anpaarungsempfehlung in den Überlegungen der Sire Analysten für potenzielle ausländische Bullenmütter eine dominierende Rolle spielen, schneiden unter Umständen in der MACE-ZWS im Herkunftsland der potenziellen Bullenmutter unbefriedigend ab. Grundsätzlich müssen die Sire Analysten festlegen, in welchen Ländern Selektionsschwerpunkte zu setzen sind. Da aber aus politischen Gründen das genetische Niveau der einzelnen Länder von Interbull nicht veröffentlicht wird, stellt sich die Frage, wie Populationen dann überhaupt verglichen werden können.

2.3.1.2 Grenzen der MACE-ZWS

In Zukunft ist davon auszugehen, dass immer mehr neue Länder an der internationalen Zuchtwertschätzung teilnehmen werden. Dies wird bedeuten, dass die Varianz/Kovarianz-Matrizen immer größere Dimensionen annehmen, und die eben geschilderte Problematik verschärft wird. Unzureichende genetische Verbindungen zwischen Ländern, insbesondere bzgl. der Holsteinzucht unbedeutender neuer Mitgliedsländer, führen zu Fehlern in der Schätzung der Kovarianzen.

WEIGEL und REKAYA (1999) halten es für sinnvoller, genetische Korrelationen bzw. etwaige Genotyp-Umwelt-Interaktionen weniger an Ländergrenzen festzumachen, sondern sie favorisieren ein sogenanntes ‚borderless clustering‘. In einem Projekt auf Basis von Originaldaten aus Belgien, der Tschechischen Republik, Dänemark, Estland, Finnland, Israel, der Schweiz sowie fünf Regionen aus den USA zeigen sie, dass, wenn jede Herde einem fiktiven Produktionssystem zugeordnet wird, weltweit nur fünf Produktionssysteme zu unterscheiden sind. Zur Clustereinteilung der Herden werden folgende Kriterien herangezogen: Kuhzahl je Herde, mittleres Kalbeintervall, Melkhäufigkeit, Erstkalbealter, 305-Tage Milchmenge, wichtigster

Kalbemonat, mittlerer Zuchtwert der Väter, Prozent Holstein-Gene der Väter, Breitengrad, Seehöhe, mittlere Temperatur im Juli, mittlerer Niederschlag im Juli und der Weideanteil. Diese Clustereinteilung hätte zur Folge, dass beispielsweise die Herden aus dem Nordwesten der USA, auf die die Charakteristika hohe Laktationsleistungen, hohe Melkfrequenz und geringer Niederschlag im Juli zutreffen, in der MACE-Zuchtwertschätzung einem Cluster angehören würden, in welches keine oder nur wenige Herden aus anderen Regionen der USA fallen würden, sondern hauptsächlich israelische Herden mit ähnlichen Produktionskennzahlen.

2.4 Selektion von Bullenmüttern

Die Effizienz der Bullenmütterselektion hat große Bedeutung für den Zuchtfortschritt im gesamten Zuchtprogramm (SKJERVOLD, 1966). Im Gegensatz zu der im wesentlichen festgelegten Selektionsstrategie der Bullenväter bietet die Selektion der Bullenmütter mehr Raum in der Gestaltung des Zuchtprogramms bzw. Verbesserungsmöglichkeiten und zeigt gegenwärtig einige gravierende Unterschiede zwischen den diversen Zuchtorganisationen. Diese Unterschiede werden an folgenden Punkten deutlich:

- den zugrundeliegenden Selektionskriterien
- der Nutzung des zur Verfügung stehenden Selektionspools (innerhalb des Zuchtgebietes, innerhalb Deutschlands, weltweit)
- der Gewichtung der einzelnen Kategorien (Jungrinder, Färsen mit Einsatzleistung, Kühe mit einer abgeschlossenen Laktation, Kühe mit mehreren Laktationen)
- der Integration einer zentralen Prüfung potenzieller Bullenmütter in das konventionelle Zuchtprogramm

2.4.1 Organisatorischer Ablauf der Bullenmütterselektion im Feld

Im wesentlichen soll hier die gegenwärtige Vorgehensweise der TopQ-Kooperation bzgl. der Selektion von Bullenmüttern im Feld vorgestellt werden. Im Verbund TopQ führen die fünf Mitgliedsorganisationen ein groß angelegtes Zuchtprogramm für die Rassen Holstein und Red Holstein durch, im Rahmen dessen pro Jahr etwa 400 Bullen getestet werden. Dabei wird sowohl auf der Vater- als auch auf der Mutterseite die gesamte Bandbreite der international verfügbaren Spitzengenetik genutzt. TopQ-Anpaarungskühe stehen dabei nicht nur in deutschen

Zuchtgebieten, sondern zu mehr als 50% auch in den USA, Kanada, den Niederlanden, Italien, Dänemark Frankreich, Belgien, Luxemburg und Irland. Für jedes Land steht innerhalb TopQ ein eigener Sire Analyst zur Verfügung, der ständig auf der Suche nach den besten Bullenmüttern ist.

Für die insgesamt 217 jährlich zu testenden schwarzbunten Holsteinbullen, die nach gemeinsamen, für alle fünf Verbände geltenden TopQ-Richtlinien selektiert werden, sollen 50% ausländischer Herkunft sein, 20% innerhalb des TopQ-Gebietes ausgewählt werden und die restlichen 30% aus Bullenmüttern der übrigen deutschen Zuchtverbände abstammen. Abgestimmt auf bisherige Erfolgsquoten der abgeschlossenen Anpaarungsverträge ergibt sich folgende Zahl der abzuschließenden Verträge: 113 innerhalb des TopQ-Gebietes, 198 im Rest von Deutschland und 352 im Ausland. Der Anteil der zu selektierenden Bullenmütter aus den einzelnen Verbänden innerhalb des TopQ-Gebietes und innerhalb des ‚Rests von Deutschland‘ berechnet sich aus den Anteilen der Kühe des jeweiligen Verbandes in der Top-1000-Liste (Tabellen 5a und 5b). Die Top-1000-Liste ist eine Top-Liste nach RZM und wird vom VIT nach jedem Zuchtwertschätztermin erstellt.

Table 5a: Anzahl abzuschließender Anpaarungsverträge im TopQ-Kooperationsgebiet

	LTR	RSA	RUW	WEU	ZBH
Anzahl in RZM-Liste	17	15	230	68	27
Anteil in RZM-Liste	5 %	4 %	64 %	19 %	8 %
Anzahl Verträge	5	5	73	21	9

Table 5b: Anzahl abzuschließender Anpaarungsverträge im Rest von Deutschland

	RMV	RSH	SRB	RBW	VOST	ZEH
Anzahl in RZM-Liste	44	110	10	34	45	221
Anteil in RZM-Liste	9 %	24 %	2 %	7 %	10 %	48 %
Anzahl Verträge	17	43	4	13	18	86

2.4.2 Kriterien der Selektion von Bullenmüttern im Feld

Die Bullenmütter der TopQ-Testbullen sollen zu 20% Jungrinder, zu 60% Färsen mit Einsatzleistung, die i. d. R. noch keinen Zuchtwert haben und zu 10% Kühe mit mindestens einer abgeschlossenen Laktation sein. Die für die jeweilige Kategorie festgelegten Selektionskriterien (Stand: Februar 2000) unterscheiden sich für Bullenmütter aus dem TopQ-Gebiet und Gebieten außerhalb des TopQ-Gebietes (*Tabelle 6*).

Tabelle 6: Mindestbedingungen für Bullenmütter des TopQ-Zuchtprogramms

Kriterium	Kühe \geq 1 abgeschlossener LA		Färsen mit Einsatzleistung		Jungrinder	
	TopQ-Gebiet	außerhalb	TopQ-Gebiet	außerhalb	TopQ-Gebiet	außerhalb
Einsatzleistung	-	-	30 kg / 3,6 % / 3,2%		-	-
RZM ¹⁾	130	136	128	134	132	138
ZW-F.-% ¹⁾	-0,50	-0,50	-0,50	-0,50	-0,50	-0,50
ZW-E.-% ¹⁾	-0,20	-0,20	-0,20	-0,20	-0,20	-0,20
Fett-kg LA 1	315	315	-	-	-	-
Fett-kg \geq LA 2	335	335	-	-	-	-
Eiw.-kg LA 1	275	275	-	-	-	-
Eiw.-kg \geq LA 2	290	290	-	-	-	-
Einst. 1. LA	84	85	84	85	-	-
Einst. \geq 2. LA	85	85	-	-	-	-
RZM d. Vaters	118	124	124	128	128	134
Pedigree-RZE	106	1,5 s über \emptyset	124	1,5 s über \emptyset	112	1,5 s über \emptyset
Fett.-kg LA 1 ²⁾	295	295	295	295	315	315
Fett-kg \geq LA 2 ²⁾	315	315	315	315	335	335
Eiw.-kg LA 1 ²⁾	255	255	255	255	275	275
Eiw.-kg \geq LA 2 ²⁾	275	275	275	275	290	290
Einstufung ³⁾	84	85	84	85	85	85
RZM d. MGS ⁴⁾	112	118	118	124	122	128

¹⁾ Bei Färsen und Jungrindern Pedigreezuchtwerte aus Vater- und Mutter-ZW

²⁾ Laktationsleistung der Mutter

³⁾ Einstufungsergebnis der Mutter

⁴⁾ MGS = maternal Grandsire = Vater der Mutter

Da für Bullenmütter keine Interbull-Zuchtwerte vorliegen, werden Kuhzuchtwerte aus dem Ausland mit Hilfe der von Interbull ausgegeben Umrechnungsfaktoren für Bullen auf die deutsche Basis transformiert. TÄUBERT et al. (1999) weisen auf die mögliche Diskrepanz vom nationalen Zuchtwert einer Kuh zum Pedigreezuchtwert hin, wenn diese Kuh eine der ersten Töchter eines Importbullen ist. Der nationale Zuchtwert einer Kuh basiert ausschließlich auf in Deutschland erbrachten Leistungen, während der Pedigreezuchtwert den MACE-Zuchtwert des Vaters berücksichtigt. TÄUBERT (2000) entwickelt daher ein ‚Blending-Verfahren‘, das die internationalen Zuchtwerte in der nationalen Zuchtwertschätzung mit berücksichtigt.

2.4.3 Problematik der Selektion von Bullenmüttern im Feld

Die Effizienz der Selektion der Bullenmütter im Feld wird durch zwei dominierende Einflussgrößen bestimmt. Zum einen die Unterstellung einer homogenen Varianzstruktur im Modell der Zuchtwertschätzung, zum anderen die bewusste Leistungsmanipulation potenzieller Bullenmütter durch Sonderbehandlungen.

Wenn in der Routinezuchtwertschätzung mit einem einheitlichen Satz genetischer Parameter gearbeitet wird, aber tatsächlich heterogene Varianzverhältnisse zwischen Subpopulationen vorliegen, hat dies insbesondere Auswirkungen auf die Zuchtwertschätzung von Kühen, die sich im Laufe der Zeit sogar akkumulieren (VINSON, 1987). Auch das eingangs erwähnte Selektionsbeispiel von HILL (1984), dass auf rein phänotypischer Basis die Selektionsvorteile für Tiere aus der variableren Umwelt aufzeigt, sollte hier noch einmal erwähnt werden. In einer Simulationsstudie von GARRICK und VAN VLECK (1987) wird deutlich, dass je nach Annahme der genetischen Parameter völlig unterschiedliche Anteile von Kühen aus drei hypothetischen Umwelten ausgewählt werden (*Tabelle 7*). Für die Umwelten 1, 2 und 3 gelten gleiche additiv-genetische Varianzen. Die Restvarianz in Umwelt 2 ist gegenüber jener in Umwelt 1 um 41% erhöht, während die Restvarianz in Umwelt 3 noch mal um 67% über dem Niveau von Umwelt 2 liegt. Wenn eine homogene Varianzstruktur unterstellt wird, aber in den einzelnen Umwelten unterschiedliche Restvarianzen vorliegen, dann werden die Kühe aus der Umwelt mit der größten Restvarianz in der Selektion bevorzugt.

Tabelle 7: Ergebnisse einer Simulationsstudie an Daten mit heterogener und homogener Varianzstruktur, wenn in beiden Fällen eine homogene Varianzstruktur unterstellt wird (nach GARRICK und VAN VLECK, 1987)

Umwelt	Anzahl Bullenmütter aus der Umwelt ausgewählt	
	Tatsächlich homogene Varianzstruktur	Tatsächlich heterogene Varianzstruktur
1	418	185
2	306	262
3	176	453

EVERETT et al. (1982) stellen in ihren Untersuchungen an einzelnen Herden Restvarianzen in der Größenordnung von 500-1800 kg² bei einem Mittelwert von 920 kg² fest. Bei gleichem genetischen Wert der Herden werden aus der Herde mit einer Restvarianz von 1800 kg² 10 % der Kühe als potenzielle Bullenmütter ausgewählt, dagegen keine aus einer Herde mit der niedrigsten Restvarianz.

Überschätzte Kuhzuchtwerte bzw. die Selektion der falschen Bullenmütter kann eine Ursache sein, warum der Zuchtwert von Bullen mit extremen Elternzuchtwerten bei späteren Schätzterminen stark abfällt. Dieses Phänomen wurde auch schon im Ausland, so z.B. den USA beobachtet. EVERETT (1984) prägte dafür den Begriff des ‚pedigree slippage‘. Eine Ursache überschätzter Kuhzuchtwerte ist die Sonderbehandlung potenzieller Bullenmütter. Sie wirkt sich gleich in mehrfacher Hinsicht mindernd auf den erzielbaren Zuchtfortschritt aus. Denn erstens wird die Selektion der Bullenmütter erschwert und zweitens ergeben sich bei der Zuchtwertschätzung ihrer Söhne Situationen wie die eben geschilderte. Studien von BOGESS (1986) an der Holsteinpopulation im Nordosten der USA haben zum Ziel, die genauen Gründe des ‚pedigree slippage‘ darzulegen. Dabei stellt er fest, dass die Differenz zum Pedigreeindex gering gehalten wird, wenn die Zuchtwerte der Bullen auf Basis der Nichtherdbuchkühe (Grades) geschätzt werden. Außerdem könne mehr Zuchtfortschritt erreicht werden. Innerhalb der Herdbuchkühe (Registered) würden verstärkt individuelle Sonderbehandlungen angewendet, insbesondere bei Töchtern von Bullen mit hohen Spermapreisen, besonderem Pedigree oder überragenden Typmerkmalen. Oft sinken die Zuchtwerte dieser Bullen, wenn ihre ersten Söhne mit Zuchtwerten herauskommen.

LIU (1999) untersucht im Testtagsmodell die Veränderungen der Zuchtwerte für Bullen, indem er schrittweise die Anzahl der Töchter, die Anzahl der Probemelken der Töchter und die

Anzahl der Laktationen der Töchter erhöht. In seinen Modellkalkulationen nimmt er an, dass der Zuchtwert des Bullenvaters mit höchster Genauigkeit geschätzt ist und nicht mehr variiert. Im Fall der Bullenmutter unterscheidet er mehrere Fälle bzgl. der Sicherheit ihres Zuchtwertes. Hier soll jener Fall betrachtet werden, bei dem nur die Eigenleistung der Bullenmutter aus ihren ersten drei Laktationen mit jeweils acht Probemelken zu ihrem Zuchtwert beigetragen hat. LIU (1999) zeigt, dass der Zuwachs der Gewichte von Töchterleistungen im Zuchtwert des Bullen stärker von der Töchterzahl oder der Anzahl der Laktationen beeinflusst wird als von der Anzahl der Probemelken. Dies resultiert aus der hohen Wiederholbarkeit der Probemelken, insbesondere wenn eine hohe Heritabilität angenommen wird. Wenn keine Töchterinformationen vorliegen, werden die Bullenzuchtwerte für diese Laktation durch die Pedigree-zuchtwerte und über genetische Korrelationen aus früheren Laktationen berechnet. Falls der Zuchtwert der Bullenmutter überschätzt ist, hat dies aber nur dann stärkere Auswirkungen auf den Zuchtwert des Bullen, wenn die Informationsmenge der vorigen Laktation gering ist. Da die Töchterzahl nur zu Beginn der ersten Laktation gering ist, haben nur zu diesem Zeitpunkt überschätzte Zuchtwerte der Bullenmutter stärkere Auswirkungen auf den Zuchtwert des Bullen.

Sonderbehandlungen führen zu extremen Leistungen innerhalb einer Herde und damit zu extremen Abweichungen vom Mittel der Herde. Heterogene Herden sollten demnach schon durch ihre Intraherdenvarianz auffallen. Neben der Sonderbehandlung potenzieller Bullenmütter finden SWALVE und DÖPKE (1994) als weitere Ursachen für eine erhöhte Intraherdenvarianz das Vorhandensein extrem niedrigleistender Kühe, das Melken von Trägertieren, den Zukauf von Spitzentieren in gewöhnliche Herden sowie den Testbulleneinsatz. TSURUTA et al. (2000) schätzen mit einem Testtagsmodell Zuchtwerte für Bullen und Kühe mit und ohne des Effekts der BST-Behandlung. Obwohl die Korrelation zwischen diesen beiden Zuchtwerten 0,99 beträgt, kann die Verzerrung für Einzeltiere beträchtlich sein.

Durch die Standardisierung der Intra-Herden-Testtags-Streuung versucht auch das VIT, den Effekt der bewussten unterschiedlichen Behandlung innerhalb derselben Herde abzumildern. Das angewandte Verfahren zur Korrektur heterogener Varianzen innerhalb Herdentesttag (HTD) standardisiert die an einem Kontrolltag erbrachten Leistungen zunächst auf ein einheitliches Laktationsstadium (REENTS et al., 1998). Um die bei einem höheren Leistungsniveau größere Varianz innerhalb eines HTD auch nach der Standardisierung zu erhalten, werden im Verfahren des VIT die einzelnen HTDs nach dem jeweiligen, auf Laktationsstadium

korrigierten Mittelwert, in Leistungsklassen eingeteilt. Da die HTDs in der Regel zu wenig Beobachtungen für eine sichere Schätzung der Streuung aufweisen, wird die beobachtete Streuung eines HTD gewichtet mit der Anzahl Beobachtungen auf die erwartete Streuung bei gegebenem Leistungsniveau regressiert. Die gewichtete Standardabweichung der korrigierten Leistungen innerhalb HTD (σ_{gewHTD}) wird wie folgt berechnet (REENTS et al., 1998):

$$\sigma_{\text{gewHTD}} = \frac{15 * \sigma_{\text{LKL}} + n * \sigma_{\text{HTD}}}{15 + n}$$

- σ_{gewHTD} = gewichtete Standardabweichung innerhalb HTD
- σ_{LKL} = Standardabweichung innerhalb der HTD-Leistungsklasse
- σ_{HTD} = Standardabweichung innerhalb HTD
- n = Anzahl Kühe innerhalb HTD

Der Standardisierungsfaktor für die tatsächlich erbrachte Leistung ist somit der Quotient aus der Standardabweichung innerhalb HTD-Leistungsklasse (σ_{LKL}) und der gewichteten Standardabweichung innerhalb HTD (σ_{gewHTD}).

2.4.4 Alternative Formen der Prüfung von Bullenmüttern

Bedingt durch die Praxisreife des Embryo-Transfers (ET), der Problematik der langen Generationsintervalle bei Bullenmüttern, Bullenvätern und Besamungsbullen insgesamt, der geringen Genauigkeit der Zuchtwertschätzung bei Bullenmüttern sowie der gezielten Leistungsmannipulation bei potenziellen Bullenmüttern wurde schon vor ca. 20 Jahren über Alternativen zum herkömmlichen Besamungszuchtprogramm nachgedacht.

Einer der ersten Vorschläge für Nukleuszuchtssysteme, wo die züchterische Arbeit nur in einer oder mehreren Kernherden, dem eigentlichen Nukleus stattfindet, wurde von HINKS (1978) für sich entwickelnde Länder mit schlechter Infrastruktur konzipiert. Der Begriff des MOET (Multiple Ovulation und Embryo-Transfer) - Zuchtprogramms etablierte sich seit der theoretischen Arbeit von NICHOLAS und SMITH (1983) in der Zuchtpraxis. Deren Modellkalkulationen für ein Zuchtprogramm, in dem Nukleuszucht mit intensiver Biotechnik einhergeht, zeigen, dass MOET - Nukleuszuchtprogramme unter bestimmten Bedingungen konventionellen Programmen weit überlegen sein können.

Den grundlegenden Problemen der Nukleuszucht, nämlich eine geringe Selektionsintensität und etwaige Inzuchtdepressionen, wird in der praktischen Anwendungen dadurch Rechnung getragen, dass die Hereinnahme von Genmaterial aus anderen Populationen weiterhin Bestand hat. Auch die anfangs optimistischen Erwartungen hinsichtlich der Erfolgsraten des ET konnten in der Praxis nicht erreicht werden, so dass in den meisten Programmen weiterhin die Nachkommenprüfung im Feld beibehalten wird, um eine höhere Genauigkeit der Zuchtwertschätzung zu erreichen als über Geschwisterprüfungen möglich ist.

Für eine noch deutlichere Tendenz hin zu reinen Nukleuszuchtprogrammen können in der Zukunft weitere Möglichkeiten der Biotechnologie wie das Sexing von Sperma oder die Klonierung sein. Die Einführung des Klonens wird es notwendig machen, dass die züchterischen Aktivitäten auf wenige Basiszuchtherden verlagert werden. Die Aufgabe dieser Basiszuchtherden wird es sein, die genetische Variabilität zu erhalten. In straff geführten Nukleuszuchtprogrammen werden Embryonen produziert, geklont und in nachgeschalteten Testherden geprüft. Träger dieser Systeme können Zuchtverbände sein. Die Mehrzahl der Milchzeuger wird über geklonte Embryonen mit dem aktuellen genetischen Material beliefert und mit der eigentlichen Zuchtarbeit wenig zu tun haben (TEEPKER, 1991).

Stellvertretend für bedeutende MOET-Programme der Milchrinderzucht in den 80er Jahren sei auf die Arbeit von NIEMANN (1992) hingewiesen. Im folgenden sollen die aktuellen Zuchtprogramme näher betrachtet werden, in denen MOET-Nukleus-Ideen verwirklicht werden. Das Hauptanliegen dieser Programme ist die neutrale Prüfung von potenziellen Bullenmüttern in ein oder mehreren Herden unter gleichen Umweltbedingungen (Kapitel 2.4.4.1 bis 2.4.4.5).

2.4.4.1 DELTA - Zuchtprogramm in den Niederlanden

Das 1989 begonnene DELTA-Programm von Holland-Genetics ist ein offenes Nukleuszuchtprogramm (*Abbildung 3*). Im Rahmen dieses Programms werden pro Jahr ca. 500 weibliche Kälber aufgezogen. Diese Kälber rekrutieren sich zu ca. einem Drittel aus dem DELTA-Programm selbst, die übrigen sind Embryonenimporte des ETAZON-Programms der USA oder Embryonenankäufe aus Zuchtbetrieben der Niederlande. Embryonenimporte aus dem ETAZON-Programm zur Verbesserung der Testbullenqualität wurden von den niederländi-

schen Besamungsorganisationen schon zuvor durchgeführt, aber seit 1989 sollten auch die weiblichen Nachkommen aus Embryonenimporten im Zuchtprogramm effizient genutzt werden.

Im Alter von 12 bis 15 Monaten werden von ca. 375 Jungrindern durch ET und OPU/IVF im Durchschnitt je 7 Embryonen gewonnen, aus denen 3 Nachkommen hervorgehen. Die eigene Besamung erfolgt im Alter von 17 Monaten. Während der ersten 3 Trächtigkeitsmonate werden weitere OPU/IVF-Maßnahmen durchgeführt, um von jedem Jungrind zusätzliche 15 Embryonen zu gewinnen.

Direkt nach der Kalbung absolvieren 300 Testfärsen pro Jahr eine 180-Tage-Prüfung in vertraglich gebundenen Testherden. Im Programm ist vorgesehen, dass bis zu 150 Färsen von privaten Züchtern zur Prüfung in Testherden integriert werden können. Die 50 besten Testfärsen werden als Elitedonoren weiterhin intensiv für das Zuchtprogramm genutzt. Für Testfärsen, die aus dem Programm ausscheiden, wird dem die Testherden betreuenden Landwirt ein Vorkaufsrecht eingeräumt.

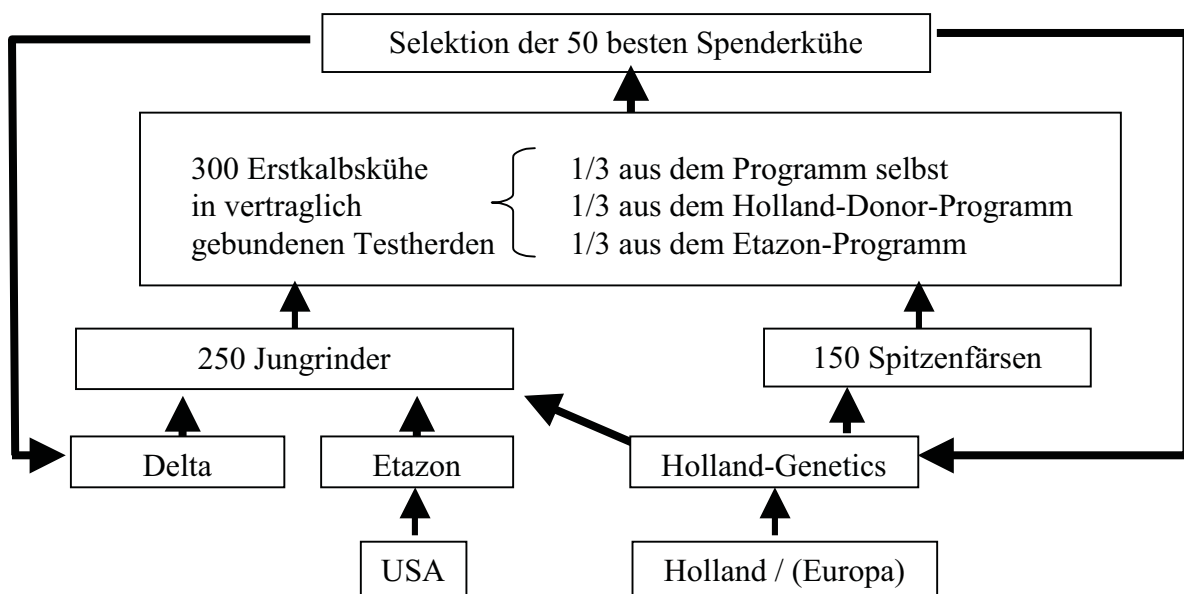


Abbildung 3: DELTA-Zuchtprogramm in den Niederlanden

2.4.4.2 EUREKA - Zuchtprogramm von Genetics Australia

Das EUREKA-Zuchtprogramm (OWEN, 2000) orientiert sich sehr stark am DELTA-Programm von Holland Genetics und vertraut auf das gleiche genetische Ausgangsmaterial. Die Grundstruktur zeigt *Abbildung 4*, wobei als Besonderheiten die extrem zeitigen OPU-Anwendungen an den Kälbern im Alter von 6 Wochen und der länderübergreifende Testein-satz der Jungbullen in Australien und den Niederlanden zu nennen sind.

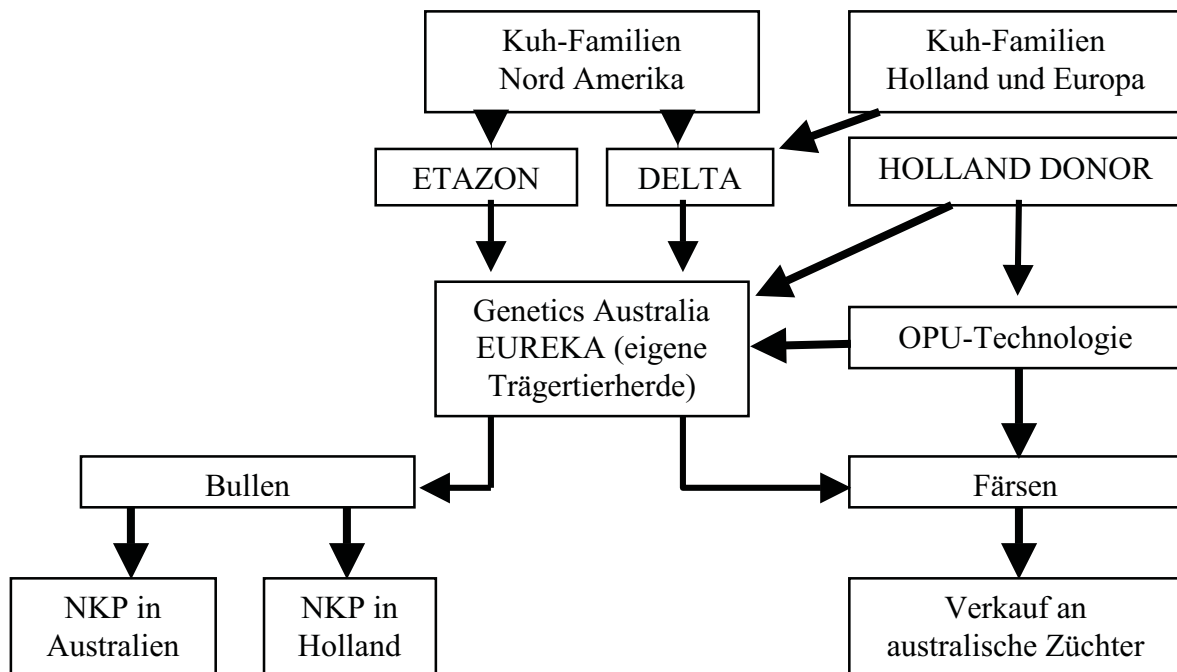


Abbildung 4: EUREKA – Zuchtprogramm von Genetics Australia

2.4.4.3 TREND - Zuchtprogramm in Kanada

Im Jahre 1988 unternahmen die 6 größten kanadischen Besamungsstationen den Versuch, durch die Integration eines MOET-Zuchtprogramms in die etablierten Strukturen den Zuchtfortschritt zu forcieren. Die Idee war, die besten Holsteinkühe in den Züchterställen zu belassen, aber die durch intensive Biotechnikmaßnahmen gewonnen Embryonen auf 400 Milchviehbetriebe im Land zufallsmäßig zu verteilen. Die Bullen sollten somit frühe Zuchtwerte aufgrund von Vollgeschwisterleistungen, die unter verschiedenen Managementbedingungen erbracht wurden, bekommen.

10 Jahre später wurden die Ergebnisse dieses TEAM-Programms (Total Evaluation of Animals with MOET) von LOHUIS und BAGNATO (1998) analysiert. In dieser Analyse konnten in die Zuchtwertschätzung der Bullen auch die Nachkommenleistungen mit einbezogen werden. Die Ergebnisse dieser Auswertung sind auf zwei wesentliche Aspekte zu konzentrieren. Zum einen konnten die mäßigen Erfolgsraten des Embryotransfers nicht die Erwartungen bestätigen, zum anderen erreichten die Bullen mit ihren Zuchtwerten bei weitem nicht das Niveau, dass ihr Pedigreeindex vermuten ließ. Überhöhte Zuchtwerte sonderbehandelter Bullenmütter wurden als Ursache für den ‚Pedigree Slippage‘ ausfindig gemacht und als Konsequenz das TEAM-Programm durch das TREND-Programm (Test and Reproductive Environment for Nucleus Dams) ersetzt.

Im TREND-Programm (LOHUIS, 1998) werden jedes Jahr 50 Färsen mit bestem Pedigreeindex unter gleichen Bedingungen in der ersten Laktation einer Stationsprüfung unterzogen. Die erfolgreichsten Färsen werden anschließend selektiert und als Donoren durch ET und OPU/IVF intensiv genutzt. Die gewonnenen Embryonen werden an Zuchtbetriebe im eigenen Land verkauft, aber zum Teil auch, wenn es sich um besonders erfolgreiche Donoren handelt, im Ausland vermarktet. Bullenkälber, die aus diesen Embryonen resultieren, sind erste Anwärter für den Testeinsatz in der Population.

2.4.4.4 Jungrinderspülprogramm der Nord-Ost-Genetik

Im Jungrinderspülprogramm der Nord-Ost-Genetik (SCHNOOR, 2001) werden mit den vom Verband angekauften 200 Jungrindern vor der Belegung Embryotransfer und zu Beginn der Trächtigkeit so viele ET/OPU-Anwendungen durchgeführt, bis die Zahl von ca. 10 transfer-tauglichen Embryonen erreicht ist. Der Züchter erhält die gewonnenen Embryonen zurück und hat für deren Übertragung zu sorgen.

Die tragenden Färsen werden 8 Wochen vor der Kalbung auf einem Praxisbetrieb mit automatischem Melksystem eingestallt, so dass direkt nach der Kalbung ein Test über 180 Laktationstage auf diesem Betrieb begonnen werden kann. Die besten 50 Färsen verbleiben 305 Laktationstage auf dem Betrieb, um eine repräsentative erste Laktation zu erhalten. Angestrebt ist, dass schließlich von den selektierten Top-Kühen 3 bis 5 Bullen verschiedener Väter in den Testeinsatz gehen.

2.4.4.5 Das Färsentestprogramm der Osnabrücker Herdbuchgesellschaft

Einen weniger kostenintensiven Weg ohne ET bzw. OPU/IVF bestreitet die Osnabrücker Herdbuchgesellschaft mit dem 1999 begonnenen Färsentestprogramm (ONKEN, 1999), *Abbildung 5*, als Ergänzung zum seit 1988 bestehenden ET/DT-Programm (NIERMANN, 1992).

Basis für die Vorauswahl in der ersten Selektionsstufe sind alle rund 16000 zur ersten Besamung anstehenden Jungrinder. Nach Überprüfung der gesetzten Mindestanforderungen im Pedigreeindex kommen jährlich ca. 600 Jungrinder für die weitere Nutzung im Programm in Frage, d.h. die Besitzer dieser Jungrinder erhalten vom Zuchtverband einen Anpaarungsvorschlag bzgl. des Bullenvaters. Ab dem 5. Trächtigkeitsmonat erfolgt eine Überprüfung der aktuellen Pedigree-Erwartungswerte. Diese zweite Selektionsstufe dürften jährlich ca. 400 Tiere überstehen. Die dritte Selektionsstufe erfolgt nach der Abkalbung der Färsen. Wenn die betreffende Färse einen männlichen Nachkommen hat und mit mindestens 83 Punkten eingestuft ist, hat der Besitzer die Möglichkeit, diese Färse dem Verband für einen Kurztest auf Station über einen Zeitraum von 100 Tagen ab dem 30. Laktationstag zu übergeben. In Abhängigkeit vom Testergebnis der Färsen erfolgt die Selektion der vielversprechendsten Jungbullen für den Testeinsatz.

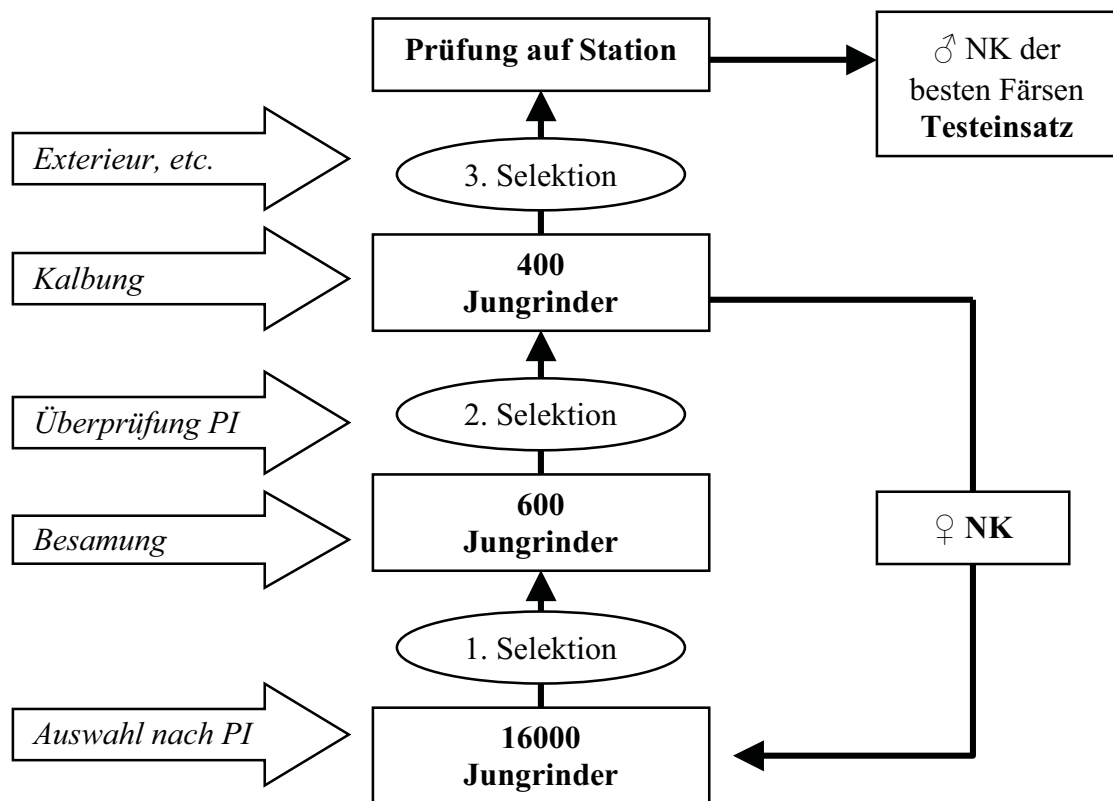


Abbildung 5: Färsentestprogramm der OHG

2.5 Integration neuer Erkenntnisse der Molekulargenetik in moderne Zuchtprogramme

Aufgrund der aktuellen Bedeutung soll dieser Gliederungspunkt in die Gesamtbetrachtungen mit einfließen, obwohl hierzu keine eigenen Auswertungen gemacht wurden. Aus der Fülle der Literatur zu diesem Thema sind aber gezielt jene Beiträge auszuwählen, die sich mit der praktischen Umsetzbarkeit und den Erfolgsaussichten der markergestützten Selektion (MAS) in Zuchtprogrammen auseinandersetzen. So können den Zuchtorganisationen Entscheidungshilfen für die eine oder andere Anwendung gegeben werden.

Die Vorzüge der MAS kommen nach RUANE und COLLEAU (1995) in Zuchtprogrammen insbesondere dann zur Geltung, wenn es um die genaue Erfassung des genetischen Wertes eines Tieres bei geschlechtsgebundenen Merkmalen geht und zur Verkürzung des Generationsintervalls Jungbullen als Kuh- oder Bullenväter selektiert werden sollen. MEUWISSEN und VAN ARENDONK (1992) zeigen in Modellkalkulationen die Überlegenheit der MAS bei dem Auftreten von großen Dominanzeffekten, da diese mit der herkömmlichen BLUP-ZWS nicht erfaßt werden können. LANDE und THOMPSON (1990) verweisen auf die Überlegenheit der markergestützten Selektion (MAS) gegenüber der herkömmlichen Indexselektion, wenn die Heritabilität des Merkmals niedrig und die Nachkommengröße klein ist. Allerdings ist die Wahrscheinlichkeit, ein QTL zu finden, für Merkmale mit hoher Heritabilität geringer als für solche mit niedriger Erblichkeit (GRANDKE und SIMIANER, 1998b). BOVENHUIS (2000) sieht großes Potenzial in der MAS für Merkmale, die erst spät im Leben eines Tieres bestimmt werden können (Nutzungsdauer) oder schwierig am Phänotyp zu messen sind (Krankheitsresistenz).

Grundsätzlich kommen zur Zeit zwei verschiedene Möglichkeiten in Betracht, um die Erkenntnisse aus der Molekulargenetik in Zuchtprogrammen zu nutzen.

1. Verwendung der Information zu QTL in der Zuchtwertschätzung

Die Erweiterung von BLUP-Modellen um QTL-Effekte (MAS-BLUP) ist grundsätzlich möglich. Zusätzlich zur additiv genetischen Verwandtschaftsmatrix ist das BLUP-Gleichungssystem um eine gametische Verwandtschaftsmatrix zu ergänzen (FERNANDO und GROSSMAN, 1989).

Das statistische Modell lautet:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{ZQ}\mathbf{v} + \mathbf{e}; \text{ mit}$$

\mathbf{b} = Vektor der fixen Effekte

\mathbf{u} = Vektor der additiv genetischen Effekte, die auf Loci beruhen, die nicht mit genetischen Markern gekoppelt sind

\mathbf{v} = Vektor der zufälligen Effekte der QTL

\mathbf{e} = Vektor der Resteffekte

\mathbf{X} = Designmatrix der fixen Effekte

\mathbf{Z} = Designmatrix der zufälligen Effekte

\mathbf{Q} = Designmatrix: Zuordnung der Allele zu den Tieren

Daraus ergibt sich dann folgendes Mixed-Model-Gleichungssystem (MME):

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'ZQ \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda & Z'ZQ \\ Q'Z'X & Q'Z'Z & Q'Z'Z'Q + G^{-1}\alpha \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \\ \hat{v} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ Q'Z'y \end{bmatrix}$$

$$\lambda = \sigma^2_E / \sigma^2_A; \quad \alpha = \sigma^2_E / \sigma^2_V;$$

Das Kernproblem in der nationalen Zuchtwertschätzung besteht aber darin, dass sehr wenige Tiere typisiert und Millionen ohne Typisierungsergebnis wären. Praktikabel wäre somit der Einbau der Markerinformation in die ZWS nach BOVENHUIS (2000) und SWALVE et al. (2000) derzeit nur in einer Nukleuszucht mit eigener ZWS. Diese Grundvoraussetzungen wären im Delta-Zuchtprogramm von Holland Genetics gegeben.

BLUP- Zuchtwertschätzung zur Schätzung der additiv genetischen Effekte und gleichzeitig der Marker-gekoppelten Effekte unter Anwendung der Misch-Modell-Gleichungen führen dann zu größeren Vorteilen gegenüber der herkömmlichen BLUP-ZWS, wenn der Varianzanteil des QTL an der phänotypischen Varianz mindestens 5% bis 10% beträgt. Wenn aber der Varianzanteil des QTL überschätzt ist (von 5% auf 15%), resultiert dies in Verlusten im Zuchtfortschritt von 25% und mehr gegenüber der Situation mit korrekten Varianzanteilen. Wenn die Position des QTL nicht genau bestimmt und zu weit vom Marker entfernt ist, kann dies im Vergleich zur korrekten Positionierung zu großen Verlusten im Zuchtfortschritt bis zu 75% führen. (SPELMAN und VAN ARENDONK, 1997).

2. Vorauswahl von Jungbullen aus Vollgeschwistergruppen mittels MAS

Bottom up - Verfahren

Eine weitere Möglichkeit, um Marker in der MAS zu verwenden, ist das sogenannte Bottom-up-Verfahren (MACKINNON und GEORGES, 1997). Es hat seine Anwendung in der effizienteren Form der Vorselektion von Testbullen. Wenn ein junger Bulle einen ersten hoch positiven Zuchtwert hat und er als Bullenvater genutzt werden soll, stellt sich, wenn er im Marker für einen QTL heterozygot ist (Mm), die Frage, welche seiner Söhne für den Testeinsatz selektiert werden sollen. Seine Töchter sind zu typisieren und wenn ein Kontrast der DYDs zwischen M? und m? besteht, ist der Bulle offensichtlich auch für das QTL heterozygot und auch klar, welches das gewünschte Markerallel ist. Für den 2-Allel-Fall sieht die schematische Darstellung wie folgt aus (Abbildung 6):

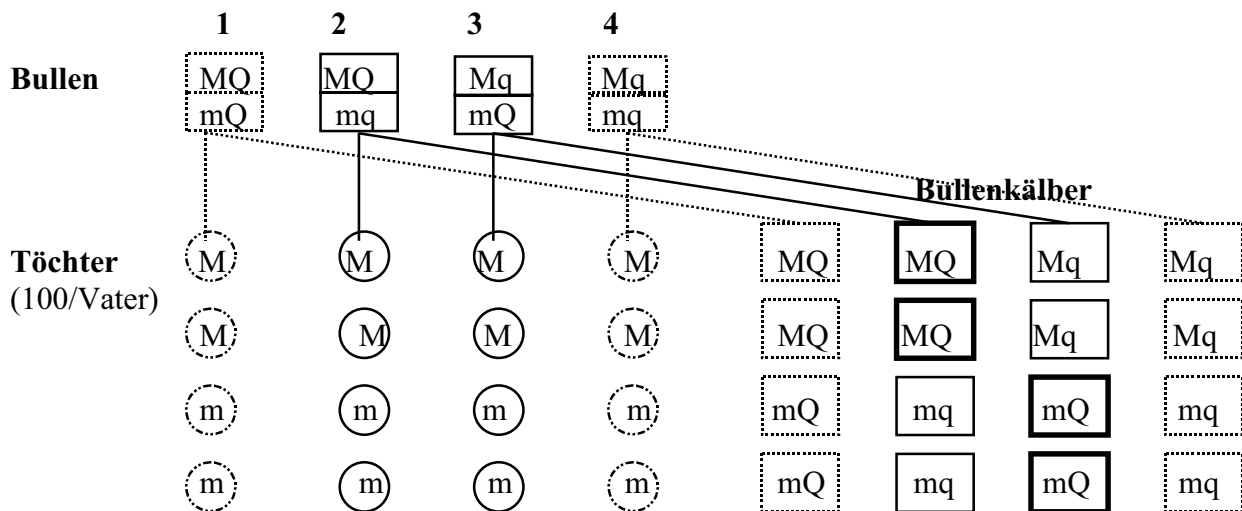


Abbildung 6: Schematische Darstellung des Bottom Up-Ansatzes

In diesem Beispiel sind die Bullen 1 und 4 nur im Marker heterozygot, aber im QTL homozygot, und deshalb kann kein Kontrast der DYDs zwischen den Markergenotypen der Töchter geschätzt und der Bottom Up - Ansatz nicht in der Vorselektion von Testbullen genutzt werden. Für den Bullen 2 ist der positive Marker M mit dem positiven QTL Q gekoppelt; es sind jene Bullenkälber als Testbullen zu selektieren, die den Marker M tragen. Für den Bullen 3 ist der Marker m mit dem positiven QTL Q gekoppelt; in der Vorselektion sollten Testbullen mit dem Marker m bevorzugt werden.

SPELMAN und GARRICK (1998) weisen darauf hin, dass das vorhandene Potenzial für MAS im Bottom Up-Ansatz nur effizient genutzt werden kann, wenn MAS einhergeht mit intensiver Anwendung von Biotechnologemaßnahmen zur Erhöhung der Reproduktionsrate bei den Bullenmüttern. SWALVE et al. (2000) sehen die Implementierung des Bottom Up - Ansatzes in

die praktische Zuchtarbeit nur dann als Vorteil, wenn die Töchter eines interessanten Bullen, der Bullenvater werden könnte, auch für das eigene Zuchtprogramm verfügbar sind. Sie führen als ideales Beispiel ein Zuchtprogramm mit Testherdensystem, wie es in Neuseeland praktiziert wird, an.

Top Down - Verfahren

Im Top Down-Design (KASHI et al., 1990; MACKINNON und GEORGES, 1998) ist der sowohl im Marker als auch im QTL heterozygote Großvater der Ausgangspunkt. Diese Information liegt z.B. durch ein zuvor durchgeführtes Grand-Daughter-Design (WELLER et al., 1991) vor. Es stellt sich die Frage, welche seiner Enkel für den Testeinsatz selektiert werden sollen. Im Top-Down-Design findet keine Typisierung weiblicher Tiere statt (vgl. *Abbildung 7*).

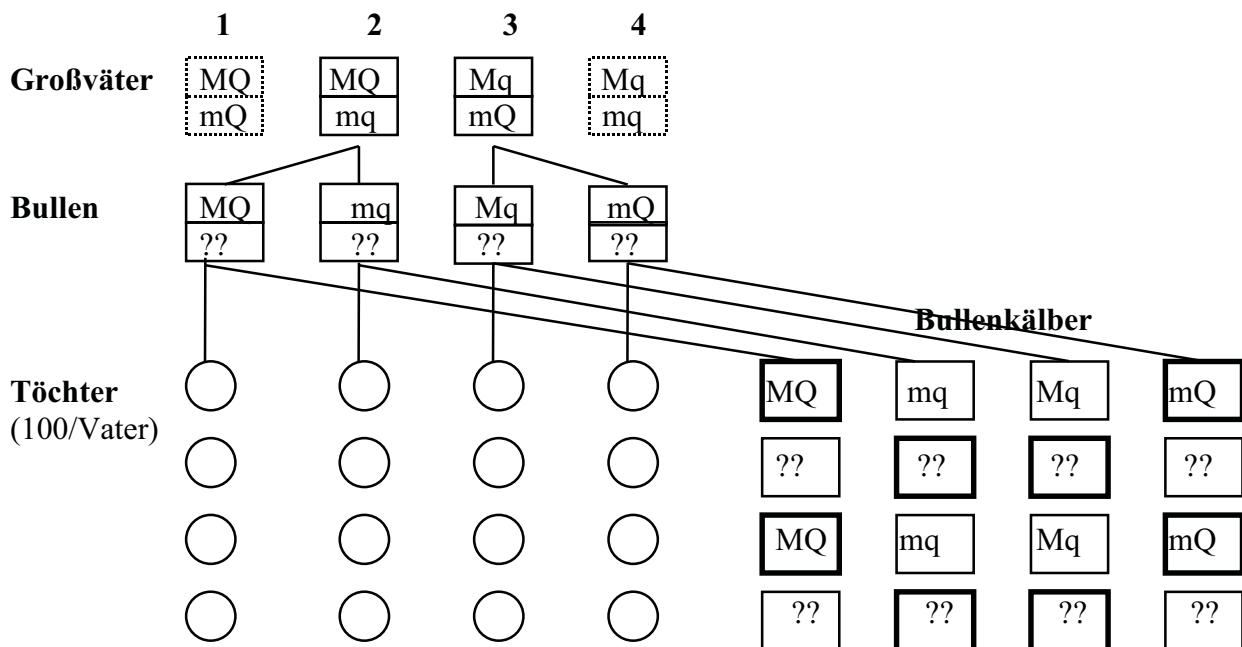


Abbildung 7: Schematische Darstellung des Top Down-Ansatzes

In diesem Beispiel des Top Down-Ansatzes sind die Großväter 2 und 3 sowohl im Marker als auch im QTL heterozygot, und deshalb ist nur deren Genfluß bis zu ihren Enkeln dargestellt. Wenn aus der Paarung der Söhne der Bullenväter mit Bullenmüttern aus der Population mehrere potenzielle Testbullen vorhanden sind, so sollten jene mit der günstigen Marker/QTL-Konstellation selektiert werden, sofern ihr Vater diese Allele trägt. Ist der Vater aber Träger der ungünstigen Allele, so sollte dagegen selektiert werden und Vollbrüdern mit unbekanntem Marker/QTL-Status Präferenzen eingeräumt werden.

Der Vorteil des Top Down-Ansatzes gegenüber dem Bottom Up ist darin begründet, dass Bottom Up nur für den Pfad Bullenvater - Testbulle funktioniert, Top Down hingegen sowohl für Bullenväter als auch Bullenmütter (SWALVE et al., 2000). Beide Ansätze gelten aber nur innerhalb Familien, und die Kopplungsphase zwischen Marker und QTL ist kontinuierlich zu prüfen. MACKINNON und GEORGES (1998) unterstellen in ihren Kalkulationen recht günstige Annahmen, nämlich dass die Marker hochpolymorph sind und dass keine Rekombination zwischen Marker und QTL ($\theta = 0$) auftritt. Solche Fälle sind aber für die Praxis kaum zu erwarten.

Möglich ist auch, den Bottom Up-Ansatz auf dem Pfad des Bullenvaters zum Testbullen mit Top Down auf der Bullenmütterseite zu kombinieren (SPELMAN und GARRICK, 1998).

3 Eigene Auswertungen

3.1 Modellkalkulationen zum optimalen Testanteil in der Population

3.1.1 Material und Methode

Grundlage zur Berechnung des genetischen Fortschritts eines Besamungszuchtprogramms mit eigenem Testbulleneinsatz war die von LANGHOLZ und SKJERVOLD (1964) entwickelte Formel, die neben dem ursprünglichen Ansatz von RENDEL und ROBERTSON (1950) den Testbullenanteil in der Population berücksichtigt. Die zugrundegelegten Parameter sind in *Tabelle 8* aufgeführt.

Die vollständige Formel lautet:

$$\Delta G = \frac{I_{BV} + k * I_{KV} + (1 - k) * I_{TB} + I_{KM} + I_{BM}}{L_{BV} + k * I_{KV} + (1 - k) * I_{TB} + I_{KM} + I_{BM}}$$

ΔG = gesamter züchterischer Fortschritt in der Population

k = Anteil Kühe in der Population, die mit geprüften Altbullen besamt werden

I = i (Selektionsintensität) * r_{TI} (Genauigkeit der ZWS) * σ_A (genetische Standardabweichung) für die 5 Pfade der Selektion

L = Generationsintervall für die 5 Pfade der Selektion

Tabelle 8: Parameter zur Berechnung des Zuchtfortschritts im Testbullenprogramm

	BV¹⁾	KV¹⁾	KM¹⁾	BM²⁾	TB²⁾
i	2.063	1.4	0.35	2.063	1.4
p (%)	5	20	80	5	20
r_{TI}	0.95	0.90	0.50	0.65	0.55
L (Jahre)	6	6	5.5	3.35	2.5

¹⁾ Parameter nach ALPERS (1996)

²⁾ Eigene Indexkalkulationen

Die eigenen Indexkalkulationen zur Berechnung der Genauigkeit der Zuchtwertschätzung (r_{TI}) für die Testbullen und die Bullenmütter erfolgten mit dem Selection Index Program (SIP) von WAGENAAR et al. (1994). Folgende Informationsquellen wurden genutzt: Bei den Bullenmüttern die Erstlaktationsleistungen von 50 väterlichen Schwestern, eine Eigenleistung und eine Mutterleistung aus der ersten Laktation; bei den Testbullen eine Mutterleistung und die Leistungen von 100 väterlichen Schwestern aus der ersten Laktation.

Zur Ermittlung der Selektionsintensität i wurde bei den Testbullen mit einer geringen Remontierungsrate p von 20% kalkuliert, da neben dem eigentlichen Selektionskriterium weitere Sekundärmerkmale den Ankauf der Jungbullen bestimmen. Wichtig ist, dass die Selektionsintensität der Kuhväter im Wechselspiel mit der Zahl der Jungbullen steht. D.h. es wird angenommen, dass bei fixer Zahl der nötigen nachzusetzenden Kuhväter pro Jahr die Selektion der Kuhväter schärfer wird, wenn mehr Jungbullen getestet werden.

Die TopQ-Kooperation beabsichtigt, pro Jahr 310 schwarzbunte Jungbullen zu testen. Für diese Größenordnung, als Istsituation bzw. als Referenzwert definiert, galt die oben festgelegte Selektionsintensität ($i=1,4$). In dieser theoretischen Istsituation wurde der Zweitkalbskuhbeschluss konsequent in die Praxis umgesetzt. Zweitkalbskuhbeschluss heißt, dass alle Färsen aus MLP-Betrieben zum zweiten Kalb mit einem Testbullen zu belegen sind. In Deutschland sind ein Drittel aller Kühe in der ersten Laktation. Demzufolge müsste der Testanteil theoretisch 30% betragen, was einem k -Wert vom 0,7 entspricht. Bei 758177 schwarzbunten Kühen aus MLP-Betrieben im TopQ-Gebiet würde dies bedeuten, dass 227453 Kühe von 310 Testbullen besamt werden müssen je Testbulle 734 Erstbesamungen anzustreben sind.

Für insgesamt fünf verschiedene Szenarien des Testbullenprogramms erfolgte die Berechnung des genetischen Fortschritts. Um den in genetischen Standardabweichungen ausgedrückten Zuchtfortschritt pro Jahr noch etwas anschaulicher darzustellen, wurde das Merkmal Milch-kg mit den von TEEPKER (1988) ermittelten genetischen Parametern gewählt.

In einer weiteren Untersuchung wurden verschiedene Einflussgrößen und deren Auswirkungen auf die Verteilungsfunktion der Zuchtwerte im Merkmal Milch-kg analysiert. Grundlage dieser Auswertung war die vom VIT Verden zur Verfügung gestellte Datei der ZWS von August 1999 der Rasse Deutsche Holsteins mit den Zuchtwerten für Milchleistung

und somatischen Zellgehalt. Ab einer Sicherheit von 70% für die ZWS Milchleistung und im Mittel mindestens drei Probemelken bei den Töchtern werden die Bullenzuchtwerte in Listenform vom VIT veröffentlicht. Diese Untersuchung beschränkte sich auf deutsche Testbullen des Jahrgangs 1994 der Farbrichtung Schwarzbunt (n = 688).

Die statistischen Berechnungen erfolgten mit dem Programmpaket *SAS 6.12* auf verschiedenen Workstations der Gesellschaft für wissenschaftliche Datenverarbeitung Göttingen (GWDG) und auf PC-Ebene unter dem Betriebssystem Windows 98 mit dem Programm *Microcal Origin 6.0*.

Der Verteilungsfunktion der Zuchtwerte für das Merkmal Milch-kg der 688 Bullen wurden drei zusätzliche Szenarien gegenübergestellt: plus 20% mehr Testbullen pro Jahr in Szenario I, plus 20% höhere Anforderungen an den Zuchtwert des Bullenvaters in Szenario II und im dritten Szenario plus 20% höhere Töchterzahlen je Testbulle. Bei einem Zuchtwert von 1850 Milch-kg wurde eine fiktive Marktschwelle gesetzt, d.h. es ist nur Sperma von jenen Bullen zu vermarkten, deren Zuchtwert oberhalb dieser gesetzten Marktschwelle liegt. In Szenario II wurde der mittlere Zuchtwert der Bullenväter des Testbullenjahrgangs 1994 berechnet und anschließend nur jene Bullen in der Datei belassen, deren Väter-Zuchtwerte 20% über dem mittleren Zuchtwert aller Väter liegen. Für die Kalkulationen in Szenario III genügte für zuchtplanerische Zwecke ein approximatives Vatermodell, basierend auf 305-Tage-Leistungen. Die aktuellen Töchterzahlen wurden um 20% erhöht.

3.1.2 Ergebnisse

Die theoretische Istsituation mit den zugrunde gelegten Parametern und dem erzielten Zuchtfortschritt ist in *Tabelle 9* in der ersten Zeile aufgeführt. Da 734 Erstbesamungen je Testbulle nicht der Realität entsprechen, wurde die Berechnung für die gleiche Anzahl zu besamender Erstkalbskühe wiederholt, allerdings mit der an der Praxis orientierten Zahl von 500 Erstbesamungen je Testbulle. Mindestens 500 Erstbesamungen je Testbulle werden angestrebt, um später in der nationalen Zuchtwertschätzung auf 100 Töchterleistungen zurückgreifen zu können. Bei gleichem Testumfang können anstatt 310 nun 455 Jungbullen ihren Testeinsatz absolvieren. Die daraus resultierende schärfere Selektion unter den Altbullen führt zu einer Steigerung im Zuchtfortschritt von 2,5 kg Milch pro Jahr.

Am ungünstigsten im Zuchtfortschritt schneidet die aktuelle Situation aus der Praxis ab. Bei einem Testanteil von 20% werden von insgesamt 310 Testbullen durchschnittlich 500 Erstbesamungen durchgeführt. Aus diesem reduzierten Umfang des Testbulleneinsatzes resultieren längere Generationsintervalle, was deutlich negative Auswirkungen auf den Zuchtfortschritt hat. 500 Erstbesamungen von 758 Testbullen würden den Testanteil in der Population auf 50% steigern. Dieser hohe Testanteil führt zu einer Erhöhung der Selektionsintensität unter den Kuhvätern ($i = 1,86$ gegenüber $i = 1,40$ bzw. $i = 1,59$) und einer deutlichen Reduzierung im Generationsintervall, was sich letztendlich positiv auf den Zuchtfortschritt auswirkt. Aus Kosten- bzw. Ertragsgründen scheint ein Testanteil von 50% eher utopisch. Die realistische Größenordnung ist ein Testanteil von 20%. Ein beachtlicher Zuchtfortschritt von 100,8 kg Milch pro Generation kann unter dieser Konstellation nur erreicht werden, wenn eine noch schärfere Selektion unter den Kuhvätern angestrebt wird, d.h. wenn bei einem Testanteil von 20% die Remontierungsrate unter den Kuhvätern nicht mehr 20% beträgt, sondern auf 10% reduziert wird.

Tabelle 9: Zuchtfortschritt in Abhängigkeit vom Testanteil und der Anzahl Testbullen

Testanteil	Anzahl TB	EB / TB	k	p _{KV}	i _{KV}	$\sum (i \cdot r_{TI})$	$\sum L$	ΔG (in σ_A)	ΔG (Milch-kg)
30 %	310	734	0,7	20 %	1,40	4,60	19,78	0,233	96,7
30 %	455	500	0,7	14 %	1,59	4,72	19,78	0,239	99,2
20 %	310	500	0,8	20 %	1,40	4,65	20,13	0,231	95,9
50 %	758	500	0,5	8 %	1,86	4,72	19,08	0,247	102,5
20 %	310	500	0,8	10 %	1,76	4,89	20,13	0,243	100,8

p_{KV} = Remontierungsrate auf dem Kuhvater-Pfad

i_{KV} = Selektionsintensität auf dem Kuhvater-Pfad

$\sum (i \cdot r_{TI})$ = Summe des Produkts Selektionsintensität * Genauigkeit der ZWS für alle Pfade der Selektion

$\sum L$ = Summe der Generationsintervalle für alle Pfade der Selektion

Die Ergebnisse zur Simulationsstudie bzgl. der Anzahl vermarktungsfähiger Bullen unter verschiedenen Szenarien sind in Form von Normalverteilungskurven in *Abbildung 8* dargestellt. Die aktuelle Ausgangssituation beschreibt die durchgezogene schwarze Kurve. Wird die Töchterzahl je Bulle um 20% erhöht (graue Kurve), so ist nur eine minimale Verbesserung gegenüber der Ausgangssituation mit einer leichten Tendenz hin zu extremeren

Zuchtwerten festzustellen. Gleicher Mittelwert, aber eine größere Streuung und somit mehr Bullen über der Marktschwelle von 1850 kg Milch resultieren aus einer Erhöhung der Testkapazität von 688 Bullen auf nun 825 Bullen pro Jahr. Deutliche Effizienzsteigerungen für ein Zuchtprogramm sind zu erwarten, wenn strengere Anforderungen an den Pedigree-Zuchtwert gestellt werden. Gegenüber der Ausgangssituation mit einem Mittelwert von 1250 kg Milch haben die Bullen der 20% besten Väter in diesem Merkmal einen durchschnittlichen Zuchtwert von 1750 kg Milch bei erwartungsgemäß geringerer Streubreite der Zuchtwerte. In diesem Szenario III liegen die Zuchtwerte im Bereich von 500 kg bis 3000 kg Milch, in der Ausgangssituation von -500 kg bis 3000 kg Milch.

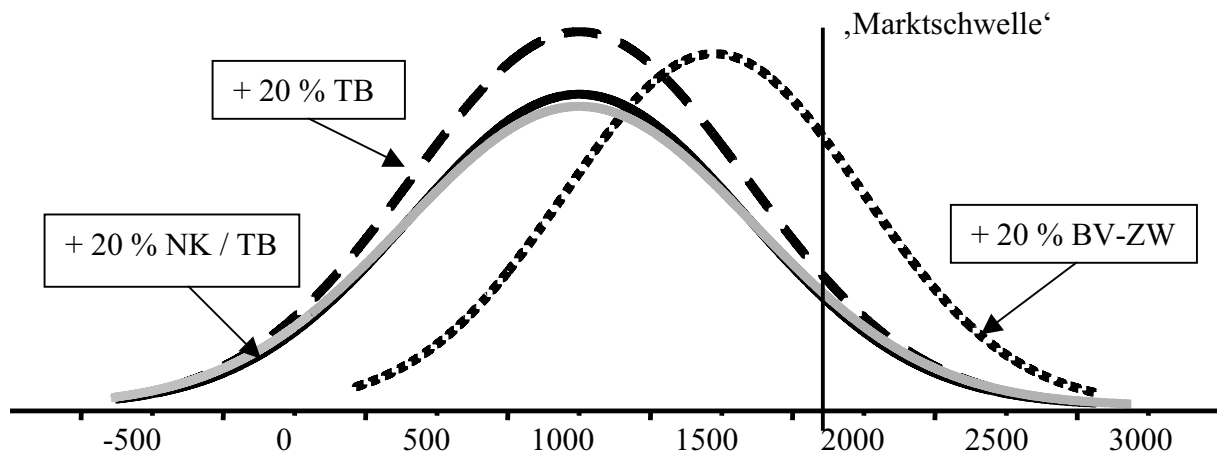


Abbildung 8: Häufigkeitsverteilung der Zuchtwerte für Milch-kg unter verschiedenen Szenarien

3.1.3 Diskussion und Empfehlungen für die Zuchtorganisation

Eine Zucht- und Besamungsorganisation hat drei Möglichkeiten, ihren Marktanteil zu steigern: a) mehr Bullen testen, b) die Anzahl Nachkommen je Testbulle erhöhen und/oder c) höhere Anforderungen an den Zuchtwert der Elterntiere zu stellen. Die Optionen a) und c) führen zu höheren Selektionsintensitäten; die Option b) zu höheren Genauigkeiten der geschätzten Zuchtwerte.

Die Ergebnisse der diesbezüglich vorgenommenen approximativen Berechnungen werden durch die Simulationsstudien von DEKKERS et al. (1996) mit semistochastischen Modellen

bestätigt. Der Einfluss steigender Töchterzahlen auf höhere Genauigkeiten und somit auf eine größere Streuung der Zuchtwerte kommt in der Arbeit von DEKKERS et al. (1996) noch deutlicher zum Ausdruck. Zwangsläufig ist mit mehr Bullen im 'negativen Bereich' zu rechnen, aber für den wirtschaftlichen Erfolg einer Zucht- und Besamungsorganisation sind letztendlich nur die absoluten Spitzenvererber verantwortlich. Dieses Ziel kann auch erreicht werden, wenn mehr Bullen getestet werden. In der vorliegenden Untersuchung weisen sowohl die grafische Darstellung der Zuchtwerte in Form von Normalverteilungskurven als auch die Modellkalkulationen zum Zuchtfortschritt auf diesen Sachverhalt hin. Aber aus den schon erwähnten Kostenstrukturen des Testbulleneinsatzes ist diese Option abzulehnen. Die Forderungen von LEISEN (1998), nämlich pro Jahr in Deutschland ca. 650 Bullen für den Bereich Holstein Schwarzbunt zu testen und bei 500 Erstbesamungen je Testbulle ca. 100 Töchter anzustreben, sind zu unterstützen. Immerhin gingen im Jahr 1997 laut der Statistik des ADR-Jahresberichtes 1025 Bullen in den Testeinsatz.

Intensive Untersuchungen bzgl. des optimalen Testanteils in der Population aus den 60er, 70er und Anfang der 80er Jahre beschäftigen sich vornehmlich mit der genetischen Verbesserung innerhalb der Population (SKJERVOLD und LANGHOLZ, 1964; OLTENACU und YOUNG, 1974; FEWSON, 1978). Diese Autoren halten eine Steigerung des Testeinsatzes auf 40 bis 50% in der Population für notwendig, um durch eine schärfere Selektion unter den Altbullen und Reduzierungen im Generationsintervall mehr Zuchtfortschritt zu realisieren. In späteren Modellkalkulationen raten FEWSON und NIEBEL (1986) allerdings dazu, weniger Bullen mit mehr Töchtern zu testen, da nicht mehr die konsequente Maximierung des naturalen, sondern des monetären Zuchtfortschritts im Mittelpunkt der Betrachtungen stehe. Eine Verminderung der Züchtungskosten sei insbesondere durch Kosteneinsparungen im Bereich der Wartebullenhaltung und Spermakonservierung zu erwarten.

Des Weiteren ist eine Erhöhung der Töchterzahlen je Testbulle unumgänglich, wenn indirekte Merkmale mit geringer Heritabilität in einen Gesamtindex mit einbezogen werden. Hierbei ist zur Zeit vornehmlich an jene Merkmale zu denken, die in Verbindung mit dem Phänomen des 'metabolic stress', also insbesondere des Energiedefizits zwei bis drei Wochen nach der Kalbung, gebracht werden. Als Beispiel sei hier nur der 'Body Condition Score' genannt; eine Maßzahl, die bei Nachzuchtbewertungen relativ einfach zu erfassen wäre und schwach negativ mit der Leistung korreliert ist (VEERKAMP und KOENEN, 1998).

Ohne zusätzliche Kosten, aber mit positiven Auswirkungen auf den Zuchtfortschritt bzw. letztendlich den Züchtungsgewinn, ist die strenge Selektion unter den Elterntieren nach deren Zuchtwerten. In der vorliegenden Untersuchung wurde dies anhand der Zuchtwerte der Bullenväter demonstriert. Die positive Beziehung zwischen der Höhe der Zuchtwerte der Bullenmütter und den DYDs der Testbüllentöchter zeigen die Untersuchungen von VIERHOUT et al. (1998). DEKKERS et al. (1996) bestätigen, dass eine intensive Selektion nach einem Pedigreeindex, bestehend aus dem Zuchtwert des Vaters und dem Zuchtwert der Mutter, mit einer besseren Vermarktungsfähigkeit der Bullen einhergeht.

Den Zucht- und Besamungsorganisationen ist somit zu empfehlen, sich auf wenige, in ihrem Zuchtwert überragende Bullenväter zu konzentrieren. Dieser Vorschlag wird seit einigen Jahren weitestgehend konsequent in die Praxis umgesetzt. Potenzial zur Effizienzsteigerung ist sicherlich noch vorhanden, wenn intensiver unter den Kuhvätern selektiert wird. Für die TopQ-Kooperation würde dies bedeuten, dass bei einer Remontierungsrate von 10% unter den Kuhvätern aus dem Pool der Testbullen jährlich 31 Wiedereinsatzbullen ausgewählt werden. Wenn zusätzlich die Möglichkeit besteht, in Rahmen von Austauschprogrammen Sperma von Spitzenvererbern anderer deutscher Zuchtorganisationen kostengünstig zu beziehen, dann sollte noch schärfer unter den Kuhvätern selektiert werden.

3.2 Testeinsatz von Jungbullen im Ausland

3.2.1 Material und Methode

Da in der MACE-Zuchtwertschätzung die Leistungsausprägungen in verschiedenen Ländern als verschiedene Merkmale definiert werden, kann die Rangierung von Bullen für die Basis eines jeden Landes verschieden sein. Es hängt von den genetischen Korrelationen ab, wie die Leistungsinformation aus einem Land A im Zuchtwert des Bullen von Land B gewichtet wird. Hat ein Bulle Töchter in mehreren Ländern, dann ist sein Zuchtwert ein ‚gewichteter Durchschnitt‘ der Töchterinformationen aus verschiedenen Ländern. Wie diese Gewichtungsfaktoren von der Matrix der genetischen Korrelationen und der Anzahl Töchter abhängen, soll analog zur Vorgehensweise von VAN DER BEEK (1999) quantifiziert werden. Es werden bei

diesem Verfahren nur die Töchterleistungen des Bullen und keine weiteren Verwandteninformationen genutzt.

In diesem Zusammenhang ist aus praktischer Sicht für eine Zuchtorganisation, die für einen Teil ihrer Jungbullen einen Paralleltest im Ausland in Erwägung zieht, von Interesse, wie die Töchterleistungen im Interbull-Zuchtwert für die Basen beider Länder gewichtet werden. Zuvor soll aber am Beispiel zweier Bullen mit hohen Töchterzahlen in mehreren Ländern die allgemeine Problematik der teilweise ‚nicht nachvollziehbaren Gewichtungen‘ dieser Töchterleistungen in der internationalen Zuchtwertschätzung aufgezeigt werden.

In Matrixschreibweise ausgedrückt ergibt sich folgendes Gleichungssystem:

$$W = C' V^{-1}$$

C-Matrix : genetische Korrelationen zwischen den Ländern mit Töchterleistungen eines Bullen und den Ländern, auf deren Basis sein Zuchtwert berechnet wird.

V-Matrix : enthält die Kovarianzen zwischen den Töchtergruppen in den Ländern, in denen der betreffende Bulle Töchter hat.

Diagonalelemente: $[1/h^2 + 1/4(n_i - 1)] / n_i$; n_i = Anzahl Töchter in Land i

Off-Diagonalen: $1/4$ der genetischen Korrelation im gleichen Merkmal zwischen zwei Ländern.

Sämtliche Matrixoperationen wurden mit dem mathematischen Programmpaket Scientific WorkPlace, Version 3.0, gerechnet. Für die Heritabilität wurde ein Wert von $h^2 = 0,30$ angenommen.

Die Gewichtungsfaktoren der Töchterleistungen eines Bullen in seinem Interbull-Zuchtwert auf Basis eines bestimmten Landes können insbesondere dann auf Unverständnis in der Zuchtpraxis treffen, wenn der Bulle über hohe Töchterzahlen in vielen Ländern, die an der internationalen Zuchtwertschätzung teilnehmen, verfügt. Deshalb wird exemplarisch der deutsche Bulle *BELT* betrachtet, und als Extrembeispiel ein hypothetischer Bulle konstruiert, der in jedem der in die internationale Zuchtwertschätzung eingebundenen Länder (Stand August 1999) 50 Töchter hat. Die Töchterzahlen des Bullen *BELT* in den einzelnen Ländern

sind in *Tabelle 10* aufgeführt, ermittelt an der INTERBULL-Datei von August 1999. Unter Berücksichtigung dieser Töchterzahlen kann die Kovarianz-Matrix (V-Matrix) aufgestellt werden.

Tabelle 10: Töchterzahlen des Bullen *BELT* in den Ländern, die an der MACE-ZWS teilnehmen (Interbull-Datei 08/99)

Anzahl Töchter in...								
DEU	DNK	NLD	GBR	AUT	BEL	IRL	ESP	CSK
51683	979	1728	3080	490	347	288	168	102

Der Interbull-Zuchtwert für *BELT* sollte nicht nur auf Basis der Länder geschätzt werden, in denen er eigene Töchter hat, sondern zuzüglich für Kanada (CAN), Frankreich (FRA), Italien (ITA), die USA, Neuseeland (NZL), Australien (AUS), Slowenien (SLO), Estland (EST), Israel (ISR), Schweden (SWE), Finnland (FIN) und die Schweiz (CHE). Daraus ergab sich die Größe der Matrix der genetischen Korrelationen (C-Matrix) von 9 x 21 (*Tabelle 11*). Die genetischen Korrelationen zwischen den Mitgliedsländern werden nach jeder Zuchtwertschätzung von INTERBULL veröffentlicht (<http://www.interbull.org>). Für diese Untersuchung galten die genetischen Parameter für das Merkmal Eiweiß-kg.

Die Berechnung der Gewichtungsfaktoren der Töchterleistungen für den Paralleltest eines Bullen wurde für jedes Länderpaar in zwei verschiedene Szenarien unterteilt. Der Bulle sollte generell 100 Töchter in Deutschland haben und 50 Töchter im ersten bzw. 20 Töchter im zweiten Fall in einem anderen Land. Folgende Länder kamen für den Paralleltest in Frage: Kanada, Frankreich, Italien, Niederlande und die USA wegen ihrer Bedeutung als dominierende Länder der Holsteinzucht, Spanien wegen der guten Handelsbeziehungen zu Deutschland auf dem Sperma- und Zuchtvielsektor, Belgien wegen seiner dichten geographischen Lage zu Deutschland und schließlich Australien, da es u.U. interessant sein kann, Bullen in einem Land zu testen, das die niedrigsten genetischen Korrelationen zu Deutschland aufweist.

Tabelle 11: Matrix der genetischen Korrelationen im Merkmal Eiweiß-kg für die 9 Länder, in denen der Bulle *Belt* eigene Töchter hat und den übrigen 21 Ländern, die an der internationalen Zuchtwertschätzung teilnehmen.

	DEU	DNK	NLD	GBR	AUT	BEL	IRL	ESP	CSK	CAN	FRA	ITA	USA	NZL	AUS	SLO	EST	ISR	SWE	FIN	CHE
DEU	1	.9	.91	.89	.86	.9	.87	.87	.86	.9	.88	.89	.89	.77	.79	.86	.87	.85	.86	.87	.88
DNK	.9	1	.95	.95	.88	.95	.93	.92	.88	.94	.94	.9	.92	.78	.83	.87	.88	.87	.92	.94	.91
NLD	.91	.95	1	.94	.87	.97	.91	.91	.87	.94	.94	.93	.94	.81	.82	.88	.89	.88	.92	.94	.93
GBR	.89	.95	.94	1	.87	.95	.95	.9	.87	.93	.91	.9	.92	.83	.85	.89	.87	.88	.91	.91	.89
AUT	.86	.88	.87	.87	1	.88	.86	.88	.89	.85	.86	.84	.86	.78	.8	.87	.88	.86	.87	.88	.88
BEL	.9	.95	.97	.95	.88	1	.91	.92	.87	.94	.95	.91	.94	.8	.83	.88	.87	.87	.9	.92	.89
IRL	.87	.93	.91	.95	.86	.91	1	.89	.88	.9	.9	.88	.89	.84	.86	.88	.86	.88	.89	.9	.9
ESP	.87	.92	.91	.9	.88	.92	.89	1	.87	.93	.92	.94	.92	.78	.8	.88	.85	.87	.89	.91	.88
CSK	.86	.88	.87	.87	.89	.87	.88	.87	1	.87	.85	.84	.87	.77	.78	.88	.86	.85	.86	.88	.87

3.2.2 Ergebnisse

Die prozentualen Gewichtungsfaktoren der Töchterleistungen des Bullen *BELT* und des hypothetischen universellen Bullen in der Interbull-Zuchtwertschätzung für die Basen verschiedener Länder sind in *Tabelle 12* bzw. *Tabelle 13* aufgeführt.

Fall I: *Belt*

In Klammern sind in *Tabelle 12* der Übersichtlichkeit halber die Töchterzahlen von *BELT* in den jeweiligen Ländern explizit angegeben. Die fettgedruckten Werte auf der Diagonalen in der oberen Tabellenhälfte sind die prozentualen Gewichtungsfaktoren in den Ländern, in denen *BELT* eigene Töchter hat. Die Zahlenwerte in den Reihen, also die Gewichtungsfaktoren der Töchterleistungen für den MACE-Zuchtwert des jeweiligen Landes, müssen sich zu eins aufsummieren. Die 51638 deutschen Töchter von *BELT* bestimmen zu 100% seinen Interbull-Zuchtwert auf deutscher Basis, d.h. Töchterleistungen aus anderen Ländern bringen keinen zusätzlichen Informationsgewinn. Diese enorm hohe deutsche Töchterzahl hat aber keinerlei Gewichtung im MACE-ZW von *BELT* für die Basis von Großbritannien, obwohl *BELT* in Großbritannien deutlich weniger Töchter hat.

In der MACE-ZWS auf Basis von Schweden und Finnland, wo *BELT* selbst keine eigenen Töchter hat, werden die Leistungen der 51638 deutschen Töchter gar negativ gewichtet. In dieser unteren Tabellenhälfte, alle Länder ohne eigene *BELT*-Töchter, sind der höchste und der niedrigste Gewichtungsfaktor fettgedruckt hervorgehoben. Kleinste Unterschiede in den genetischen Korrelationen können teilweise drastische Auswirkungen auf die Gewichtungsfaktoren haben. Als Beispiel hierfür seien Australien und Neuseeland genannt. Die genetischen Korrelationen dieser Länder zu den übrigen Ländern liegen aufgrund ihres vom europäisch-nordamerikanischen abweichenden Produktionssystems auf niedrigerem, aber recht einheitlichen Niveau. Dennoch bestimmen, um das extremste Beispiel herauszugreifen, die 1728 *BELT*-Töchter aus den Niederlanden zu 33% den MACE-Zuchtwert von *BELT* für die Basis Neuseelands, werden aber negativ im MACE-Zuchtwert für die Basis Australiens gewichtet.

Table 12: Prozentuale Gewichtungsfaktoren der Töchterleistungen des Bullen *BELT* in der MACE-ZWS für die Basen 21 verschiedener Länder

		DEU	DNK	NLD	GBR	AUT	BEL	IRL	ESP	CSK
		(51638)	(979)	(1728)	(3080)	(490)	(347)	(288)	(168)	(102)
MACE-Zuchtwert für die Basis von....	DEU	1.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
	DNK	0.01	0.84	0.04	0.05	0.01	0.02	0.02	0.01	0.00
	NLD	0.02	0.03	0.88	0.02	-0.01	0.05	0.00	0.01	0.00
	GBR	0.00	0.02	0.01	0.94	0.00	0.01	0.02	0.00	0.00
	AUT	0.03	0.02	0.00	0.02	0.89	0.02	0.01	0.01	0.00
	BEL	0.01	0.04	0.23	0.13	0.02	0.56	-0.03	0.04	0.00
	IRL	0.01	0.06	0.01	0.22	0.01	-0.03	0.66	0.02	0.04
	ESP	0.02	0.11	0.04	0.00	0.07	0.08	0.03	0.63	0.02
	CSK	0.08	0.04	0.03	0.00	0.16	0.00	0.09	0.04	0.56
	CAN	0.15	0.20	0.21	0.19	-0.09	0.09	-0.02	0.22	0.05
	FRA	0.03	0.30	0.26	-0.13	0.02	0.29	0.10	0.15	-0.02
	ITA	0.20	-0.11	0.48	0.12	-0.04	-0.06	0.03	0.39	-0.01
	USA	0.11	0.00	0.34	0.16	0.00	0.16	-0.02	0.19	0.06
	NZL	0.05	-0.40	0.33	0.42	0.17	-0.05	0.38	0.06	0.04
	AUS	0.06	0.00	-0.01	0.33	0.16	0.09	0.36	0.02	-0.01
	SLO	0.13	-0.18	0.13	0.32	0.18	0.00	0.12	0.15	0.15
	EST	0.19	0.07	0.35	0.04	0.31	-0.11	0.07	-0.01	0.09
	ISR	0.10	-0.09	0.26	0.18	0.22	-0.06	0.19	0.14	0.06
	SWE	-0.03	0.23	0.40	0.21	0.16	-0.14	0.03	0.09	0.05
	FIN	-0.07	0.34	0.47	-0.04	0.13	-0.07	0.06	0.11	0.07
	CHE	0.09	0.12	0.64	-0.11	0.21	-0.24	0.21	0.03	0.05

Fall 2: der ‚universelle Bulle‘

Für den universellen Bullen mit 50 Töchtern in jedem der an der Interbull-Zuchtwertschätzung teilnehmenden Länder zeigen die Gewichtungsfaktoren in den MACE-Zuchtwerten für die Basis der 6 dominierenden Holsteinländer Kanada, Deutschland, Frankreich, Italien, Niederlande und den USA zum Teil recht große Unterschiede (*Table 13*).

Tabelle 13: Prozentuale Gewichtungsfaktoren der Töchterleistungen des universellen Bullen in der MACE-ZWS für die Basen von 6 verschiedenen Ländern

	MACE-ZW für die Basis von.....					
	CAN	DEU	FRA	ITA	NLD	USA
CAN	0.25	0.05	0.07	0.06	0.04	0.10
DEU	0.05	0.38	0.01	0.05	0.04	0.02
DNK	0.06	0.04	0.07	0.00	0.06	0.02
FIN	0.03	0.01	0.06	-0.01	0.07	0.03
FRA	0.07	0.02	0.26	0.09	0.05	0.03
ITA	0.06	0.05	0.09	0.28	0.06	0.14
NLD	0.04	0.04	0.05	0.06	0.19	0.04
SWE	0.03	0.00	0.01	0.02	0.04	0.03
USA	0.10	0.02	0.03	0.15	0.04	0.25
CHE	0.01	0.03	0.00	0.04	0.08	0.05
GBR	0.05	0.03	0.00	0.02	0.05	0.04
NZL	0.05	0.01	0.03	0.05	0.02	-0.01
AUS	-0.01	-0.01	0.05	-0.02	0.00	-0.01
AUT	-0.02	0.03	0.01	-0.01	-0.01	0.00
BEL	0.05	0.03	0.09	0.01	0.11	0.07
IRL	0.02	0.02	0.00	0.01	0.01	0.01
ESP	0.07	0.01	0.05	0.12	0.00	0.04
CSK	0.03	0.04	-0.01	-0.01	0.00	0.03

In *Tabelle 13* sind die Länder, für deren Basen MACE-Zuchtwerte geschätzt werden, in den Spalten und die Länder mit je 50 Töchtern in den Zeilen aufgeführt. Die Gewichtungsfaktoren der eigenen Töchterleistungen für die Basis des eigenen Landes (fettgedruckt) bewegen sich innerhalb eines Bereichs von 0,19 (NLD) bis 0,38 (DEU). Für die MACE-ZWS für die Basis von Kanada, Deutschland und Italien gilt auch hier die negative Gewichtung der australischen, aber positive Gewichtung der neuseeländischen Töchterleistungen.

Fall 3: Paralleltest

Auf den Interbull-Zuchtwert für die deutsche Basis eines deutschen Testbullen mit 100 Töchtern in Deutschland haben 20 Töchter in einem anderen Land nur geringe Auswirkungen (Tabelle 14), wobei aber noch Unterschiede entsprechend der Größenordnung der genetischen Korrelation bestehen. Je geringer die genetische Korrelation von Land B zu Deutschland ist, um so stärker werden die deutschen Töchterleistungen in der MACE-Zuchtwertschätzung für die Basis von Deutschland gewichtet. Für die Zuchtwertschätzung auf Basis Land B gilt für diese Konstellation, dass die Leistungsinformation innerhalb Land B stärker berücksichtigt wird. Australien hat die geringste genetische Korrelation zu Deutschland ($r_g=0,77$). Deshalb beeinflussen die 20 australischen Töchter den deutschen Interbull-Zuchtwert nur zu 8,2%. Die genetische Korrelation zwischen den Niederlanden und Deutschland beträgt $r_g=0,91$ und somit haben die 20 niederländischen Töchter mit 12,5% größeren Einfluss auf den deutschen Interbull-Zuchtwert.

Tabelle 14: Prozentuale Gewichtungsfaktoren in der MACE-ZWS eines Bullen auf deutscher Basis und auf Basis eines zweiten Landes (Land B) für verschiedene Töchterzahlen in beiden Ländern

Land B	r_g zu DEU	Anzahl Töchter				Anzahl Töchter			
		100 Tö. in DEU		20 Tö. in Land B		100 Tö. in DEU		50 Tö. in Land B	
		Basis DEU	Basis Land B	Basis DEU	Basis Land B	Basis DEU	Basis Land B	Basis DEU	Basis Land B
CAN	0,90	87,8	63,8	12,2	36,6	79,7	41,5	20,3	58,5
FRA	0,88	88,5	60,5	11,5	39,2	81,3	38,4	18,7	61,7
ITA	0,89	88,2	62,2	11,8	37,7	78,8	43,4	19,4	59,4
NLD	0,91	87,5	65,4	12,5	34,6	78,8	43,3	21,1	56,7
USA	0,89	88,2	62,2	11,8	37,7	80,5	40,6	19,4	59,4
AUS	0,77	91,7	47,4	8,2	52,4	87,6	26,6	12,4	73,4
ESP	0,87	88,8	59,3	11,2	40,7	82,0	37,0	18,0	63,0
BEL	0,90	87,8	63,8	12,2	36,6	79,7	41,5	20,3	58,5

50 ausländische Töchter gehen in der Größenordnung von 12,4% (Australien) bis hin zu 21,1% (Niederlande) in den Interbull-Zuchtwert auf Basis Deutschland ein, wenn der Bulle selbst 100 Töchter in Deutschland hat. Der Interbull-Zuchtwert auf Basis des zweiten Landes wird auch bei niedrigen genetischen Korrelationen zu Deutschland infolge der hohen

Töchterzahl stark von diesen 100 deutschen Töchterleistungen geprägt. Die Bandbreite der Gewichtungsfaktoren der 20 eigenen Töchterleistungen auf Basis des zweiten Landes variiert von 34,6% (Niederlande) bis 52,4% (Australien) bzw. von 56,7% (Niederlande) bis 73,4% (Australien) bei 50 Töchtern des betreffenden Bullen.

3.2.3 Diskussion und Empfehlungen für die Zuchtorganisation

Allgemeine Problematik

Die grundsätzliche Problematik der teilweise ‚nicht nachvollziehbaren Gewichtungsfaktoren‘ in der internationalen Zuchtwertschätzung wird von VAN der BEEK (1999) angesprochen. Er zeigt für den Bullen *ESQUIMAU*, der Töchter in 7 verschiedenen Ländern hat, ähnliche Tendenzen auf wie in sie dieser Untersuchung für den Bullen *BELT* gelten. Grundsätzlich gilt es zu überdenken, ob es sinnvoll und gerechtfertigt ist, in der Interbull-Zuchtwertschätzung jedes Land als separates Merkmal laufen zu lassen oder doch den von WEIGEL und REKAYA (1999) vorgestellten Vorschlag des ‚borderless clustering‘ aufzugreifen. SWALVE (1999) ist der Meinung, dass zukünftig weltweit nur noch drei Systeme für die Milchproduktion existieren werden:

1. Ein *intensives System*, gekennzeichnet durch intensives Management (u.a. automatische Melksysteme) und intensive Fütterung mit dem Ziel von > 10000 kg Milch je Kuh und Jahr.
2. Eine *extensivere Form der Milchproduktion*, gekennzeichnet durch ein geringeres Leistungsniveau von ca. 7500 kg je Jahr, aber auch geringeren Produktionskosten, da 50% des Grundfutters durch Weidegang aufgenommen werden.
3. *Milchproduktion auf der Basis von Weidegang*, wie sie in Neuseeland, Australien und Südafrika praktiziert wird. Hierbei ist nicht die Milchleistung je Kuh, sondern die Milchleistung je Hektar Weidefläche die zu maximierende Größe.

SWALVE (1999) ist sogar der Auffassung, dass für die Zucht von Milchrindern für einen globalen Absatzmarkt für die Systeme 1. und 2. keine züchterische Differenzierung erfolgen muss. Er begründet dies mit den Ergebnissen von WEIGEL et al. (1999), die die genetische Korrelation zwischen der Milchleistung im intensiven System und einer Produktionsform, die dem System 2. entspricht, auf Nahe Eins schätzen.

REENTS et al. (1999) analysieren am deutschen Datenmaterial mit der Methode der kleinsten Quadrate (LSQ=Least square analysis) die Einflussfaktoren verschiedener Kalbejahre, Regionen, Prüfmonate und Herdentesttagsgrößen auf die tägliche Milchmenge. Der jeweilige Schätzwert (LSQ-Mittelwert) für die Klasse eines Einflussfaktors ist für alle anderen im Modell enthaltenen gleichzeitig wirkenden Effekte korrigiert. Zusätzlich extrahieren sie zwei Datenfiles aus einem Bundesland, um den Einfluss des ‚Wirtschaftsfaktors‘ zu untersuchen. Zum einen handelt es sich um Betriebe, die in einer Ackerbauregion liegen und durch Stallhaltung mit kontinuierlicher Abkalbung gekennzeichnet sind (*intensiv wirtschaftend*), zum anderen um Betriebe von Grünlandstandorten in demselben Bundesland (*extensiv wirtschaftend*). REENTS et al. (1999) ermitteln erhebliche Unterschiede in der absoluten Höhe der Milchleistung zwischen den beiden Wirtschaftsformen. Insbesondere im Verlauf der Saison wird deutlich, dass die Schwankungen der LSQ-Werte für die extensivere Wirtschaftsform stärker ausgeprägt sind, während der Effekt der Herdengröße für die extensivere Form geringer ist. Auch dieses Beispiel zeigt, dass Unterschiede in den Produktionsfaktoren bzw. etwaige Genotyp-Umwelt-Interaktionen nicht an Ländergrenzen festgemacht werden sollten.

Empfehlungen für die Zuchtorganisation

Werden die Vorschläge eines ‚borderless clustering‘ nicht aufgegriffen, so ist zu überlegen, wie die Zuchtorganisationen aktiv dazu beitragen können, die Problematik der internationalen Zuchtwertschätzung zu umgehen und den Mitgliedern ‚nachvollziehbare‘ Ergebnisse zu liefern. Im Sinne der Globalisierung der Holsteinzucht wäre es erstrebenswert, wenn der Testeinsatz der Bullen international ausgerichtet wird. Der Testeinsatz sollte so organisiert sein, dass jeder Bulle in wenigen Ländern in etwa die gleiche Anzahl Töchter hat. Die Gewichtungsfaktoren der Töchterleistungen aus diesen Ländern für die Basen verschiedener Länder würden dann ausschließlich von den genetischen Korrelationen abhängen. Eine Idealvorstellung könnte dahingehend realisiert werden, dass der Testeinsatz in speziellen Testherden stattfindet, die dem Grossteil der landestypischen Produktionssysteme entsprechen. Die Bullen wären dann genau unter den Umweltbedingungen zu selektieren, unter denen ihre Nachkommen in der Praxis Leistung erbringen müssen (LUSH, 1945). Für die internationale Zuchtwertschätzung ergibt sich durch grenzüberschreitende Testprogramme eine bessere genetische Verknüpfung des Datenmaterials, was in der Fachliteratur durch den Begriff der *connectedness* Eingang gefunden hat.

Neue Vermarktungschancen sind ein weiterer Aspekt, wenn es darum geht, Paralleltests von Bullen in Erwägung zu ziehen. Systematisch wird diese Strategie im australischen EUREKA-Zuchtprogramm (OWENS, 2000) mit einer Nachkommenprüfung in Australien und den Niederlanden praktiziert. HÄCKEL (1996) verweist auf grenzüberschreitende Prüfprogramme, um durch größere Populationen mehr Zuchtfortschritt zu erreichen. Im Prozess der Globalisierung sind kleine Zuchtprogramme nicht mehr konkurrenzfähig. Die Zusammenarbeit von Alta Genetics und Landmark über die Grenzen von Kanada und den USA hinweg oder die Internationalisierung von ABS mit der Etablierung von europäischen Testprogrammen sind als Beispiele anzuführen. SCHOUTEN (1999) sieht aufgrund des zunehmenden Konkurrenzdrucks keine andere Möglichkeit, als durch Kooperationen und Fusionen über Ländergrenzen hinweg kostengünstige und effiziente Zuchtprogramme mit dem Ziel der Erschließung neuer Absatzmärkte durchzuführen.

Für den Paralleltest eines Bullen in Deutschland und einem zweiten Land sind aus Sicht einer deutschen Zuchtorganisation einige grundlegende Empfehlungen abzuleiten. Wenn ein Bulle 100 Töchter in Deutschland hat, haben 20 Töchter aus anderen Ländern nur einen geringen Einfluß auf den Interbull-Zuchtwert auf deutscher Basis. Verfügt dieser Bulle über einen hervorragenden deutschen Zuchtwert, so haben eventuell schlechte Töchterleistungen in einem zweiten Land nur geringe negative Auswirkungen innerhalb Deutschlands. Allerdings sind negative Auswirkungen auf den deutschen Interbull-Zuchtwert möglich, wenn 50 ausländische Töchter mit schlechten Leistungen berücksichtigt werden. Die Ausnahme bildet lediglich Australien aufgrund der genetischen Korrelationen zu Deutschland von $r_g=0,77$.

Das Testen von 100 Töchtern in Deutschland und 20 Töchtern im Ausland ist somit eine Alternative für herkömmliche Zuchtprogramme. Die Wahrscheinlichkeit, einen guten deutschen Bullen durch Einbeziehung dieser 20 ausländischen Töchter in Deutschland zu verschlechtern, ist wesentlich geringer, als einen guten deutschen Bullen im Ausland zu verbessern. In Australien könnten auch 50 Töchter getestet werden. Der Einfluss auf den deutschen Interbull-Zuchtwert ist gering. Das Vermarktungspotenzial dieses Bullen wird rapide zunehmen, wenn auch seine australischen Töchter hervorragende Leistungen aufweisen.

3.3 Vergleich des genetischen Niveaus von Ländern

Zwar liefert das MACE-Verfahren neben den Zuchtwerten für alle Bullen auf der Basis aller Länder auch Schätzwerte für das genetische Niveau jedes Landes, diese Werte werden von Interbull allerdings nicht veröffentlicht. Es stellt sich damit die Frage, wie Populationen dann verglichen werden können. Ziel der vorliegenden Untersuchung war es, auf der Grundlage der an jedes am Interbull-Verfahren beteiligten Landes überstellten Datei mit den Ergebnissen der Weltzuchtwertschätzung einen Vergleich des genetischen Niveaus der wichtigsten Holsteinländer durchzuführen.

3.3.1 Material und Methode

Datengrundlage waren die Interbull-Ergebnisdateien für Produktions- und Exterieurmerkmale der MACE-Zuchtwertschätzung 11/99. Die Dateien enthielten die Ergebnisse der Zuchtwertschätzung für 57361 (Produktionsmerkmale; Zuchtwerte für die Basen von 24 Ländern) bzw. 45893 (Exterieurmerkmale; Zuchtwerte für die Basen von 10 Ländern) Bullen. Der Grundansatz der Untersuchung war, dass ein Mittelwertvergleich der Bullen wichtiger Holsteinländer gemäß ihrer Kodierung für das Land der ersten Registrierung auf der Basis eines ‚weniger bedeutenden Drittländes‘ einen approximativen Schätzwert für den Vergleich der Populationen bildet. Das Drittland sollte dabei so gewählt werden, dass möglichst sehr ähnliche genetische Korrelationen zwischen dem Drittland und den zu vergleichenden Ländern existieren. Zur Erlangung einer höheren Aussagesicherheit wurde bei den Produktionsmerkmalen (stellvertretend: Eiweißmenge) so vorgegangen, dass für den Vergleich der dominierenden Holsteinländer Kanada (CAN), Deutschland (DEU), Frankreich (FRA), Italien (ITA), Niederlande (NLD) und USA fünf ‚Drittländer‘, deren Ergebnislisten vorher auf eine einheitliche Standardabweichung standardisiert wurden, ausgewählt wurden (CHE = Schweiz, IRL = Irland, CSK = Tschech. Republik, SLO = Slowenien, EST = Estland). Die für die einzelnen Länder berechneten Mittelwertvergleiche konnten somit noch einmal über Drittländer hinweg gemittelt werden. Ein Auszug aus den von Interbull verwendeten genetischen Korrelationen, der die ausgewählten Länder betrifft, ist in *Tabelle 15* angegeben.

Table 15: Genetische Korrelationen im Merkmal Eiweiß-kg der wichtigsten Holsteinländer zum jeweiligen Drittland (Interbull, 1999)

	CHE	IRL	CSK	SLO	EST
CAN	0,89	0,90	0,87	0,87	0,86
DEU	0,88	0,87	0,86	0,86	0,87
FRA	0,88	0,89	0,85	0,87	0,86
ITA	0,89	0,88	0,84	0,87	0,86
NLD	0,93	0,91	0,87	0,88	0,89
USA	0,91	0,89	0,87	0,88	0,88

Durch das MACE-Verfahren erhalten aufgrund der Berücksichtigung verwandtschaftlicher Beziehungen und der genetischen Korrelationen alle Bullen Zuchtwerte für jedes Land. Hat ein Bulle in einem Land keine eigenen Töchter, so ist die Sicherheit des geschätzten Zuchtwertes naturgemäß gering. Zur Beachtung dieses Umstandes gingen jeweils nur die Bullen in den Vergleich ein, die im Drittland eine Sicherheit von 70% erreichten.

In der Interbull-ZWS-Exterieur nahmen zum Schätztermin 11/99 nur 10 Länder teil. Insbesondere durch Unterschiede in der Definition einzelner Exterieurmerkmale ergibt sich bei der Inspektion der genetischen Korrelationen zwischen Ländern ein heterogenes Bild bzw. es konnten von Interbull teilweise keine genetischen Korrelationen geschätzt werden. Aus diesem Grund wurde für den Ländervergleich Exterieur Spanien als einziges Drittland gewählt. Die in der Datei ausgewiesenen Zuchtwerte der Teilindizes Milchtyp, Körper, Fundament und Euter auf Basis Spanien wurden entsprechend des in Deutschland verwendeten Relativzuchtwerts Exterieur (RZE) im Verhältnis von 15:20:25:40 zu einem Gesamtzuchtwert Exterieur kombiniert. Da für französische Bullen kein Teilindex Milchtyp und für italienische Bullen kein Teilindex Fundament vorlag, reduzierte sich der Ländervergleich auf CAN, DEU, NLD und USA. Der Ländervergleich Exterieur auf spanischer Basis ist zusätzlich für jene Merkmale durchgeführt worden, die in enger Beziehung zur Nutzungsdauer stehen (Klauen und Eutertiefe). Für die Exterieurmerkmale gelten Relativzuchtwerte mit einem Mittelwert von 100 und einer Streuung von 12 Punkten.

3.3.2 Ergebnisse und Schlussfolgerungen

Die Ergebnisse sind zur Darstellung des Trends der Mittelwertvergleiche grafisch, stratifiziert nach Geburtsjahren der Bullen, dargestellt (Abbildung 9).

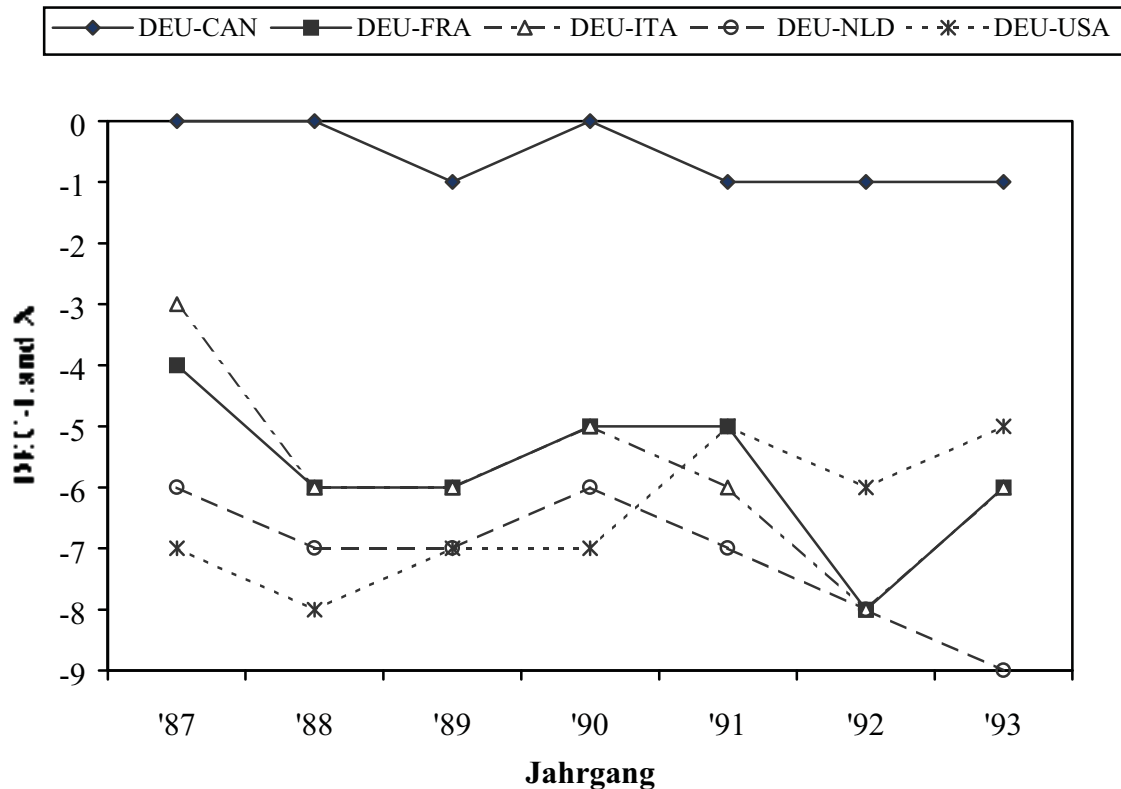


Abbildung 9: Differenz der Mittelwerte für ZW (Eiweiß-kg) nach Bullenjahrgängen zwischen Deutschland und dominierenden Holsteinländern, gemittelt über die ‚Drittländer‘ CHE, IRL, CSK, EST und SLO

Der Ländervergleich für Eiweißmenge zeigt, dass sich Deutschland auf einem Niveau mit Kanada befindet. Deutlich davon abgesetzt schneiden ITA, NLD, FRA und USA besser ab, wobei insbesondere der stark positive Trend in den NLD für die letzten drei Bullenjahrgänge hervorzuheben ist und diese Differenz aktuell auf 9 Eiweiß-kg angestiegen ist. Die Unterlegenheit der deutschen Population hinsichtlich der Produktionsmerkmale ist die Folge einer gegenüber anderen Holsteinländern unterschiedlichen Selektionsstrategie. Dies kann in der Rückschau auch anhand der ausgewählten Bullenmütter bzw. ihrer Väter (mütterliche Großväter der betrachteten Bullen) belegt werden. Eine Analyse der Interbull-ZW der mütterlichen Großväter auf Basis CSK für die Merkmale Milch-kg, Fett-kg und Eiweiß-kg nach dem Herkunftsland des Bullen verdeutlicht (Tabelle 16), dass der Zuchtwert des Vaters als Selektionskriterium für Bullenmütter in Deutschland nicht mit der Konsequenz wie in den anderen dominierenden Holsteinländern angewendet wurde.

Table 16: Interbull-ZW der mütterlichen Großväter auf Basis CSK
(Bullenjahrgänge 1987 – 1993)

Herkunftsland der Bullen	ZW für		
	Milch-kg	Fett-kg	Eiweiß-kg
CAN	817,1	21,7	30,4
DEU	620,6	19,7	24,7
FRA	892,2	27,4	35,3
ITA	848,8	21,8	33,0
NLD	788,6	29,1	33,8
USA	820,6	22,0	29,1

Der in *Abbildung 10* dargestellte Vergleich für Exterieur zeigt wiederum nur geringe Differenzen für den Vergleich DEU – CAN bis zum Bullenjahrgang 1992, jedoch eine Überlegenheit der deutschen Holstein-Population über denjenigen aus den NLD und den USA.

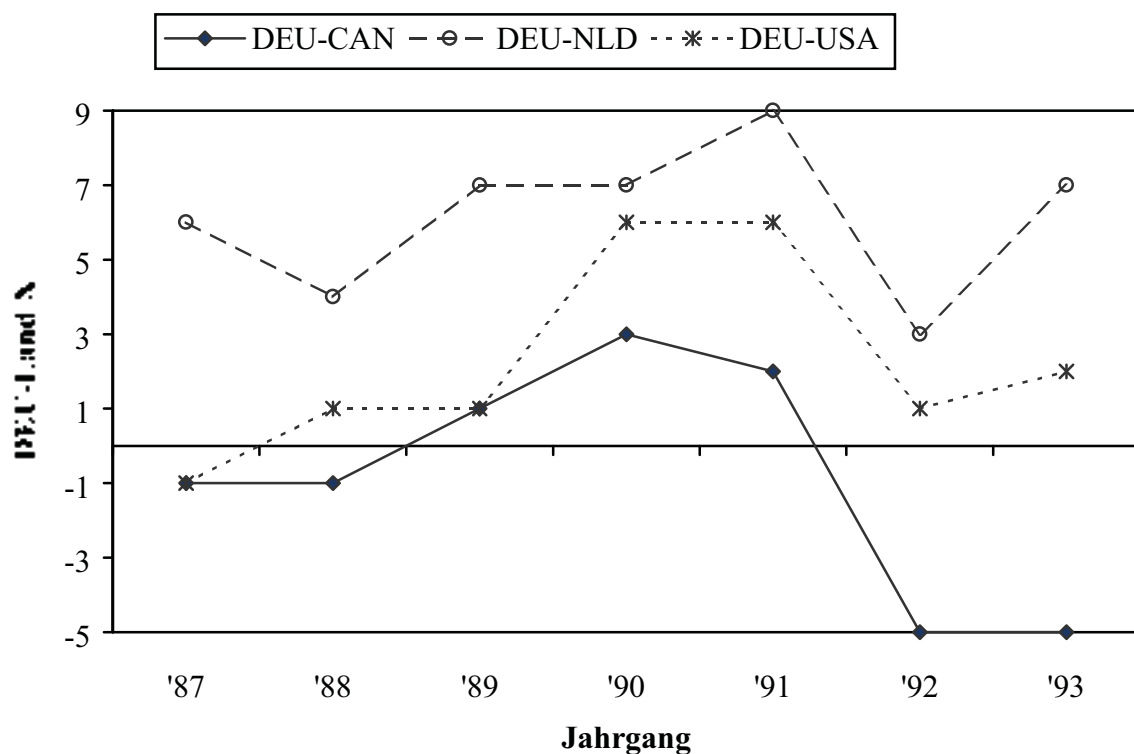


Abbildung 10: Differenz der Mittelwerte für den RZE nach Bullenjahrgängen zwischen Deutschland und dominierenden Holsteinländern auf spanischer Basis

Werden funktionale Merkmale im Ländervergleich betrachtet (*Abbildung 11 und Abbildung 12*), so ist ein deutlicher Vorteil für die deutsche Population zu erkennen; in den Jahrgängen 1987-1990 für das Merkmal Klauen sogar gegenüber der kanadischen Population. Im Merkmal Klauen beträgt die Überlegenheit der deutschen Population gegenüber der französischen 9 Punkte. Im Merkmal Eutertiefe hat die niederländische Population erhebliche Defizite aufzuweisen; die Vorteile der deutschen Population liegen über die einzelnen Jahre hinweg in der Größenordnung von 4 bis 6 Punkten. Nur die kanadische Population schneidet in diesem Merkmal besser ab als die deutsche, wobei der Vorteil mit 2 Punkten marginal ist.

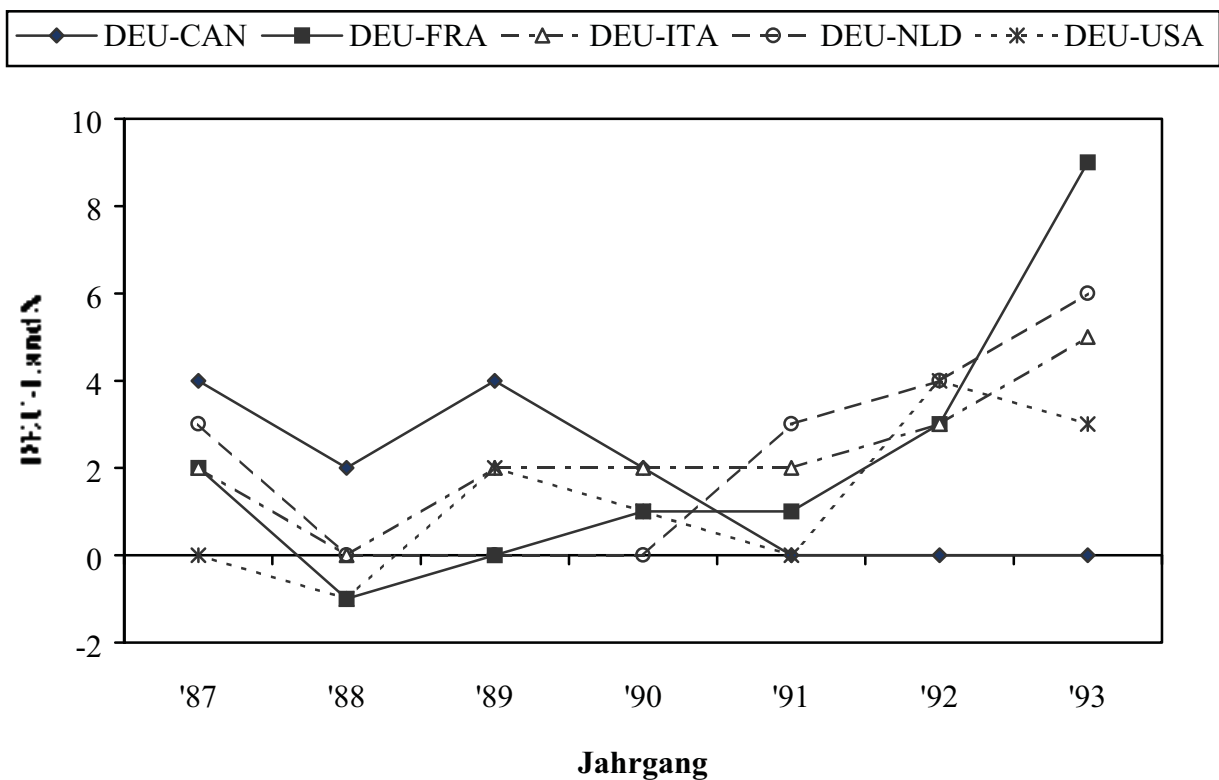


Abbildung 11: Differenz der Mittelwerte für das Merkmal Klauen nach Bullenjahrgängen zwischen Deutschland und dominierenden Holsteinländern auf spanischer Basis

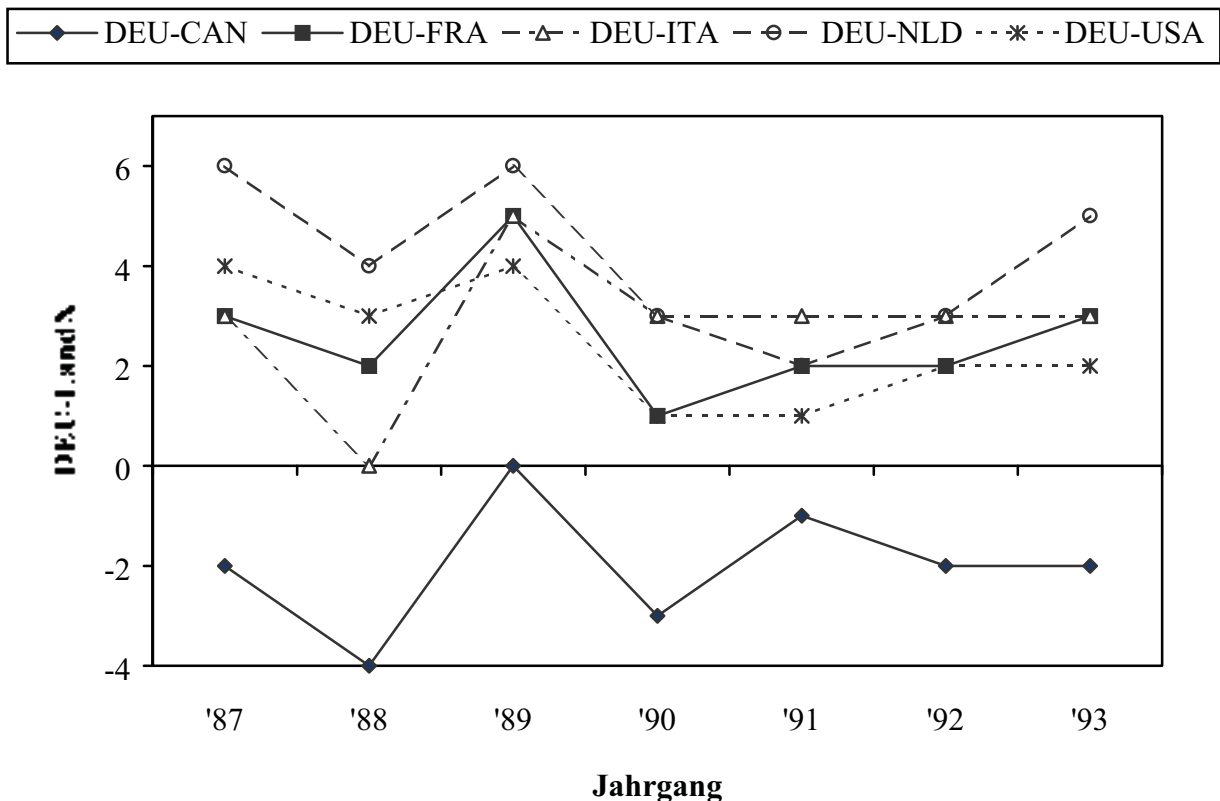


Abbildung 12: Differenz der Mittelwerte für das Merkmal Eutertiefe nach Bullenjahrgängen zwischen Deutschland und dominierenden Holsteinländern auf spanischer Basis

Auf eine umfassende Diskussion zur Thematik des Ländervergleichs muss verzichtet werden, da hierzu in der Literatur keine weitere Methodik bekannt ist. Dennoch sind anhand der Ergebnisse einige Empfehlungen für die Zuchtorganisationen abzuleiten. Der Vergleich des genetischen Niveaus der wichtigsten Holsteinländer hinsichtlich der Produktionsmerkmale und des Exterieurs zeigt, dass die deutsche Holsteinpopulation zwar in den Produktionsmerkmalen unterlegen ist, jedoch deutliche Vorteile im Exterieur gegenüber wichtigen Ländern wie den Niederlanden und teilweise auch den USA besitzt. Bei einer Auswahl von ausländischen Bullen bzw. Bullenvätern oder Bullenmüttern für den Einsatz in Deutschland müsste für ein kombiniertes Zuchtziel eigentlich nur in den USA selektiert werden; für spezielle Anpaarungen hinsichtlich des Exterieurs kann auf Kanada, für spezielle Anpaarungen hinsichtlich Milch auf die Niederlande zurückgegriffen werden. Auch für ein kombiniertes Zuchtziel sollte bei der Selektion der Bullenmütter in Zukunft in Deutschland stärker der ZW des Vaters in den Produktionsmerkmalen beachtet werden, da sich ansonsten im internationalen Vergleich zu große Defizite ergeben.

In Zukunft wird eine stärkere Gewichtung der funktionalen Merkmale im Gesamtzuchtwert Exterieur erfolgen bzw. die funktionalen Merkmale als Indikatoren zur genaueren Vorhersage des Zuchtwertes für funktionale Nutzungsdauer herangezogen werden. Unter diesen Gegebenheiten wird die deutsche Holsteinpopulation international konkurrieren können. Das Marketingkonzept der deutschen Zuchtverbände sollte schon jetzt in diese Richtung ausgelegt sein.

3.4 Untersuchungen zur Varianzstruktur von Produktionsmerkmalen in deutschen Zuchtverbandsgebieten

3.4.1 Material und Methode

Das Datenmaterial von 4 Zuchtverbänden aus den Alten und zwei Zuchtverbänden aus den Neuen Bundesländern für die im Rahmen dieses Kapitels durchgeführten Untersuchungen wurde vom VIT zur Verfügung gestellt. Es handelt sich dabei um Laktationsleistungen (Milch-kg, Fett-kg, Eiweiß-kg) für schwarzbunte und rotbunte Kühe mit Zuchtwerten für die Produktionsmerkmale, die in den Jahren 1997 bis 1999 in den ersten drei Laktationen eine Kalbung hatten. Diese Untersuchung konzentrierte sich auf Erstlaktationsleistungen der Rasse Holstein-Schwarzbunt, d.h. es wurden jene Betriebe im Datenmaterial belassen, die einen Schwarzbuntanteil von mindestens 80% in ihren Herden haben. Die Datenaufbereitung beschränkte sich darauf, zu prüfen, ob die Erstlaktation in mehr als 250 Melktagen erbracht wurde. Weitere Plausibilitätsprüfungen, z.B. hinsichtlich einer Mindestleistung, wurden nicht gestellt. Sämtliche Aufbereitungsschritte wurden mit dem Programmpaket *SAS 6.12* auf verschiedenen Workstations der Gesellschaft für wissenschaftliche Datenverarbeitung Göttingen (GWDG) durchgeführt.

Um nicht nur die Varianzstruktur zwischen den Zuchtverbänden, sondern auch innerhalb dieser vergleichen zu können, erfolgten zwei weitere Einteilungen. Zum einen exemplarisch für einen Verband aus den Alten und einen Verband aus den Neuen Bundesländern eine Stratifizierung nach der Größe des Herdenkalbejahres (HKJ), zum anderen eine Unterteilung

nach der Standardabweichung innerhalb Herdenkalbejahr (HKJ-SD). Da sich das Datenmaterial über drei Jahre erstreckt, erfolgte die Zuordnung nach diesen beiden Stratifizierungsgrößen entsprechend der Parameter des Kalbejahres 1999. D.h. wenn der Betrieb im Kalbejahr 1999 einer entsprechenden Kategorie zugeordnet wurde, so galt diese Zuordnung auch für die beiden anderen Kalbejahre. Als Kalbejahr wurde der Zeitraum vom 1. Januar bis zum 31. Dezember des jeweiligen Jahres gewählt. Für die Einteilung nach Herdenkalbejahr-Standardabweichungsklassen wurde die Streuung im Merkmal Milch-kg gewählt. Detaillierte Auswertungen zur Streuung der Laktationsleistungen der Produktionsmerkmale innerhalb Herdenkalbejahr folgen im Kapitel 3.5.1. *Tabelle 17* gibt einen Überblick über die statistischen Parameter des Datenmaterials für die einzelnen durchzuführenden Schätzläufe.

Tabelle 17: Anzahl der Kühe (n), Mittelwerte (\bar{x}) und Standardabweichungen (s) für die Merkmale Milch-, Fett,- und Eiweiß-kg in der ersten Laktation

	n	Milch-kg		Fett-kg		Eiweiß-kg	
		\bar{x}	s	\bar{x}	s	\bar{x}	s
WEST-1	43926	6624	1318	273	53,6	219	43,7
WEST-2	132973	6911	1333	284	53,9	228	43,9
WEST-3	82903	6939	1307	294	53,9	233	43,9
WEST-4	63064	6767	1249	289	52,6	225	41,6
OST-1	94335	6301	1376	268	53,3	216	44,3
OST-2	77550	6560	1345	274	53,1	225	44,3
OST-1 (≤ 30 Kühe / HKJ)	9633	6234	1292	264	52,5	212	42,2
OST-1 (>30 Kühe - ≤ 100 Kühe / HKJ)	44772	6132	1312	262	51,7	212	43,2
OST-1 (>100 Kühe / HKJ)	39930	6517	1436	276	54,3	223	45,1
WEST-3 (≤ 15 Kühe / HKJ)	66524	6900	1296	293	54,1	231	43,6
WEST-3 (>15 Kühe / HKJ)	25227	6978	1322	295	53,2	236	47,5
OST-1 (HKJ-SD ≤ 900 kg)	7428	5632	1122	240	47,7	189	37,9
OST-1 (HKJ-SD >900 - ≤ 1500 kg)	75104	6252	1280	266	50,4	215	41,1
OST-1 (HKJ-SD >1500 kg)	10230	7202	1760	299	62,8	246	54,1
WEST-3 (HKJ-SD ≤ 900 kg)	25542	6719	1197	286	51,5	224	40,8
WEST-3 (HKJ-SD >900 - ≤ 1500 kg)	42479	7103	1326	301	53,6	240	44,0
WEST-3 (HKJ-SD >1500 kg)	3663	7505	1528	315	57,0	254	49,5

Die Schätzung der Varianzkomponenten für die einzelnen Regionen bzw. Subklassen innerhalb Regionen erfolgte ausschließlich für das Merkmal Eiweiß-kg nach einem Einmerkmalstiermodell. Der Analyse lag folgendes statistisches Modell zugrunde:

$$Y_{ijk} = \mu + HKJ_i + S_j + a_k + EKA + MTG + e_{ijk}$$

Y_{ijk} : ijk -te Beobachtung des Einzeltieres

HKJ_i : fixer Effekt des i -ten Herdenkalbejahres

S_j : fixer Effekt der j -ten Saisonklasse (Monatsklassen, $j = 1,2,3$)

a_k : zufälliger additiver Effekt des k -ten Tieres

EKA : Kovariable Erstkalbealter

MTG : Kovariable Melktage

e_{ijk} : zufälliger Restfehler

Die genetischen Parameter dieser univariaten Läufe wurden mittels der REML-Methode (Tiermodell) mit dem Programmpaket VCE, Version 4.2.5 (GROENEVELD, 1998) geschätzt.

Bivariate Rechenläufe

Zur direkten Schätzung der genetischen Korrelationen zwischen der Eiweißmenge in zwei Regionen wurde ein Zweimerkmalsmodell mit Eiweiß-kg_{RegionA} als erstes Merkmal und Eiweiß-kg_{RegionB} als zweites Merkmal verwendet.

Das statistische Modell entspricht den univariaten Rechenläufen. Sämtliche Rechenläufe zur Bestimmung der genetischen Korrelationen wurden sowohl mit dem Programmpaket VCE 4.2.5 (GROENEVELD, 1998) als auch dem Programmpaket MTDFREML (BOLDMAN et al., 1995) durchgeführt. Das Programm MTDFREML bietet im Gegensatz zu VCE die Möglichkeit, bei einer Parameterschätzung Konvergenzkriterien, Startwerte für Varianzanteile und die Anzahl Iterationsrunden festzulegen. Zusätzlich erlaubt es, Varianz- und Kovarianzanteile während einer Parameterschätzung zu fixieren. Hierdurch wird ein Vergleich der Likelihood-Werte mit und ohne Fixierung der Kovarianzen und damit die Prüfung der Signifikanz der genetischen Korrelationen wenigstens approximativ ermöglicht (VAN VLECK et al., 2000).

Zuchtwertschätzung

An dem vollständigen Datenmaterial eines Verbandes aus den Alten (WEST-1) und eines Verbandes aus den Neuen Bundesländern (OST-1) wurden mit den genetischen Parametern aus den zuvor ermittelten univariaten und bivariaten Rechenläufen die Auswirkung auf Zuchtwerte von Bullen und Kühen untersucht. Die Berechnung der Zuchtwerte erfolgte mit dem Programmpaket PEST (GROENEVELD, 1990).

Hierbei galt es, die Ergebnisse von drei verschiedenen Ansätzen zu vergleichen. Referenzsituation war eine gemeinsame Zuchtwertschätzung für alle Tiere aus Verband WEST-1 und Verband OST-1 mit gemeinsamen Varianzkomponenten. In der zweiten Situation wurden die für den jeweiligen Verband geltenden korrekten Restvarianzen in das BLUP-Gleichungssystem eingesetzt. In einem Zweimerkmalsmodell, in dem das Merkmal Eiweiß-kg in den Alten Bundesländern als Merkmal A und in den Neuen Bundesländern als Merkmal B definiert wurde, konnte neben den korrekten Restvarianzen mit den korrekten additiv-genetischen Varianzen gearbeitet werden.

Ein Vergleich der Ergebnisse der verschiedenen Varianten wurde anhand der Rangverschiebungen in Toplisten für Bullen und Kühe mittels der Prozedur SAS 6.12 unter dem Betriebssystem Unix durchgeführt. Zur Zuordnung von Bullen nach bestimmten Kriterien diente die Bullendatei des VIT der ZWS von November 2000.

3.4.2 Ergebnisse

3.4.2.1 Univariante Rechenläufe

Ergänzt wurden die Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzung stratifiziert nach Zuchtverbänden für das Merkmal Eiweiß-kg (*Tabelle 18*) um die Rohvarianz innerhalb der Verbände (σ^2_{P-roh}), das Verhältnis der Gesamtvarianz aus der Varianzkomponentenschätzung zur Rohvarianz ($\sigma^2_P/\sigma^2_{P-roh}$) und die mittlere Varianz innerhalb Herdenkalbejahr (\bar{x} der HKJ-SD²).

Tabelle 18: Varianzkomponentenschätzung für einzelne Zuchtverbandsgebiete
(Merkmal: Eiweiß-kg)

	WEST-1	WEST-2	WEST-3	WEST-4	OST-1	OST-2
σ^2_A	345,4	351,9	303,3	300,1	348,1	322,5
σ^2_E	504,2	547,8	573,4	464,5	809,7	775,5
σ^2_P	849,6	899,7	876,7	764,6	1157,8	1098,0
h^2	0,41	0,39	0,35	0,39	0,30	0,29
s.e. _h ²	0,016	0,009	0,012	0,014	0,017	0,014
σ^2_{P-roh}	1909,7	1927,2	1927,2	1730,6	1962,5	1962,5
$\sigma^2_P/\sigma^2_{P-roh}$ (%)	44,5	46,7	45,5	44,2	59,0	55,9
\bar{x} d. HKJ-SD ²	882,1	954,8	936,4	858,5	1232,0	1156,0

Die aufgeführte Rohvarianz (σ^2_{P-roh}) ist in allen Gebieten recht einheitlich. Eine Ausnahme bildet lediglich WEST-4 mit einer deutlich geringeren Rohvarianz. Auch die additiv-genetische Varianz (σ^2_A), die Restvarianz (σ^2_E) und demzufolge auch die phänotypische Varianz (σ^2_P) liegt in der Region WEST-4 auf niedrigerem Niveau. Die additiv-genetischen Varianzen (σ^2_A) sind zwischen den Regionen nicht deutlich verschieden. Große Unterschiede zwischen den Gebieten zeigen sich in der Restvarianz (σ^2_E). Diese ist in den Verbandsgebieten der Neuen Bundesländer, also OST-1 und OST-2, gegenüber den Verbänden aus den Alten Bundesländern um den Faktor 1,5 bzw. 1,6 erhöht.

Die Güte des verwendeten Modells kann durch den Quotienten der geschätzten phänotypischen Varianz zur Rohvarianz ($\sigma^2_P/\sigma^2_{P-roh}$) ausgedrückt werden. Dieser Quotient liegt derzeit für OST-2 und OST-1 bei 55,9% bzw. 59%, d.h. 41% bzw. 44% der rohen Varianz werden durch das Modell erklärt. In den Regionen der Alten Bundesländer liegt der Quotient im Bereich von 44,2% (WEST-4) bis 46,7% (WEST-2), somit werden ca. 55% der Rohvarianz durch das Modell erklärt. Die Gründe dafür sind in der Heterogenität der Herden in den Neuen Bundesländern zu finden. Die mittlere Varianz für Eiweiß-kg innerhalb Herdenkalbejahr (\bar{x} d. HKJ-SD²) ist im Gebiet von OST-1 und OST-2 um 300 kg² höher als in den Gebieten der Alten Bundesländer. Additiv-genetische Varianzen in der gleichen Größenordnung, aber deutlich erhöhte Restvarianzen in den beiden Verbandsgebieten der Neuen Bundesländer haben zur Folge, dass die Heritabilitäten in eben diesen beiden Verbänden um ca. 25% unter dem Niveau in den Alten Bundesländern liegen.

Stratifiziert man die Daten zur Varianzkomponentenschätzung nach der Varianz innerhalb Herden (*Tabelle 19*), so steigen erwartungsgemäß auch die Varianzkomponenten mit dieser Stratifizierung an. Dies gilt aber für Restvarianzen und additiv-genetische Varianzen für den Verband aus den Alten Bundesländern (WEST-3) und den Verband aus den Neuen Bundesländern (OST-1) in unterschiedlicher Weise. Während für WEST-3 verglichen mit OST-1 die additiv-genetische Komponente moderat ansteigt, sich aber ein starker Anstieg der Restvarianz bemerkbar macht, steigt für OST-1 durch alle Stufen insbesondere die additiv-genetische Komponente. Die additiv-genetische Varianz im Gebiet WEST-3 steigt von der zweiten Stufe ($900 \text{ kg} < \bar{x} \text{ d. HKJ-SD} \leq 1500 \text{ kg}$) zur dritten Stufe ($\bar{x} \text{ d. HKJ-SD} > 1500 \text{ kg}$) um den Faktor 1,9; im Gebiet OST-1 wird der Faktor 2,8 erreicht. Dies hat zur Folge, dass die Heritabilität von der zweiten zur dritten Stufe im Gebiet OST-1 um 15 Prozentpunkte steigt, im Gebiet WEST-3 dagegen nur um 10 Prozentpunkte.

Tabelle 19: Varianzkomponentenschätzung innerhalb Zuchtverbandsgebiet stratifiziert nach HKJ-Standardabweichungsklassen für das Merkmal Eiweiß-kg

	HKJ-Standardabweichungsklassen					
	WEST-3			OST-1		
	≤ 900	$> 900 -$ ≤ 1500	> 1500	≤ 900	$> 900 -$ ≤ 1500	> 1500
σ^2_A	219,7	373,9	697,8	97,3	298,9	828,4
σ^2_E	449,9	619,6	762,0	485,3	800,1	1135,6
σ^2_P	669,6	993,5	1459,8	582,6	1099,0	1964,0
h^2	0,33	0,38	0,48	0,17	0,27	0,42
s.e. _h ²	0,019	0,015	0,050	0,028	0,014	0,041
$\sigma^2_{P\text{-roh}}$	1664,6	1936,0	2450,2	1444,0	1689,2	2926,8
$\sigma^2_P/\sigma^2_{P\text{-roh}}$ (%)	40,2	51,3	59,5	40,3	65,1	67,1

Die Stratifizierung nach der Größe der Herdenkalbejahre für Betriebe aus dem Gebiet WEST-3 und OST-1 zeigen ähnliche Tendenzen für beide Regionen, allerdings unterschiedlich stark ausgeprägt (*Tabelle 20*).

Tabelle 20: Varianzkomponentenschätzung innerhalb Zuchtverbandsgebiet stratifiziert nach der Anzahl Kühe innerhalb Herdenkalbejahr für das Merkmal Eiweiß-kg

	Anzahl Kühe innerhalb HKJ				
	OST-1			WEST-3	
	≤ 30	> 30 - ≤ 100	> 100	≤ 15	> 15
σ^2_A	291,8	263,2	419,7	307,9	328,3
σ^2_E	638,5	811,6	866,7	526,0	619,5
σ^2_P	930,3	1074,8	1286,4	833,9	947,8
h^2	0,31	0,25	0,32	0,37	0,35
s.e. _{h²}	0,037	0,017	0,022	0,014	0,017
$\sigma^2_{P\text{-roh}}$	1780,8	1874,8	1883,8	1909,9	1980,3
$\sigma^2_P/\sigma^2_{P\text{-roh}}$ (%)	52,2	57,3	68,3	43,7	47,9

In den großen Herden von OST-1 (> 100 Färsen / HKJ) ist neben einen Anstieg der Restvarianz eine deutliche Zunahme der additiv-genetischen Varianz zu beobachten, d.h. die additiv-genetische Varianz steigt von der zweiten auf die dritte Stufe um 156,5 kg². Demgegenüber ist die Zunahme der additiv-genetischen Varianz von 307,9 kg² auf 328,3 kg² im Gebiet WEST-3 als äußerst marginal zu bezeichnen. Allerdings sind aufgrund der Struktur des Datenmaterials nicht die gleichen Stratifizierungsgrenzen zu ziehen, wie dies in den Neuen Bundesländern möglich ist.

Da die additiv-genetische Varianz überproportional stärker ansteigt als die Restvarianz, steigt die Heritabilität von den mittleren Herdengrößen zu den absoluten Großbetrieben in OST-1 von 0,25 auf 0,32. Im Gebiet WEST-3 bleibt die Heritabilität unbeeinflusst von der Stratifizierung, da additiv-genetische Varianz und Restvarianz in etwa um den gleichen Faktor (1,07 bzw. 1,18) zunehmen. In diesen großen Herden aus OST-1, mit mehr als 100 Färsen je Herdenkalbejahr, werden nur 31,7% der rohen Varianz durch das Modell der Varianzkomponentenschätzung erklärt. In eben diesen Herden in den Neuen Bundesländern ist auch die mittlere Varianz innerhalb Herdenkalbejahr mit 1206,6 kg² am größten.

Für das Merkmal Fett-kg auf Basis der Laktationsdaten gelten ähnliche Tendenzen (Anhangstabellen A1 – A3).

3.4.2.2 Multivariate Rechenläufe

Zur Schätzung der genetischen Parameter im Merkmal Eiweiß-kg zwischen zwei Regionen zur Bestimmung etwaiger Genotyp-Umwelt-Interaktionen wurden sowohl mit VCE als auch mit MTDFREML acht verschiedene Rechenläufe gestartet (Tabelle 21).

Nachdem dies für das gesamte Datenmaterial zweier Ostverbände, zweier Westverbände bzw. eines Ost- und eines Westverbandes erfolgte, wurde der Verband OST-1 nach der Anzahl Färsen innerhalb HKJ stratifiziert und die genetischen Korrelationen zum Verband WEST-1 berechnet. Mit jeweils 15 bis 60 Färsen je HKJ wurden im sechsten Rechenlauf gleiche Betriebsstrukturen für den Verband aus den Alten und den Verband aus den Neuen Bundesländern geschaffen. Schließlich erfolgte die Korrelationsberechnung innerhalb des Ostverbandes, wobei Eiweiß-kg in kleinen Herden (≤ 50 Färsen je HKJ) als Merkmal A und in größeren Herden (≥ 150 Färsen je HKJ) als Merkmal B definiert wurde. Dieser Rechenlauf wurde wiederholt, allerdings unter Eliminierung der Testbullen-töchter. Durch Eliminierung der Testbullen-töchter sollten die genetischen Verknüpfungen zwischen kleinen und großen Herden in OST-1 analog zu den bivariaten Rechenläufen mit WEST- und OST- Datenmaterial auf den Wiedereinsatzbulln beruhen, um eine bessere Vergleichbarkeit der Ergebnisse zu gewährleisten

Tabelle 21: Datenstruktur für die bivariaten Rechenläufe

Regionen		Anzahl Färsen		gemeinsame Väter	Ø Töchterzahl d. gem. Väter	
A	B	Region A	Region B		Region A	Region B
WEST-1	x WEST-2	43926	132972	570	39	138
OST-2	x OST-1	77550	94335	885	63	75
WEST-1	x OST-1	43926	94335	586	51	91
WEST-1	x OST-1 ^{≥ 100 Färsen}	43926	53094	373	64	79
WEST-1	x OST-1 ^{≥ 150 Färsen}	43926	34521	292	68	65
WEST-1	x OST-1 (je 15 bis 60 Färsen / HKJ)	21186	16407	368	32	28
OST-1 ^{≤ 50 Färsen}	x OST-1 ^{≥ 150 Färsen}	13773	34521	588	21	55
OST-1 ^{≤ 50 Färsen}	x OST-1 ^{≥ 150 Färsen} (ohne Testbullen-töchter)	12357	29602	400	28	71

Die Schätzung der genetischen Korrelationen beruht, bedingt durch die Strukturen in der Milchrinderzucht, hauptsächlich auf der Beziehung zwischen väterlichen Halbgeschwistergruppen. Die Genauigkeit hängt stark von der Anzahl Väter in beiden Regionen und der Anzahl Nachkommen pro Vater ab. Zur genaueren Charakterisierung der Väter wurden für jeden Rechenlauf die gemeinsamen Väter nach Importbullen (Import), Wiedereinsatzbullen mit deutschen Testeinsatz (WE), Testbullen (TB) und Deckbullen (DB) unterteilt und Kennzahlen der Töchter berechnet. In den *Tabellen 22a* und *22b* wird speziell die genetische Verknüpfung zwischen Regionen für das gesamte Datenmaterial WEST-1 und OST-1 sowie innerhalb OST-1 mit kleinen und großen Herden betrachtet. Die genetische Verknüpfung zwischen den Regionen, stratifiziert nach Väterkategorien, ist für die übrigen Rechenläufe in den *Anhangstabellen A4-A8* wiederzufinden.

Zur genetischen Verknüpfung zwischen den Regionen innerhalb Deutschlands tragen im wesentlichen die deutschen Wiedereinsatzbullen bei, gefolgt von den Importbullen. Es gibt insgesamt 249 Wiedereinsatzbullen, die sowohl Töchter im Verband der Alten als auch im Verband der Neuen Bundesländer haben. Dabei stellen die Wiedereinsatzbullen ca. 2/3 aller Töchter der gemeinsamen Bullen im Verband WEST-1, im Verband OST-1 gar 4/5 aller Töchter. Es gibt zwar insgesamt 119 Testbullen mit Töchtern in beiden Gebieten, deren Töchterzahlen sind allerdings als gering zu bezeichnen, insbesondere in der Region OST-1 mit insgesamt nur 243 Töchtern und durchschnittlich 2 Töchtern je Testbulle. Bei den gemeinsamen Testbullen handelt es sich ausschließlich um solche, die ihren Testeinsatz im Verband WEST-1 absolviert haben. Erwartungsgemäß tragen die Deckbullen am geringsten zu den gemeinsamen Vätern bei.

Table 22a: Gemeinsame Väter, stratifiziert nach Bullenkategorien, im Rechenlauf WEST-1 x OST-1 mit Kennzahlen ihrer Töchter

Väter		Anzahl Töchter							
		WEST-1				OST-1			
N		Ø	MIN	MAX	Σ	Ø	MIN	MAX	Σ
alle	586	51	1	1889	30139	91	1	4878	53065
Import	137	32	1	519	4406	78	1	1669	10632
WE	249	81	1	1889	20148	169	1	4878	42033
TB	119	42	1	108	4994	2	1	10	243
DB	81	7	1	38	591	2	1	30	157

Tabelle 22b: Gemeinsame Väter, stratifiziert nach Bullenkategorien, im Rechenlauf OST-1 (≤ 50 Färsen/HKJ) x OST-1 (≥ 150 Färsen/HKJ) mit Kennzahlen ihrer Töchter

Väter	N	Anzahl Töchter							
		OST-1: ≤ 50 Färsen / HKJ				OST-1: ≥ 150 Färsen / HKJ			
		Ø	MIN	MAX	Σ	Ø	MIN	MAX	Σ
alle	588	21	1	617	12239	56	1	1722	32818
Import	140	21	1	304	2905	55	1	681	7652
WE	231	35	1	617	7981	86	1	1722	19959
TB	188	6	1	19	1102	24	1	66	4497
DB	28	4	1	23	113	8	1	49	226

Die genetische Verknüpfung zwischen kleinen und großen Betrieben innerhalb des Zuchtgebietes OST-1 wird ebenfalls stark durch die Wiedereinsatzbullen bestimmt. Allerdings stellt sich nun eine bessere Verknüpfung über die Testbullen dar, da in diesem Fall die Region A und die Region B zu jenem Gebiet gehört, innerhalb dessen der Testeinsatz der gleichen Bullen durchgeführt wird. Die Gesamtzahl der Töchter der gemeinsamen Testbullen beträgt in Region A 1102, in Region B 4497.

Die Schätzung der additiv genetischen Varianzen und der Restvarianzen im Merkmal 305-Tage-Eiweiß-kg für einzelne Zuchtverbandsgebiete in der bivariaten Analyse (Tabelle 23), und daraus resultierend die Heritabilitäten entsprechen den Ergebnissen der zuvor durchgeführten univariaten Analysen. Die additiv-genetischen Varianzen für die hier berücksichtigten vier Zuchtverbände liegen auf etwa gleichem Niveau von $323,6 \text{ kg}^2$ (OST-2) bis $342,4 \text{ kg}^2$ (WEST-2), aber die Restvarianzen liegen in OST-1 ($825,0 \text{ kg}^2$) und OST-2 ($774,6 \text{ kg}^2$) auf deutlich höherem Niveau als in WEST-1 ($520,3 \text{ kg}^2$) und WEST-2 ($555,3 \text{ kg}^2$).

Stratifiziert man die Daten innerhalb Verband OST-1 nach der Größe des HKJ, so ist damit ein Anstieg der Varianzkomponenten verbunden. Da die additiv-genetischen Varianzen stärker ansteigen als die Restvarianzen, erhöht sich die Heritabilität gegenüber der Ausgangssituation von 0,30 auf 0,33; dies gilt sowohl für die Restriktion mit mindestens 100 Färsen je HKJ als auch die mit mindestens 150 Färsen je HKJ. Kleinere Betriebe in den Neuen Bundesländern (OST-1, 15 bis 60 Färsen je HKJ) weisen eine geringere Heritabilität auf ($h^2 = 0,27$). In den noch kleineren Betrieben in Region OST-1 (≤ 50 Färsen / HKJ) ist die additiv-genetische Varianz und auch die Heritabilität am größten. Nur geringfügige

Unterschiede in den geschätzten Varianzkomponenten ergeben sich, wenn aus dem Schätzlauf mit kleinen und großen Herden des Verbandes OST-1 die Testbullen-töchter eliminiert werden.

Tabelle 23: Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzung aus der bivariaten Analyse für das Merkmal 305-Tage-Eiweiß-kg

Regionen		σ_A^2		σ_E^2		h^2	
A	B	Reg. A	Reg. B	Reg. A	Reg. B	Reg. A	Reg. B
WEST-1	x WEST-2	324,8	342,4	520,3	555,3	0,39	0,38
OST-2	x OST-1	323,6	328,6	774,6	825,0	0,29	0,30
WEST-1	x OST-1	338,2	341,9	510,1	814,3	0,40	0,30
WEST-1	x OST-1 ^{≥ 100 Färsen}	345,2	404,4	504,9	825,9	0,41	0,33
WEST-1	x OST-1 ^{≥ 150 Färsen}	344,1	426,3	505,6	851,6	0,41	0,33
WEST-1 (je 15 bis 60 Färsen / HKJ)	x OST-1	327,3	273,3	601,8	752,5	0,35	0,27
OST-1 ^{≤ 50 Färsen}	x OST-1 ^{≥ 150 Färsen}	333,9	441,9	654,0	835,6	0,34	0,34
OST-1 ^{≤ 50 Färsen} (ohne Testbullen-töchter)	x OST-1 ^{≥ 150 Färsen}	324,9	449,0	652,2	829,9	0,33	0,35

In einem Zweimerkmalsmodell mit Eiweiß-kg_{RegionA} als erstes Merkmal und Eiweiß-kg_{RegionB} als zweites Merkmal kann es kein Tier geben, das eine Leistung in beiden Regionen aufweist. Deshalb können Kovarianzen und Korrelationen zwischen Resteffekten (r_E) nicht geschätzt werden. Die genetischen Korrelationen (r_g) zwischen den einzelnen Regionen, der Standardfehler der Schätzung (s.e. r_g) sowie die -2Log Likelihood -Werte mit und ohne Fixierung der Kovarianzen sind in *Tabelle 24* dargestellt.

Die genetischen Korrelationen im Merkmal Eiweiß-kg zwischen den vollständigen Datensätzen innerhalb der Alten Bundesländer (WEST-1 x WEST-2) bzw. der Neuen Bundesländer (OST-1 x OST-2) liegen mit 0,99 bzw. 0,96 im erwarteten hohen Bereich. Nur geringfügig niedriger (0,95) ist die genetische Korrelation für dieses Merkmal zwischen dem Verbandsgebiet WEST-1 und dem Verbandsgebiet OST-1.

Tabelle 24: Schätzwerte für die genetischen Korrelationen zwischen Regionen im Merkmal 305-Tage-Eiweiß-kg

A		B		r_g	s.e. r_g	- 2 Log L	
						Konvergenz	Mit Fixierung
WEST-1	x	WEST-2		0,99	0,007	1292728	1292728
OST-2	x	OST-1		0,96	0,014	1357210	1357216
WEST-1	x	OST-1		0,95	0,011	1066963	1066985
WEST-1	x	OST-1 ^{≥ 100 Färsen}		0,92	0,020	744751	744777
WEST-1	x	OST-1 ^{≥ 150 Färsen}		0,88	0,033	597197	597230
WEST-1	x	OST-1 (je 15 bis 60 Färsen / HKJ)		0,96	0,025	287000	287002
OST-1 ^{≤ 50 Färsen}	x	OST-1 ^{≥ 150 Färsen}		0,98	0,012	383844	383845
OST-1 ^{≤ 50 Färsen}	x	OST-1 ^{≥ 150 Färsen} (ohne Testbullen-töchter)		0,98	0,012		

Es ist eine Tendenz hin zu niedrigeren genetischen Korrelationen festzustellen, wenn das Datenmaterial innerhalb OST-1 nach Herdengrößen stratifiziert und die Beziehung dieser großen Herden aus Region OST-1 (≥ 100 Färsen / HKJ bzw. ≥ 150 Färsen / HKJ) zum gesamten Gebiet WEST-1 betrachtet wird. Die genetischen Korrelationen sinken von 0,95 (gesamte Region) über 0,92 (≥ 100 Färsen / HKJ) bis auf 0,88 (≥ 150 Färsen / HKJ). Werden gleiche Betriebsstrukturen für WEST-1 und OST-1 mit 15 bis 60 Färsen je HKJ kreiert, so steigen die genetischen Korrelationen auf 0,96.

Der Betriebsgrößeneffekt bestätigt sich nicht, wenn genetische Korrelationen zwischen kleinen (≤ 50 Färsen / HKJ) und großen (≥ 150 Färsen je HKJ) Betrieben innerhalb des Gebietes OST-1 berechnet werden; es wird mit 0,98 das gleiche hohe Niveau erreicht wie zwischen OST-1 und OST-2. Die Eliminierung der Testbullen-töchter hat keine Auswirkungen auf die Ergebnisse. Die -2 Log-Likelihood-Werte für die Schätzläufe der vollständigen Datenmaterialien mit und ohne Fixierung der Kovarianzen sind nahezu identisch. Sie differieren aber doch stärker voneinander, wenn im Datenmaterial OST-1 nur die großen Herden berücksichtigt werden.

3.4.2.3 Zuchtwertschätzung

Zuchtwerte für das Merkmal Eiweiß-kg wurden sowohl für Kühe aus den Verbandsgebieten WEST-1 und OST-1 als auch für Bullen, die in einer dieser Regionen ihren Testeinsatz absolviert hatten, geschätzt und analysiert.

Im ersten Schätzlauf wurden gleiche genetische Parameter für alle Tiere unterstellt, d.h. eine additiv-genetische Varianz von 340 kg^2 und eine Restvarianz von 650 kg^2 . Die Zuchtwerte dieses Schätzlaufs dienten als Referenzwerte zum Vergleich mit den Ergebnissen der Zuchtwertschätzung, die auf den zuvor geschätzten korrekten Restvarianzen basierten. Für das Zuchtgebiet WEST-1 wurde eine Restvarianz von $\sigma_E^2 = 500 \text{ kg}^2$ und für das Zuchtgebiet OST-1 eine Restvarianz von $\sigma_E^2 = 800 \text{ kg}^2$ in das BLUP-Gleichungssystem eingesetzt. Im Mehrmerkmalsmodell erhielten die Tiere einen Zuchtwert für Eiweiß-kg in Region WEST-1 und einen Zuchtwert für Eiweiß-kg in Region OST-1.

In *Tabelle 25* ist dargestellt, welche Rangverschiebungen sich für Bullen der Geburtsjahrgänge 1992 bis 1995 mit einem Testeinsatz in Region OST-1 oder Region WEST-1 in Toplisten ergeben, wenn die für das jeweilige Gebiet geltenden korrekten Restvarianzen berücksichtigt werden. Hierbei wird der Zuchtwert mit einheitlichen Varianzkomponenten als ZW1 und mit verschiedenen Restvarianzen als ZW2 definiert. Die Ergebnisse der Rangverschiebungen in fünf Toplisten für Kühe aus diesen Regionen zeigt *Tabelle 26*.

Tabelle 25: Analyse der Toplisten nach ZW-Eiweiß-kg für 237 Bullen der Zuchtverbände OST-1 und WEST-1; (Erläuterungen im Text)

	Bullen in beiden Toplisten	Rangverschiebungen		
		größte	(ZW ₁) von Platz...	(ZW ₂) nach Platz...
Top-10	9	1	10	11
Top-20	19	4	23	19
Top-30	29	3	31	28
Top-40	38	7	37	44
Top-50	47	12	57	45

Table 26: Analyse der Toplisten nach ZW-Eiweiß-kg für 138261 Färsen der Zuchtverbände OST-1 und WEST-1; (Erläuterungen im Text)

	Kühe in beiden Toplisten	Rangverschiebungen		
		größte	(ZW ₁) von Platz...	(ZW ₂) nach Platz...
Top-10	6	42	73	31
Top-20	14	55	78	13
Top-50	28	119	157	38
Top-100	76	257	310	73
Top-500	400	1016	1487	471

Werden mit den für den jeweiligen Verband tatsächlich vorliegenden Restvarianzen Zuchtwerte geschätzt, so sind die Auswirkungen auf die Rangverschiebungen in den Toplisten von Bullen gering, während bei den Kühen stärkere Anfälligkeiten auf Änderungen im Modell der Zuchtwertschätzung festzustellen sind. 94% aller Bullen sind in beiden Top-50-Listen vertreten, während es bei den Kühen nur 56% sind. Insbesondere einzelne Kühe können stark betroffen sein, die größte Rangverschiebung einer Kuh in diesen distinkten Toplisten beträgt von der einen zur anderen Variante 1016 Rangplätze. Bei den Bullen sind die maximalen Rangverschiebungen als unerheblich zu bezeichnen.

Diese Toplistenanalyse für Bullen aus Region WEST-1 und Region OST-1 wurde auch anhand der geschätzten Zuchtwerte mit dem Mehrmerkmalsmodell durchgeführt (Table 27). Jeder Bulle erhält einen geschätzten Zuchtwert auf der Basis von Region West-1 (ZW_{WEST-1}) und einen Zuchtwert auf der Basis von Region OST-1 (ZW_{OST-1}), auch wenn er in einer dieser Regionen keine Töchter hat.

Die Anzahl der Bullen in beiden Toplisten variiert von 85% (Top-20) bis zu 90 % (Top-10 und Top-40). Dennoch gibt es vereinzelt Bullen, die nach ihrem ZW_{OST-1} deutlich schlechter rangiert sind als nach ihrem ZW_{WEST-1} . Ein Bulle, der sich in der Top-30-Liste für WEST-1 auf Platz 25 befindet, ist nach seinem Zuchtwert in Region OST-1 nur auf Platz 41 rangiert. Die maximale Differenz eines Top-40- und eines Top-50-Bullen aus WEST-1 zu seiner OST-1-Rangierung beträgt 32 Plätze

Table 27: Analyse der Toplisten nach ZW-Eiweiß-kg für 237 Bullen der Zuchtverbände OST-1 und WEST-1 für die Basen beider Regionen; (Mehrmerkmalsmodell)

	Bullen in beiden Toplisten	Rangverschiebungen		
		größte	(ZW_{WEST-1}) von Platz...	(ZW_{OST-1}) nach Platz...
Top-10	9	1	10	11
Top-20	17	7	20	27
Top-30	27	16	25	41
Top-40	36	32	36	68
Top-50	44	32	36	68

3.4.3 Diskussion

Die Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzung mit einem Laktationsmodell zeigen deutlich erhöhte Restvarianzen in den Zuchtverbandsgebieten der Neuen Bundesländer. Bei gleichen additiv-genetischen Varianzen führt dies zu Heritabilitäten in diesen beiden Regionen, die gegenüber den Gebieten aus den Alten Bundesländern um ca. 25% reduziert sind.

Aufgrund dieser Ergebnisse wurde die Notwendigkeit für anschließende Analysen erkannt und Schritte zur Varianzkomponentenschätzung für das Merkmal Eiweiß-kg auf der Basis eines Testtagsmodells eingeleitet. Das Datenmaterial umfasste auch hier sämtliche Kühe der Rasse Holstein, die im Zeitraum vom 1.1.1997 bis zum 31.12.1999 in den ersten drei Laktationen eine Kalbung hatten. Die Erweiterung des Datenmaterials bestand lediglich darin, dass nicht nur die Herdbuchkühe, sondern sämtliche Kühe aus allen 14 deutschen Verbandsgebieten, die der Milchleistungsprüfung (MLP) angeschlossen sind, berücksichtigt wurden. Eine Gegenüberstellung der Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzung mit dem Testtagsmodell (SWALVE et al., 2001) mit denen des Laktationsmodells zeigt für die sechs Verbandsgebiete vergleichbare Ergebnisse. Diese Vergleichbarkeit der Ergebnisse ist darin begründet, dass auch die Varianzkomponentenschätzung mit einem Testtagsmodell zu additiv-genetischen Varianzen auf gleichem Niveau, aber deutlich erhöhten Restvarianzen in den beiden Gebieten der Neuen Bundesländer führt. Die mit dem Testtagsmodell ermittelten

Heritabilitäten betragen für die Regionen OST-1 und OST-2 0,14 bzw. 0,16, während sie für die vier Regionen aus den Alten Bundesländern in der Größenordnung von 0,18 bis 0,19 liegen. Zuchtwertschätzung des VIT erfolgt aber mit einem einheitlichen Satz genetischer Parameter (VIT, 2001). Die beim VIT verwendete Heritabilität für Eiweiß-kg von $h^2 = 0,248$ liegt deutlich über den mit dem Testtagsmodell ermittelten Werten für die einzelnen Verbandsgebiete.

DIETL (2001, unveröffentlicht, *Abbildung 13*) berechnet mit einem vereinfachten Modell mit Indexkalkulationen zur Zuchtwertschätzung und ohne Berücksichtigung der Verwandtschaftsmatrix von Bullen die Wahrscheinlichkeit für Verbände, unter bestimmten Parameterkonstellationen eigene Bullen in Toplisten zu placieren. Er zeigt, dass Verbände bzgl. der ZWS ihrer Bullen Vorteile haben, wenn die in diesen Verbänden tatsächlich vorliegende Heritabilität größer als die in der offiziellen Zuchtwertschätzung verwendete ist.

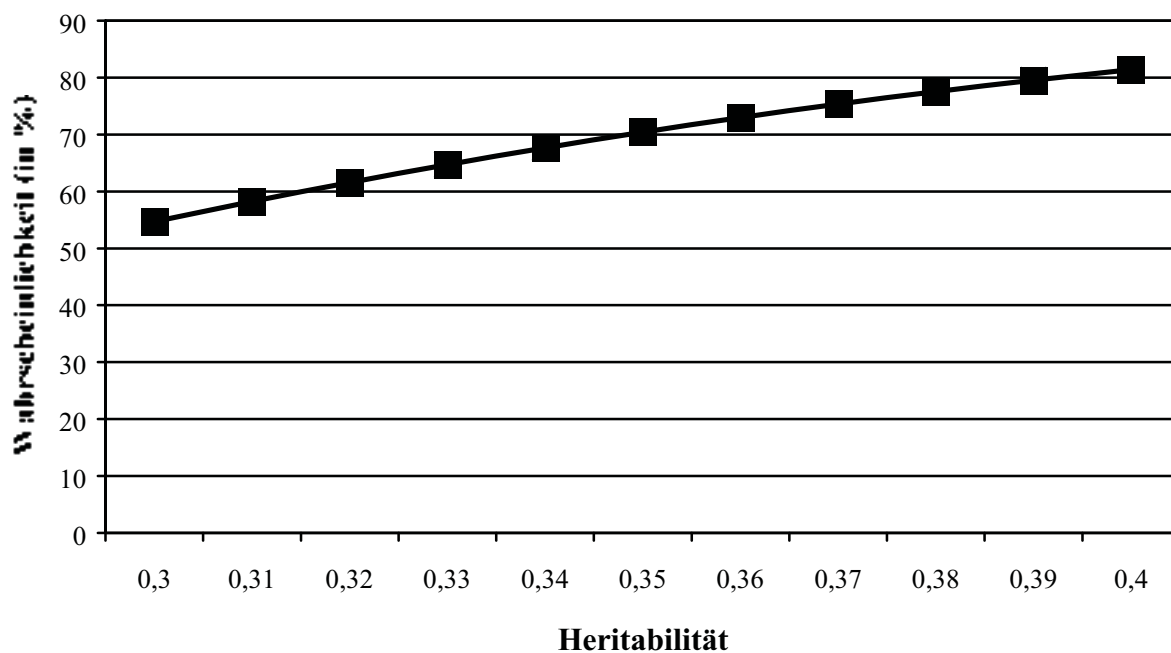


Abbildung 13: Wahrscheinlichkeit (%) für einen Verband A mindestens 3 Bullen in eine Topliste der Größe 20 zu bekommen bei unterschiedlicher wahrer Heritabilität im Verbandsgebiet A (n. DIETL, 2001, unveröffentlicht)

Annahmen: (Gesamttestkapazität = 700 Bullen; Verband A testet 100 Bullen, h^2 in Verband A variiert von 0,30 bis 0,40; in der ZWS wird $h^2 = 0,30$ verwendet)

VAN VLECK (1987) betrachtet die Milchleistung in zwei Regionen als zwei Merkmale, die mit $r = 1$ korreliert sind. Die Heritabilität in Region 1 beträgt 0,18; in Region 2 0,30. Er zeigt,

dass der genetische Fortschritt in der Gesamtpopulation maximiert wird, wenn alle Töchter eines Bullen ihre Leistung in der Region mit der größten Heritabilität erbringen, ungeachtet der Restvarianzen.

Gemäß theoretischer Arbeiten sollte bei Vorliegen von Heterogenität im Datenmaterial zur Zuchtwertschätzung idealerweise diese dadurch berücksichtigt werden, dass für die distinkten Subgruppen unterschiedliche Varianzkomponenten direkt in die BLUP-ZWS eingesetzt werden. Im Programmpaket PEST zur Zuchtwertschätzung ist es relativ einfach, mittels Option die für die einzelnen Verbandsgebiete geltenden korrekten Restvarianzen in das BLUP-Gleichungssystem einzusetzen. Allerdings zeigen die durchgeführten Zuchtwertschätzungen mit einheitlicher Varianzstruktur bzw. mit den korrekten Restvarianzen keine größeren Änderungen bei der Betrachtung von Toplisten für Bullen. Begründet in der Theorie des Selektionsindex sind größere Verschiebungen in Toplisten zu erwarten, wenn in derartigen Analysen nur Bullen mit wenigen Töchtern berücksichtigt werden. Wenn man σ^2_E als heterogen erachtet, und dieser Parameter differenziert nach Regionen in die Zuchtwertschätzung integriert wird, ist zu erwarten, dass hinsichtlich des Testens von Bullen für eine Region mit hoher Reststreuung Nachteile in der Genauigkeit der Zuchtwertschätzung bei gleicher Töchterzahl, verglichen mit einer anderen Region, bestehen.

BOLDMAN und FREEMAN (1990) führen ebenfalls Zuchtwertschätzungen mit und ohne Berücksichtigung heterogener Varianzen durch. Bei beiden Varianten der Zuchtwertschätzung werden die jeweils besten 5% von 460 Bullen selektiert. 23 Bullen sind in beiden Toplisten enthalten, die durchschnittliche Rangveränderung beträgt 1,4 Plätze, die maximale 7. BOLDMAN und FREEMAN (1990) leiten daraus ab, dass die Zuchtwertschätzung von Bullen nur wenig beeinträchtigt wird, wenn eine heterogene Varianzstruktur außer acht gelassen wird.

Um der Problematik der heterogenen Varianzstruktur zu begegnen, sollten die Zuchtorganisationen einen möglichst breit gestreuten Testeinsatz ihrer Jungbullen durchführen, damit von jedem Testbullen Leistungsinformationen von Töchtern aus mehreren Zuchtverbandsgebieten für die nationale Zuchtwertschätzung vorliegen. Zusätzlich zur eigenen Intention der TopQ-Kooperation, Sperma ihrer Jungbullen großflächig über alle Mitgliedsverbände zu verteilen, muss ein Spermaaustausch der Jungbullen mit anderen Zuchtorganisationen innerhalb Deutschlands praktiziert werden. Derartige Überlegungen werden aktuell seitens des Deutschen Holsteinverbandes (DHV) diskutiert. Hierbei gibt es

einen konkreten Ansatz für einen bilateralen Spermaaustausch der Jungbullen. Dies hätte u.a. in der Praxis die Konsequenz, dass die ZBH für 5% ihrer Jungbullen den Testeinsatz im Zuchtgebiet der RPN absolvieren lässt und umgekehrt. Als ein weiterer positiver Effekt könnte eine bessere genetische Verknüpfung zwischen den einzelnen Verbandsgebieten erreicht werden.

Dass die Zuchtwertschätzung von Kühen empfindlicher auf heterogene Varianzen reagiert als die der Bullen, wird analog zur vorliegenden Untersuchung durch die Arbeit von BOLDMAN und FREEMAN (1990) bestätigt. In einer Top-900-Liste nach beiden Zuchtwertschätzverfahren sind 872 Kühe vertreten, die maximale Rangveränderung beträgt 235 Plätze. Auch in der Simulationsstudie von GARRICK und VAN VLECK (1987) sind die Effekte nicht berücksichtigter heterogener Varianzen auf die Zuchtwertschätzung von Bullen gering, während die Zuchtwertschätzung von Kühen empfindlich reagiert und gravierende Veränderungen in der Rangierung der Kühe auftreten.

Es wäre durchaus denkbar, in der deutschen Zuchtwertschätzung nicht nur die korrekten Restvarianzen zu berücksichtigen, sondern eine getrennte Zuchtwertschätzung für die Alten Bundesländer und die Neuen Bundesländer durchzuführen. Dies liegt darin begründet, dass die Heterogenität der Varianzen im wesentlichen an der Einteilung Alte Bundesländer -Neue Bundesländer festzumachen ist, aber innerhalb derselben durchaus Homogenität besteht. Diese Maßnahme könnte jedoch weitreichende, international negative Folgen für die Vermarktungsfähigkeit deutscher Bullen haben. Aufgrund der ermittelten genetischen Korrelation zwischen den Verbänden WEST-1 und OST-1 von $r_g = 0,95$ ist es aber unnötig, Leistungsausprägungen in beiden Regionen als verschiedene Merkmale zu interpretieren und eine getrennte Zuchtwertschätzung durchzuführen. Nach ROBERTSON (1959) besteht keine Notwendigkeit dafür, solange die genetischen Korrelationen über 0,80 liegen. Allerdings werden in der internationalen Zuchtwertschätzung Leistungsausprägungen in verschiedenen Ländern als verschiedene Merkmale interpretiert, obwohl die genetischen Korrelationen für Produktionsmerkmale auf ähnlich hohem Niveau liegen (<http://www.interbull.org>). Eine Ausnahme bilden lediglich Australien und Neuseeland mit ihrem vom europäisch-nordamerikanischen abweichenden Produktionssystem. CHARAGU und PETERSON (1998) ermitteln signifikante Rangverschiebungen, wenn für kanadische Bullen Zuchtwerte aufgrund kanadischer Töchterleistungen oder basierend auf Leistungsinformationen aus Neuseeland geschätzt werden.

Genetische Korrelationen unter 0,80 als Indiz einer etwaigen Genotyp-Umwelt-Interaktion ermitteln COSTA et al. (1998), CIENFUEGAS-RIVAS et al. (1999) sowie COSTA et al. (2000), wenn sie in ihren Rechenläufen das Merkmal Milch-kg des gesamten USA-Datenmaterials als Merkmal A und in brasilianischen bzw. mexikanischen Herden mit geringerer Standardabweichung innerhalb Herdenkalbejahr als Merkmal B definieren. In der vorliegenden Untersuchung nähert sich die genetische Korrelation dem Wert von 0,80 an, wenn eine Stratifizierung innerhalb des Ostverbandes nach Herdengrößen erfolgt. Die Problematik wäre somit nicht durch ein Mehrmerkmalsmodell mit der differenzierten Betrachtung der Leistungsausprägung in Alten und Neuen Bundesländern zu lösen.

Die Güte des in der eigenen Untersuchung verwendeten Modells der Varianzkomponentenschätzung bzw. der Zuchtwertschätzung differiert stark zwischen den Regionen aus den Alten und den Regionen aus den Neuen Bundesländern. In den Regionen der Neuen Bundesländer werden nur ca. 42% der phänotypischen Varianz durch das Modell erklärt, in den Alten Bundesländern dagegen 55%. Hieraus muss die Schlussfolgerung gezogen werden, dass aufgrund der derzeitigen Datengrundlage in den Neuen Bundesländern ein Modell zur Varianzkomponentenschätzung nicht annähernd so effektiv ist wie in den Alten Bundesländern. Die Gründe dafür sind in der hohen Heterogenität der Herden in den Neuen Bundesländern zu finden (siehe mittlere Standardabweichung innerhalb HKJ). In den großen Milchviehherden in den Neuen Bundesländern sind eben oftmals Kühe in der Leistungsspanne von 3000 kg bis 14000 kg Milch anzutreffen, die erfolgreich in unterschiedlichen Managementgruppen gehalten werden (KOESLING, 2001). Eine Lösung wäre, die Zugehörigkeit einer Kuh an einem Kontrolltag zu einer Managementgruppe auch an den Landeskontrollverband und bis an das Rechenzentrum weiterzuleiten. Hier könnte diese Zugehörigkeit zur genaueren Codierung der Herdentesttagsgruppe verwendet werden. Es ist zu vermuten, dass bei einem derartigen Datenmaterial das Phänomen der überhöhten Restvarianzen in den Neuen Bundesländern nicht mehr auftreten würde. Durch Weitermeldung des dreimaligen Melkens an das VIT (DOPP und REINHARDT, 2000) wird nur für einen Teil der Herden die Zugehörigkeit der Kuh zu ihrer Managementgruppe erfasst. PTAK und SCHAEFFER (1993) schlagen zur besseren Erfassung der Umwelt die Berücksichtigung von Managementgruppen innerhalb eines Herdentesttags vor. Dies führt zwar zu insgesamt kleineren Subzellenbesetzungen in der Zuchtwertschätzung, was aber nicht als Nachteil für die ZWS aufgefasst werden muss. REINHARDT (1995) beispielsweise zeigt mit einer Analyse

der Residuen, dass ein direkter Vergleich innerhalb Herde * Kalbejahr * Kalbesaison dem innerhalb Region * Herdenklasse * Kalbejahr * Kalbesaison vorzuziehen ist.

Dass diese Einteilung nach Managementgruppen insbesondere in den Großbetrieben der Neuen Bundesländer praktiziert wird, zeigen die Ergebnisse der Stratifizierung des Datenmaterials nach der Anzahl Färsen je Herdenkalbejahr innerhalb Verbandsgebiet. In den größten Herden aus Verband OST-1 (> 100 Färsen / HKJ) können nur 31,7% der rohen Varianz durch das Modell erklärt werden. Während im Gebiet von Verband WEST-3 die Heritabilität von der Herdengröße weitestgehend unbeeinflusst bleibt, ist in den Großbetrieben von OST-1 die Heritabilität größer als in den für dortige Verhältnisse kleinen oder mittleren Betriebsstrukturen. SWALVE et al. (2001) ermitteln mit Testtagsdaten sowohl für den Verband OST-1 als auch WEST-3 steigende Heritabilitäten mit steigender Herdengröße. In Anbetracht der Untersuchungen von DIETL (2001, unveröffentlicht) sollten die Zuchtorganisationen die Struktur ihres Testeinsatzes überdenken und eventuell das Testen von Jungbullen ausschließlich in größeren Betriebseinheiten in Erwägung ziehen. Unabhängig von den Varianzverhältnissen in der jeweiligen Regionen würde eine größere Anzahl Vergleichstiere zu einer höheren Genauigkeit der geschätzten Zuchtwerte führen.

Stratifiziert man das vorliegende Datenmaterial nach der Streuung innerhalb Herdenkalbejahr, so steigen mit dieser Stratifizierung die additiv-genetischen Varianzen stärker an als die Restvarianzen. Daraus resultieren die höchsten Heritabilitäten in der höchsten HKJ-Standardabweichungsklasse. Dennoch gibt es regionsspezifische Unterschiede. Dieser starke Anstieg σ^2_A von der zweiten zur dritten HKJ-Standardabweichungsklasse ist besonders im Gebiet OST-1 ausgeprägt. Die Ursache ist darin begründet, dass innerhalb der modernen ostdeutschen Großbetriebe das Management eng mit der Genetik korreliert ist. In den Großbetrieben der Neuen Bundesländer ist es wesentlich einfacher, mehrere Fütterungsgruppen zu bilden (ILLGNER, 1999) und Kühe entsprechend ihres genetischen Potenzials zu versorgen. Daraus ergibt sich eine Genotyp-Umwelt-Korrelation.

Mit dieser Stratifizierung nach der HKJ-SD ist insbesondere für das Teildatenmaterial aus OST-1 ab einer HKJ-SD von 1500 Milch-kg eine deutliche Zunahme der Rohmittelwerte verbunden (vgl. *Tabelle 17*). MEINERT et al. (1985) folgern aus der Tatsache, dass bei zunehmender Durchschnittsleistung sowohl die additiv-genetische als auch die Restvarianz ansteigt, dass in Herden mit einer höheren Leistung größere genetische Unterschiede

vorliegen als in Herden mit niedriger Leistung. SWALVE und DÖPKE (1994) ermitteln eine positive Korrelation von 0,38 zwischen dem Herdenmittel und der Streuung innerhalb Herdenkalbejahr. Dass im höheren Herdenniveau die Heritabilität am höchsten ist, kann der Literaturzusammenstellung aus der Arbeit von DODENHOFF (1994) entnommen werden. Bessere Durchschnittsleistungen sind ein wesentliches Resultat verbesserter Umweltgestaltungen, die zu einer besseren Ausschöpfung des genetischen Potentials führen (VINSON, 1987).

COSTA et al. (2000) klassifizieren ihr Datenmaterial für bivariate Analysen im Merkmal Milch-kg (305-Tage-Leistung) zwischen Herden aus den USA und aus Brasilien ebenfalls nach der Standardabweichung innerhalb Herdenkalbejahr. In den USA ist in der Herdenklasse mit der höheren Streuung auch die Heritabilität am höchsten. In den brasilianischen Herden steigt aber von der niedrigen zur hohen Herdenkalbejahr-Standardabweichungsklasse die Restvarianz wesentlich stärker an als die additiv-gentische Varianz. Somit ist hier die Heritabilität in der Klasse der homogenen Herden deutlich höher als in der Klasse der heterogenen Herden. CASTILLO et al. (2000) bestätigen die höheren Heritabilitäten in den heterogenen Herden der USA.

3.4.4 Schlussfolgerungen für die Zuchtwertschätzung und das Zuchtprogramm

Die Ergebnisse und Diskussionspunkte zur Varianzkomponentenschätzung lassen sich in zwei wesentlichen Empfehlungen zusammenfassen:

- 1.) Für die Optimierung der Zuchtwertschätzung ist es notwendig, die Zugehörigkeit einer Kuh am Kontrolltag zur Managementgruppe zu ermitteln und bis an das VIT weiterzuleiten.
- 2.) In modernen Milchviehbetrieben mit entsprechend großen Tierzahlen sind die Heritabilitäten innerhalb der Regionen am höchsten; das gilt sowohl für die Alten als auch die Neuen Bundesländer. Durch die Optimierung der Umwelt treten genetische Unterschiede zwischen den Tieren deutlich hervor. Deshalb sollte der Testeinsatz von Besamungsbullen auf diese modernen Betriebseinheiten konzentriert und spezielle Testherden eingerichtet werden. Da in Zukunft die kleinen Milchviehbetriebe wirtschaftlich nicht mehr konkurrenzfähig sind, werden auch in den Alten Bundesländern größere Betriebseinheiten an Bedeutung gewinnen. GÖBBEL (1999) geht aufgrund der wirtschaftlichen Rahmenbedingungen davon aus, dass von den derzeit in den Alten

Bundesländern vorhandenen Milchviehbetrieben in 10 Jahren nur noch 30 bis 50% übrig bleiben. Der Milchviehbetrieb der Zukunft besteht aus mindestens 200 ‚standardisierten Hochleistungskühen‘, die keinerlei Fehler in Kuhkomfort und Fütterung dulden. Ein Testeinsatz der Jungbullen in bestens gemanagten Großbetrieben würde dann auch der Intention von LUSH (1945), nämlich Tiere unter den Umweltbedingungen zu selektieren, unter denen ihre Nachkommen in der Praxis Leistung erbringen müssen, entsprechen.

Soll der Testeinsatz aber in seiner ursprünglichen Form bestehen bleiben, so sind seitens der Organisationen weitere Intensivierungen der Einzelbetriebsberatung zu unternehmen, um Fütterung, Haltung und Melktechnik nach neuesten wissenschaftlichen Erkenntnissen zu praktizieren.

3.5 Selektion von Bullenmüttern

3.5.1 Extreme Intraherdenvarianzen und deren Beziehung zur Selektion von Bullenmüttern

3.5.1.1 Material und Methode

Für diese Auswertungen fand das gleiche Datenmaterial Verwendung, das zur Varianzkomponenten- bzw. Zuchtwertschätzung genutzt wurde (Kapitel 3.4.1). Ein integraler Bestandteil dieser Analysen zur Selektion von Bullenmüttern waren die im Datenmaterial enthaltenen Zuchtwerte der Kühe der Zuchtwertschätzung von August 2000. Die Datenauswertung erfolgte mit dem Programmpaket *SAS Version 6.12* für UNIX.

Auch für diese Analysen wurden nur Erstlaktationsleistungen von Kühen berücksichtigt, da für die erste Laktation das Datenmaterial am umfangreichsten ist und für die Selektion von Bullenmüttern im zunehmenden Maße junge Tiere im Mittelpunkt des Interesses der Anpaarungskommissionen stehen. Die Eliminierung betraf wiederum jene Kühe, die ihre Leistung in weniger als 250 Melktagen erbracht haben. Auf eine Hochrechnung unvollständiger Laktationen wurde verzichtet. Schwarzbunt- und Rotbuntbetriebe wurden

gleichermaßen in die Analyse einbezogen. Eine Analyse der Heterogenität der Leistungen in einer Herde kann bei einem Datenmaterial, das sich über mehrere Jahre erstreckt, nur innerhalb Kalbejahr erfolgen. Als Kalbejahr wurde der Zeitraum vom 1. Januar bis zum 31. Dezember des jeweiligen Jahres gewählt, und somit standen drei Kalbejahre (1997, 1998, 1999) je Betrieb für die Analysen zur Verfügung. Die Untersuchung etwaiger Heterogenität einer Herde bezog sich ausschließlich auf die so definierten Herdenkalbejahre (HKJ).

Um die Streuung der Leistungen innerhalb HKJ korrekt analysieren zu können, muss auf sehr kleine Herden mit nur wenigen Abschlüssen verzichtet werden. Ein Problem hierbei war die Existenz vieler kleiner Herden in den Verbänden der Alten Bundesländer. Als Kompromiss wurde eine Untergrenze von 6 Abschlüssen je HKJ festgelegt. Bei einer durchschnittlichen Remontierungsrate von 30% entspricht dies einer Betriebsgröße von ca. 20 Kühen. In *Tabelle 28* ist die Verteilung der HKJ auf HKJ-Größenklassen für die einzelnen Verbände dargestellt.

Tabelle 28: Absolute (N) und prozentuale (%) Verteilung der Herdenkalbejahre (HKJ) auf HKJ-Größenklassen stratifiziert nach Zuchtverbänden

		Anzahl Färsen je Herdenkalbejahr							
		<6	6 –10	11-15	16-20	21-25	26-30	31-35	>35
WEST-1	N	2210	1965	1183	631	229	101	47	41
(n=6407)	%	34,5	30,7	18,4	9,9	3,6	1,5	0,8	0,6
WEST-2	N	6169	5432	3568	1958	931	434	165	191
(n=18848)	%	32,7	28,9	18,9	10,4	4,9	2,3	0,9	1,0
WEST-3	N	3608	3509	2027	1032	437	172	68	69
(n=10922)	%	33,0	32,2	18,1	9,5	4,0	1,5	0,6	0,7
WEST-4	N	1990	2796	1706	803	312	106	53	52
(n=7818)	%	25,5	35,7	21,8	10,3	4,0	1,4	0,7	0,6
OST-1	N	159	109	89	70	58	60	47	841
(n=1433)	%	11,1	7,6	6,2	4,9	4,0	4,2	3,3	58,7
OST-2	N	121	125	151	166	145	140	120	783
(n=1751)	%	6,9	7,1	8,7	9,5	8,2	8,0	6,9	44,7

Die vorgenommene Restriktion von 6 Abschlüssen je HKJ hat für die beiden Verbände aus den Neuen Bundesländern nur geringe Auswirkungen, da das Datenmaterial in Region OST-1 nur um 401 Färsenleistungen und in Region OST-2 um 282 Färsenleistungen reduziert wird (*Tabelle 29*). In den Verbänden der Alten Bundesländer gehen dem Datenmaterial durch diese Maßnahme ca. 20% aller Betriebe verloren, aber nur ca. 10% der Färsenleistungen. Die Anzahl der HKJ entspricht in etwa der Anzahl Betriebe multipliziert mit dem Faktor 3. Die tatsächliche Anzahl der HKJ liegt geringfügig unter dieser theoretischen Größe, da nicht alle Betriebe vollständig in allen drei Herdenkalbejahren vertreten sind. Als Gründe hierfür sind die zwischenzeitliche Betriebsaufgabe, der Austritt aus dem Zuchtverband oder erst spätere Mitgliedschaft im Zuchtverband zu nennen.

Tabelle 29: Anzahl Laktationsleistungen, Betriebe und Herdenkalbejahre stratifiziert nach Zuchtverbänden mit und ohne der Restriktion ≥ 6 Abschlüssen / HKJ

	WEST- 1	WEST- 2	WEST- 3	WEST- 4	OST- 1	OST- 2
Laktationsleistungen insgesamt	60019	189106	103697	78428	99402	80434
Betriebe insgesamt	2267	6930	3845	2710	522	618
Herdenkalbejahre insgesamt	6407	18848	10922	7818	1433	1751
Laktationen in Herden mit ≥ 6 Ab./HKJ	52992	170220	92068	71842	99001	80152
Betriebe mit ≥ 6 Ab./HKJ	1755	5261	3058	2358	466	579
Herdenkalbejahre ≥ 6 Ab./HKJ	4197	12679	7314	5828	1274	1630

Für das aufbereitete Datenmaterial wurden die Rohmittelwerte, Standardabweichungen und Variationskoeffizienten für die Produktionsmerkmale innerhalb der einzelnen Verbände berechnet (*Tabelle 30*). Zur Beurteilung der Streuung der jeweiligen Merkmale hat der Variationskoeffizient den Vorteil, dass er im Gegensatz zur Standardabweichung vom Skaleneffekt der Leistungssteigerung unbeeinflusst bleibt. Die Rohmittelwerte, Standardabweichungen und Variationskoeffizienten der Produktionsmerkmale sind für alle 6 Verbände recht einheitlich.

Table 30:

Statistische Parameter der Erstlaktationsleistungen

	N	Milch-kg			Eiweiß-kg			Fett-kg		
		\bar{x}	s	VK	\bar{x}	s	VK	\bar{x}	s	VK
WEST-1	52992	6516	1320	20,3	215,4	43,8	20,3	269,4	54,1	20,1
WEST-2	170220	6759	1341	19,8	223,5	44,3	19,8	278,1	54,3	19,5
WEST-3	92068	6882	1314	19,1	230,9	44,3	19,2	291,7	54,4	18,6
WEST-4	71842	6691	1261	18,8	222,7	42,1	18,9	285,2	53,4	18,7
OST-1	99001	6287	1372	21,8	215,8	44,2	20,4	267,1	53,3	20,0
OST-2	80152	6551	1345	20,5	225,6	44,3	19,6	274,0	54,1	19,7

Wichtiger für die zu untersuchende Fragestellung ist aber die Größenordnung dieser statistischen Kennzahlen innerhalb der HKJ. Hierzu wurden Mittelwerte, Standardabweichungen, Variationskoeffizienten, maximale und minimale Leistungen sowie die Differenzen der höchsten zur niedrigsten Leistung (Range) innerhalb der HKJ berechnet und schließlich über alle HKJ innerhalb eines Verbandes hinweg Mittelwert und Standardabweichung gebildet. Auf diese Weise ist es möglich, auch ein Mittel der HKJ-Standardabweichung oder die Streuung der Standardabweichung zu berechnen. Die HKJ-Standardabweichungen wurden in sieben Klassen zusammengefasst und für jeden Verband der Anteil Kühe und der Anteil potenzieller Bullenmütter in diesen distinkten Klassen ermittelt. In Einzelbetriebsanalysen sollten jene Betriebe identifiziert werden, die durch eine hohe Intraherdenvarianz in mehreren Jahren auffallen und eine Reihe potenzieller Bullenmütter stellen. Schließlich wurde versucht, Lösungsansätze für die praktische Bullenmütterselektion zu erarbeiten.

Mit der Verteilung der Einzelleistungen auf Leistungsklassen (*Table 31*) und des Erstkalbealters der Färsen auf Erstkalbealterklassen (*Table 32*) soll die Charakterisierung des Datenmaterials vervollständigt werden. Während die Leistungsklassen beim Vertikalvergleich über die Verbände recht gleichmäßig besetzt sind, gibt es bzgl. der Frequenzen in den Erstkalbealterklassen verbandsspezifische Unterschiede. Mit ca. 30% ist die Leistungsklasse von 6000 kg bis 7000 kg Milch in allen Verbänden am stärksten besetzt. Über 70% aller Einzelbeobachtungen sind im Bereich von 5000 kg bis 8000 kg Milch angesiedelt.

Tabelle 31: Verteilung der Färsenleistungen auf Leistungsklassen

		Leistungsklassen (Milchmenge)									
		≤ 3000	3001 -4000	4001 -5000	5001 -6000	6001 -7000	7001 -8000	8001 -9000	9001 -10000	10000 -11000	> 11000
WEST-1	N	61	920	5274	12956	16036	10841	4803	1607	407	51
	%	0,1	1,7	10,0	24,4	30,3	20,5	9,1	3,0	0,8	0,1
WEST-2	N	146	1888	12653	35727	50442	39713	20259	7209	1739	444
	%	0,1	1,1	7,4	21,0	29,6	23,3	11,9	4,2	1,0	0,3
WEST-3	N	74	795	5305	17401	27425	23258	12383	4147	1056	224
	%	0,1	0,9	5,8	18,9	29,8	25,3	13,4	4,5	1,1	0,2
WEST-4	N	53	752	5155	15657	22431	17087	7813	2318	503	73
	%	0,1	1,0	7,2	21,8	31,2	23,8	10,9	3,2	0,7	0,1
OST-1	N	339	3036	13271	26805	28162	16878	7072	2352	796	290
	%	0,3	3,1	13,4	27,1	28,4	17,0	7,1	2,4	0,8	0,3
OST-2	N	165	1519	7870	18726	23555	16991	8017	2542	638	129
	%	0,2	1,9	9,8	23,4	29,4	21,2	10,0	3,2	0,8	0,2

Tabelle 32: Verteilung der Färsen auf Erstkalbealterklassen

		Erstkalbealterklasse					
		≤ 20	21 – 25	26 –30	31 –35	36 –40	> 40
WEST-1	N	50	3669	24128	18856	5740	540
	%	0,1	6,9	45,4	35,6	10,9	1,0
WEST-2	N	85	7463	29715	26875	6919	812
	%	0,1	10,4	41,3	37,4	9,7	1,1
WEST-3	N	144	14970	91176	50652	12348	929
	%	0,1	8,8	53,5	29,8	7,3	0,5
WEST-4	N	81	8282	45558	30122	7436	589
	%	0,1	9,0	49,5	32,7	8,1	0,6
OST-1	N	66	7629	63715	22972	4272	347
	%	0,1	7,7	64,3	23,2	4,3	0,4
OST-2	N	74	6473	48858	20630	3787	303
	%	0,1	8,1	60,9	25,8	4,7	0,4

Interessant ist die Feststellung, dass in den Verbänden der Neuen Bundesländer ein niedrigeres Erstkalbealter angestrebt wird. In den Erstkalbealterklassen ab 31 Monate liegen für die Verbände OST-1 nur 27,9% und OST-2 nur 30,9% aller Beobachtungen. Die Anteile in den Westverbänden in diesen Erstkalbealterklassen ist wesentlich höher und variiert von 37,6% (WEST-3) bis zu 48,2% (WEST-2). Auf die ökonomische Bedeutung

eines niedrigen Erstkalbealters hat MACK (1998) hingewiesen. Unter den gegenwärtigen ökonomischen Rahmenbedingungen mit Milchquotenkosten von 0,87 DM / kg (Referenzfettgehalt 3,94%) ermittelt sie einen Grenznutzen von 17,29 DM je Kuh und Jahr bei Verkürzung des Erstkalbealters um einen Monat innerhalb der physiologischen Grenzen.

3.5.1.2 Ergebnisse

Die statistischen Kennziffern für die Produktionsmerkmale innerhalb der Herdenkalbejahre zeigen einige Unterschiede zwischen den Verbänden auf (*Tabelle 33* und *Tabelle 34*); insbesondere dann, wenn der Vergleich auf die Gegenüberstellung Alte Bundesländer – Neue Bundesländer gerichtet wird.

Tabelle 33: Statistische Beschreibung der Produktionsmerkmale über alle Herdenkalbejahre für die Verbände WEST-1, OST-1 und WEST-2

Merkmal	Parameter	WEST-1 (n = 4197)		OST-1 (n = 1274)		WEST-2 (n = 12679)	
		\bar{x}	σ_x	\bar{x}	σ_x	\bar{x}	σ_x
Milchmenge	HKJ-Mittel (kg)	6446,1	909,3	6229,7	794,8	6706,7	931,0
	HKJ-STd. (kg)	935,5	277,6	1070,7	243,6	960,8	38,0
	HKJ-VK (%)	14,6	4,0	17,2	3,5	14,4	3,9
	HKJ-Max (kg)	8053,9	1297,1	8724,0	1330,9	8359,4	1293,6
	HKJ-Min (kg)	4970,0	874,4	3901,1	913,8	5152,4	915,7
	HKJ-Range (kg)	3084,0	1094,0	4829,0	1330,9	3207,0	1114,8
Fettmenge	HKJ-Mittel (kg)	267,2	38,4	265,0	31,9	276,5	38,0
	HKJ-STd. (kg)	38,0	11,0	43,3	9,4	39,3	11,2
	HKJ-VK (%)	14,3	4,0	16,4	3,3	14,3	3,9
	HKJ-Max (kg)	331,1	52,0	363,6	51,2	343,1	51,2
	HKJ-Min (kg)	206,0	38,2	167,2	38,5	212,0	38,6
	HKJ-Range (kg)	125,2	42,8	196,4	58,9	131,1	44,2
Eiweißmenge	HKJ-Mittel (kg)	212,4	32,6	213,1	27,8	221,0	32,8
	HKJ-STd. (kg)	28,6	8,7	33,6	7,7	29,4	9,0
	HKJ-VK (%)	13,5	3,9	15,8	3,3	13,4	3,8
	HKJ-Max (kg)	260,7	44,0	288,6	43,6	270,7	43,6
	HKJ-Min (kg)	166,1	30,7	136,6	31,1	172,5	31,7
	HKJ-Range (kg)	94,7	34,8	152,1	49,3	98,2	35,7

Tabelle 34: Statistische Beschreibung der Produktionsmerkmale über alle Herdenkalbejahre für die Verbände WEST-3, WEST-4 und OST-2

Merkmal	Parameter	WEST-3 (n = 7314)		WEST-4 (n=5828)		OST-2 (n = 1630)	
		\bar{x}	σ_x	\bar{x}	σ_x	\bar{x}	σ_x
Milchmenge	HKJ-Mittel (kg)	6874,2	6676,3	6676,3	918,0	6547,8	803,8
	HKJ-STd. (kg)	966,7	918,0	918,0	263,6	1077,9	211,7
	HKJ-VK (%)	14,1	13,8	13,8	3,8	16,6	3,2
	HKJ-Max (kg)	8500,9	8211,1	8211,1	1169,8	8889,5	1194,1
	HKJ-Min (kg)	5332,9	5206,4	5206,4	883,2	4345,5	937,9
	HKJ-Range (kg)	3168,0	3004,7	3004,7	1010,4	4544,0	1293,9
Fettmenge	HKJ-Mittel (kg)	291,7	285,0	285,0	37,8	272,8	31,5
	HKJ-STd. (kg)	40,0	38,3	38,3	10,6	42,9	8,4
	HKJ-VK (%)	13,8	13,5	13,5	3,8	15,9	3,2
	HKJ-Max (kg)	357,4	347,9	347,9	48,6	364,4	46,3
	HKJ-Min (kg)	226,4	223,0	223,0	39,5	182,1	39,0
	HKJ-Range (kg)	131,0	124,9	124,9	40,8	182,3	52,2
Eiweißmenge	HKJ-Mittel (kg)	230,0	221,7	221,7	31,2	224,5	28,7
	HKJ-STd. (kg)	29,8	28,0	28,0	8,5	34,0	6,9
	HKJ-VK (%)	13,0	12,7	12,7	3,7	15,3	3,2
	HKJ-Max (kg)	279,3	267,9	267,9	40,3	296,1	39,5
	HKJ-Min (kg)	181,5	175,8	175,8	30,9	152,3	33,2
	HKJ-Range (kg)	97,8	92,1	92,1	32,6	143,9	41,9

Im Merkmal Milch-kg liegen in den Westverbänden die mittleren Streuungen innerhalb HKJ im Bereich von 918,0 kg (WEST-4) bis 960,8 kg (WEST-2), während in den Verbänden OST-1 und OST-2 mittlere HKJ-Standardabweichungen von über 1000 kg Milch erreicht werden. Diese höhere Intraherdenvarianz für die Verbände der Neuen Bundesländer spiegelt sich auch für die Merkmale Fett-kg und Eiweiß-kg wieder.

Auch der zweite Parameter zur Beurteilung etwaiger Heterogenität der Herden, der Variationskoeffizient innerhalb Herdenkalbejahr, ist für alle Produktionsmerkmale in den beiden Ostverbänden um ca. 2% bis 3% erhöht. Der Verband WEST-4 hebt sich durch seine in der Milch-, Fett- und Eiweißmenge homogenen Herden hervor. Im Merkmal Eiweiß-kg erreicht er mit einem Wert von 12,7% für den mittleren HKJ-Variationskoeffizienten den

niedrigsten Wert überhaupt. Der höchste mittlere Intraherdenvariationskoeffizient wurde für den Verband OST-1 im Merkmal Milchmenge mit 17,2% ermittelt.

Die Heterogenität der Herden aus den Neuen Bundesländern kann auch an den Werten für den mittleren HKJ-Range abgeleitet werden. Diese mittlere Differenz von der niedrigsten zur höchsten Leistung über die Herdenkalbejahre beträgt im Merkmal Milch-kg für die Verbände OST-1 4829 kg bzw. OST-2 4544 kg, liegt aber in den Verbänden der Alten Bundesländer nur geringfügig über 3000 kg. Dies begründet sich im wesentlichen darauf, dass in den Verbänden OST-1 und OST-2 die mittlere minimale Leistung (Ost-1 3901,1 kg und OST-2 4345,5 kg) deutlich unter dem Niveau in den Westverbänden liegt. In den modernen Großbetrieben der Neuen Bundesländer gibt es eben Kühe in einer größeren Leistungsspanne. Das für das Merkmal Milch-kg Gesagte trifft ebenso für die Fett- und Eiweißmenge zu. Der HKJ-Range ist in den Westverbänden gegenüber OST-1 oder OST-2 um nahezu 40% reduziert.

Für die folgenden Auswertungen sollen die extrem heterogenen Herden in den Mittelpunkt der Betrachtungen gestellt werden. Als extrem heterogen wurden hier jene Herden definiert, die eine HKJ-Standardabweichung von mehr als 1500 kg Milch aufweisen. Es besteht durchaus die theoretische Möglichkeit, dass die hinsichtlich der mittleren Streuung innerhalb der HKJ eher unauffälligen Westverbände einen hohen Anteil der Herdenkalbejahre im extrem heterogenen und im extrem homogenen Bereich haben und sich dies letztendlich positiv auf die mittlere HKJ-Standardabweichung auswirkt. Als extrem homogen sind jene Herdenkalbejahre mit einer HKJ-Standardabweichung bis 600 kg Milch zu definieren. Ebenso ist denkbar, dass die Verbände OST-1 und OST-2, die durch eine überhöhte mittlere HKJ-Standardabweichung auffallen, viele HKJ im Streuungsbereich von 1000 kg bis 1200 kg haben, aber ab 1500 kg keine Besonderheiten auszumachen sind. In *Tabelle 35* ist aus diesem Grund die Verteilung der Einzelleistungen und der HKJ auf die 7 gebildeten HKJ-Standardabweichungsklassen dargestellt. Es wurde nur aus dem Grund das Merkmal Milch-kg zur Beschreibung der Heterogenität gewählt, weil dies für den Betrachter eine anschaulichere Größe ist als z.B. die Fett- oder die Eiweißmenge. Die phänotypischen Korrelationen im gesamten Datenmaterial zwischen Milch- und Eiweißmenge bzw. Milch- und Fettmenge betragen 0,95. Deshalb ist dieser Schritt durchaus gerechtfertigt.

Die Analyse der beiden HKJ-Standardabweichungsklassen mit der höchsten Heterogenität (HKJ-SD > 1500 kg) zeigt, dass in den Verbänden der Alten Bundesländer der Anteil der

HKJ in diesen Klassen höher ist als der Anteil der Einzelleistungen. Somit sind es eher die kleinen Herden der Westverbände, die hohe Intraherdenvarianzen aufweisen. Die Verbände OST-1 und OST-2 fielen wegen ihrer überhöhten mittleren HKJ-Standardabweichung (*Tabelle 33* und *Tabelle 34*) auf. In den beiden höchsten HKJ-Standardabweichungsklassen ist aber der Verband OST-2 nicht stärker besetzt als die Westverbände. Ein hoher Anteil, nämlich 29% der Einzelleistungen bzw. 24% der Herdenkalbejahre, ist in der HKJ-Standardabweichungsklasse von 1200 kg bis 1500 kg angesiedelt. Mit den deutlich größten Anteilen (6% der Einzelleistungen; 4,9% der Kühe) in den beiden HKJ-Standardabweichungsklassen ab 1500 kg hebt sich der Verband OST-1 von den übrigen Verbänden ab. Gemein ist den beiden Ostverbänden, dass sie mit keinem Herdenkalbejahr in der homogensten HKJ-Standardabweichungsklasse vertreten sind. Wenig auffällig hinsichtlich heterogener Intraherdenvarianzen sind neben den Herden aus Verband WEST-4 die Herden aus Verband WEST-1. 10,9% (WEST-1) bzw. 10,4% (WEST-4) aller Färsen sind den beiden homogensten Klassen zuzuordnen. Auf gleichem Niveau mit etwa deckungsgleichen Werten folgen die Verbände WEST-2 und WEST-3.

Tabelle 35: Prozentuale Anteile der HKJ und der Einzelleistungen in Herdenkalbejahr-Standardabweichungsklassen

		Herdenkalbejahr-Standardabweichungsklasse						
		≤ 300 Kl. 1	300 – ≤ 600 Kl. 2	600 – ≤ 900 Kl. 3	900 – ≤ 1200 Kl. 4	1200 – ≤ 1500 Kl. 5	1500 – ≤ 1800 Kl. 6	> 1800 Kl. 7
WEST-1	Kühe	0,2	7,4	33,9	40,2	15,6	2,3	0,2
	HKJ	0,5	10,4	36,2	36,1	13,9	2,5	0,4
WEST-2	Kühe	0,1	5,7	32,0	42,3	16,8	2,8	0,3
	HKJ	0,3	8,3	34,8	38,2	14,8	3,1	0,5
WEST-3	Kühe	0,2	6,1	33,1	40,1	17,2	2,9	0,5
	HKJ	0,4	8,3	34,3	37,6	15,6	3,3	0,6
WEST-4	Kühe	0,2	7,9	37,9	39,9	12,2	1,6	0,2
	HKJ	0,4	10,0	38,8	36,9	11,7	2,0	0,2
OST-1	Kühe	-	0,3	12,1	53,2	28,4	5,4	0,6
	HKJ		2,0	20,2	50,6	22,4	4,2	0,7
OST-2	Kühe	-	0,2	10,4	57,8	29,0	2,5	0,1
	HKJ		0,7	19,0	53,6	24,0	2,4	0,3

Zu den Verbänden WEST-1, WEST-2 und WEST-3 ist noch anzumerken, dass deren Anteile der HKJ und der Einzelleistungen in den Standardabweichungsklassen von 600 kg bis 900 kg bzw. 900 kg bis 1200 kg in etwa identisch sind. Die Anteile der HKJ für diese drei Verbände unterscheiden sich von HKJ-Klasse 3 zu HKJ-SD-Klasse 4 nur unwesentlich, während doch ein stärkerer Anstieg der Einzelleistungen zu verzeichnen ist.

Im folgenden geht es konkret darum, die Beziehung der Intraherdenvarianz zum RZM bzw. zur Selektion der potenziellen Bullenmutter darzustellen. In den *Abbildungen 14* und *15* sind exemplarisch für die Alten Bundesländer (WEST-3) und die Neuen Bundesländer (OST-1) die statistischen Charakteristika der Kuhzuchtwerte in Abhängigkeit von den HKJ-Standardabweichungsklassen dargestellt.

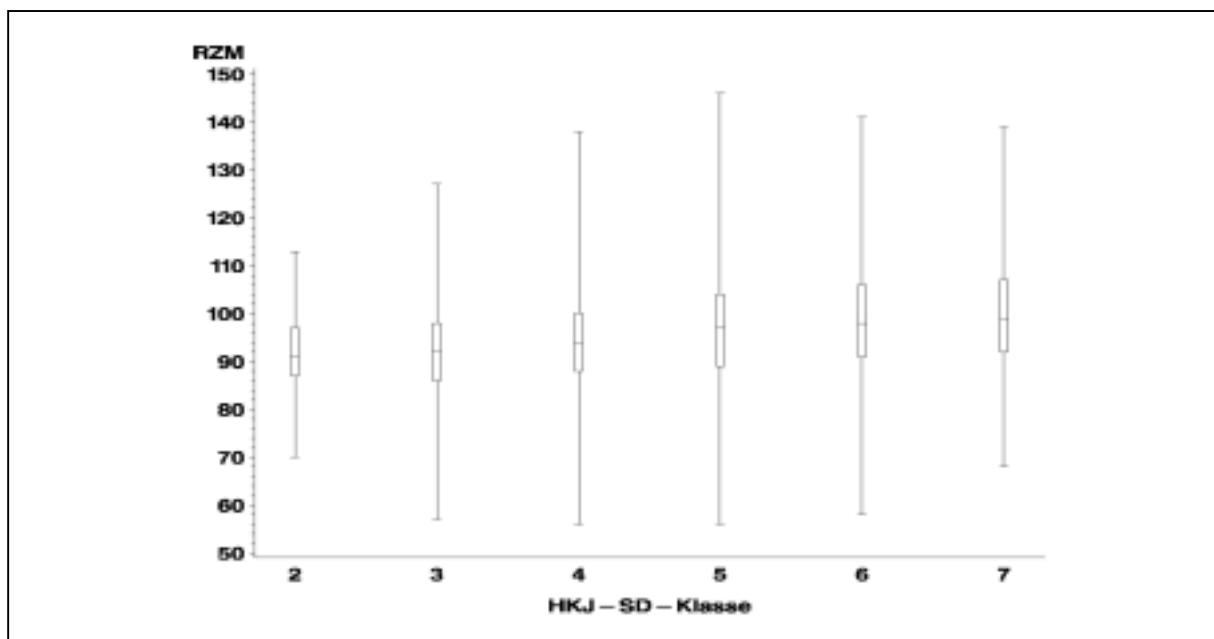


Abbildung 14: Statistische Parameter der Kuhzuchtwerte (RZM) innerhalb der HKJ-Standardabweichungsklassen für Verband OST-1

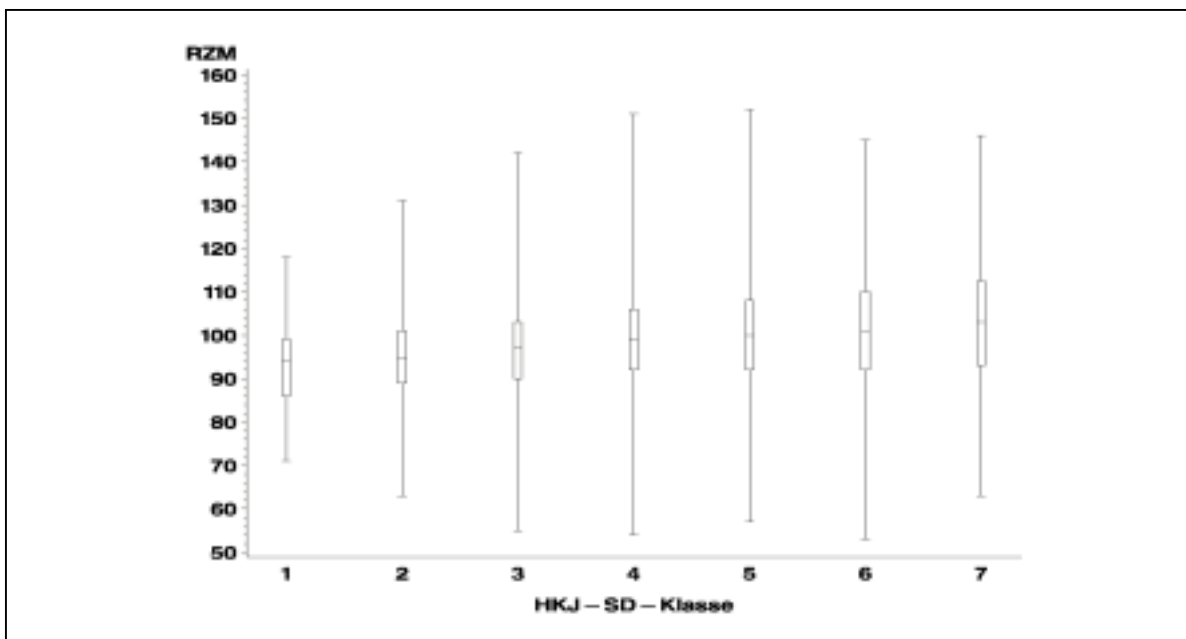


Abbildung 15: Statistische Parameter der Kuhzuchtwerte (RZM) innerhalb der HKJ-Standardabweichungsklassen für Verband WEST-3

Auf der Abszisse erfolgte die Klasseneinteilung nach der Standardabweichung innerhalb HKJ entsprechend der vorangegangenen Analysen. Mit der Zahl 1 ist die homogenste (HKJ-SD \leq 300 kg) und der Zahl 7 die heterogenste Klasse (HKJ-SD $>$ 1800 kg) gekennzeichnet. Neben der gesamten Streubreite und dem Mittel der RZM-Werte ist innerhalb jeder Klasse durch den Boxplot jener Bereich angegeben, in dem 70% aller Beobachtungen liegen; d.h. in Klasse 1 des Verbandes WEST-3 liegen 70% der Kuhzuchtwerte im Bereich von 87 bis 99 RZM-Punkten.

In den Klassen 1 und 2 für Verband WEST-3 bzw. Klasse 2 für Verband OST-1 ist nicht nur die Intraherdenvarianz am kleinsten, sondern auch die Streubreite der Zuchtwerte. Die Einzelzuchtwerte sind stärker um das Mittel konzentriert, es gibt nicht diese extremen Abweichungen nach oben oder unten wie in den Klassen mit höherer Intraherdenvarianz. Sowohl für Verband OST-1 als auch Verband WEST-3 ist festzustellen, dass mit zunehmender Intraherdenvarianz ein Anstieg der RZM-Werte verbunden ist. Die mittlere RZM-Punktzahl der Färsen aus Verband WEST-3 liegt in allen HKJ-Standardabweichungsklassen auf höherem Niveau im Vergleich zu den Färsenzuchtwerten aus Verband OST-1.

Konkret auf die Selektion potenzieller Bullenmütter wird in *Tabelle 36* eingegangen. Es wurden jeweils die besten 1000 Färsen in jedem Verband nach ihrem Zuchtwert in Eiweiß-kg

und nach ihrer Laktationsleistung im Merkmal Eiweiß-kg selektiert und ihre Verteilung auf die bekannten 7 HKJ-Standardabweichungsklassen ermittelt.

Beim Vergleich mit der prozentualen Klassenbesetzung aller Kühe (*Tabelle 35*) zeigt sich, dass in keinem der Verbände eine potenzielle Bullenmutter aus den homogensten Herdenkalbejahren hervorgeht. Allerdings sind die HKJ-Klassen 6 und 7 ($\text{HKJ-SD} > 1500 \text{ kg}$) anteilmäßig stärker mit potenziellen Bullenmüttern besetzt, als dies im gesamten Datenmaterial der Fall ist. Mit Ausnahme von Verband OST-1 beträgt der Anteil der Färsen am Gesamtdatenmaterial in diesen Klassen ca. 2% ($1500 \text{ kg} < \text{HKJ-SD} \leq 1800 \text{ kg}$) bzw. ca. 0,2% ($\text{HKJ-SD} > 1800 \text{ kg}$). Bezogen auf die potenziellen Bullenmütter variieren diese Anteile von 6,0% (OST-2, $1500 \text{ kg} < \text{HKJ-SD} \leq 1800 \text{ kg}$) bzw. 0,4% (OST-2, $\text{HKJ-SD} > 1800 \text{ kg}$) bis 17,1% (OST-1, $1500 \text{ kg} < \text{HKJ-SD} \leq 1800 \text{ kg}$) bzw. 4,1% (WEST-2, $\text{HKJ-SD} > 1800 \text{ kg}$), wenn der Zuchtwert für Eiweiß-kg als Selektionskriterium angewendet wird. Wird nach der absoluten Eiweißmenge eine Vorauswahl der Bullenmütter getroffen, ist insbesondere in der zweithöchsten HKJ-Standardabweichungsklasse ein noch höherer Anteil an den TOP-1000 Kühen festzustellen. In Verband OST-1 würden allein 51,5% aller potenziellen Bullenmütter aus extrem heterogenen Klassen rekrutiert werden.

Der Verband mit den wenigsten potenziellen Bullenmüttern in den beiden Klassen mit höchster Intraherdenvarianz ist WEST-4, gefolgt von OST-2. Das Phänomen, dass große Anteile potenzieller Bullenmütter aus heterogenen Herden stammen, ist somit nicht an der Einteilung Alte Bundesländer – Neue Bundesländer festzumachen. Als wichtiges Ergebnis und Gemeinsamkeit der Verbände OST-1 und OST-2 bleibt aus *Tabelle 36* festzuhalten, dass in den Neuen Bundesländern der Anteil potenzieller Bullenmütter aus den Klassen 6 und 7 stärker reduziert wird als dies in den Alten Bundesländern der Fall ist, wenn anstelle der absoluten Eiweißmenge der Zuchtwert für Eiweiß-kg als Selektionskriterium verwendet wird. In den Ostverbänden findet eine Reduktion um den Faktor 2,6 (OST-1) bzw. 2,2 (OST-2) statt, in den Westverbänden liegt dieser Faktor in der Größenordnung von 1,4 (WEST-2) bis 1,7 (WEST-3 und WEST-4). Die aufgeführten mittleren RZM-Werte der TOP-1000-Kühe für jeden Verband liegen in den Verbänden der Alten Bundesländer mit Ausnahme von WEST-1 leicht über dem Niveau in den Neuen Bundesländern.

Tabelle 36: Prozentuale Anteile der TOP-1000 Kühe nach ihrem Zuchtwert im Merkmal Eiweiß-kg und nach Eiweiß-kg absolut in HKJ-Standardabweichungsklassen

	Selektions- kriterium	Ø RZM	Herdenkalbejahr-Standardabweichungsklasse						
			≤ 300	300 – ≤ 600	600 – ≤ 900	900 – ≤ 1200	1200 – ≤ 1500	1500 – ≤ 1800	> 1800
WEST- 1	Zuchtwert	123	-	0,9	11,3	43,6	33,6	9,3	1,3
	absolut	114	-	0,2	5,0	32,0	46,2	14,4	2,2
WEST- 2	Zuchtwert	132	-	0,2	8,1	34,5	36,9	16,2	4,1
	absolut	123	-	0,4	2,3	20,2	48,7	22,2	6,2
WEST- 3	Zuchtwert	128	-	0,7	9,1	39,8	36,4	10,5	3,5
	absolut	120	-	-	4,2	28,0	44,0	15,9	7,9
WEST- 4	Zuchtwert	124	-	0,3	15,4	47,6	30,1	5,7	0,9
	absolut	117	-	0,3	7,1	41,0	40,5	9,1	2,0
OST- 1	Zuchtwert	123	-	-	2,3	25,7	52,9	17,1	2,0
	absolut	115	-	-	0,1	7,3	42,1	44,0	6,5
OST- 2	Zuchtwert	123	-	-	2,4	47,4	43,8	6,0	0,4
	absolut	116	-	-	0,9	25,4	59,5	13,9	0,3

3.5.1.2.1 Einzelbetriebsanalysen

Die potenziellen Bullenmütter nach ihrem Zuchtwert für Eiweiß-kg aus den HKJ-Standardabweichungsklassen 6 und 7 wurden einer genaueren Analyse bzgl. ihrer Herkunftsbetriebe unterzogen. Dabei ging es im wesentlichen darum, zu sehen, ob mehrere potenzielle Bullenmütter in diesen Klassen von den gleichen Herdenkalbejahren oder auch Betrieben stammen. In *Tabelle 37* sind für die HKJ-Standardabweichungsklasse 6 jene Betriebe aufgeführt, die mehr als 5 Bullenmütter stellen; für Klasse 7 jene Betriebe mit mehr als 2 Bullenmüttern. Die grundlegende Interpretation von *Tabelle 37* soll exemplarisch für Verband WEST-1 erfolgen. Die insgesamt 93 Bullenmütter, die der HKJ-Standardabweichungsklasse 6 angehören, stehen in 37 verschiedenen Betrieben. Im Durchschnitt sind dies 2,5 Bullenmütter je Betrieb. Es gibt aber einzelne Betriebe, die deutlich mehr Bullenmütter stellen: Aus einem Betrieb, der dieser HKJ-Standardabweichungsklasse-Klasse 6 angehört, kommen insgesamt 16 Bullenmütter, aus einem weiteren 11 Bullenmütter, aus wiederum einem anderen 10 Bullenmütter und

schließlich gibt es einen hinsichtlich der heterogenen Intraherdenvarianz auffälligen Betrieb mit 7 Bullenmüttern.

Tabelle 37: Verteilung der potenziellen Bullemütter aus heterogenen HKJ-Standardabweichungsklassen auf ihre Herkunftsbetriebe

	> 1500 bis ≤ 1800 HKJ – STD				> 1800 HKJ – STD			
			Kühe / Betrieb				Kühe / Betrieb	
	Kühe	Betriebe	Ø	Max (> 5)	Kühe	Betriebe	Ø	Max. (≥ 2)
WEST-1	93	37	2,5	1 * (16,11,10,7)	13	7	1,9	1 * 4 3 * 2
WEST-2	162	85	1,9	1 * (9,8,7) 2 * 6	41	21	1,95	1 * 11 2 * 4 1 * 3 2 * 2
WEST-3	105	64	1,6	2 * 7	35	17	2,1	1 * 8 1 * 5 3 * 3 1 * 2
WEST-4	57	38	1,5	1 * 6	9	6	1,5	1 * 3 1 * 2
OST-1	171	23	7,4	1 * (23,18,17,16,15,13,12,10,8,7,6)	20	6	3,3	1 * 8 1 * 6 1 * 3
OST-2	60	22	2,7	1 * 6	4	2	2,0	1 * 3

In Verband OST-1 sind die 171 Bullenmütter der HKJ-Standardabweichungsklasse 6 nur 23 verschiedenen Betrieben zuzuordnen. Allein 23 dieser 171 Kühe werden von einem einzigen Betrieb gestellt. In HKJ-Standardabweichungsklasse 7 fallen jene Betriebe mit 8 bzw. 6 potenziellen Bullenmüttern auf. Neben Verband OST-1 ist es insbesondere Verband WEST-2, in dem es mehrere Betriebe gibt, die in mindestens einem Jahr den heterogensten HKJ-Standardabweichungsklassen angehören und aus denen sich mehrere Bullenmütter rekrutieren. In den Verbänden WEST-4 und OST-2 ist kein Betrieb als extrem auffällig bzgl. hoher Intraherdenvarianz zu definieren, der zusätzlich eine Reihe potenzielle Bullenmütter stellt. Mit 6 Bullenmüttern je Betrieb wird soeben die Veröffentlichungsgrenze für diese Tabelle überschritten.

Die weitere Analyse konzentrierte sich auf jene Betriebe, die in einem oder mehreren Herdenkalbejahren durch große Streuungen im Merkmal Milch-kg auffällig sind und stark in die BM-Selektion einbezogen werden (vgl. *Tabelle 37*). Dabei galt es im wesentlichen, anhand der Häufigkeitsverteilung für das Merkmal Milchmenge und der Überprüfung der Einzelleistungen und Pedigrees bestimmter Färsen die Zuchtspolitik zu analysieren. Für die Häufigkeitsverteilung wurde die Darstellung mit interpolierten Linien gewählt. Als Beispiele zur Illustration sind in den *Abbildungen 16 bis 18* drei Betriebe ausgewählt worden, deren Herdencharakteristika ziemlich eindeutige Schlussfolgerungen bzgl. der Ursachen erhöhter Intraherdenvarianz ermöglichen.

In *Abbildung 16* ist die Häufigkeitsverteilung für jenen Betrieb aus Verband OST-1 dargestellt, der 8 potenzielle Bullenmütter stellt und der Klasse mit höchster Intraherdenvarianz angehört. Diese 8 Bullenmütter sind den Herdenkalbejahren 1997 (HKJ-SD = 2065 kg) und 1998 (HKJ-SD = 2062 kg) zuzuordnen, während im Herdenkalbejahr 1999 die HKJ-SD 1478 kg beträgt. Die Verteilungskurven der HKJ 1997 und 1998 sind durch ihre Mehrgipfligkeit geprägt. Dagegen nähert sich die Verteilungskurve des HKJ 1999 mit deutlich reduzierter Intraherdenvarianz einer Normalverteilungskurve an.

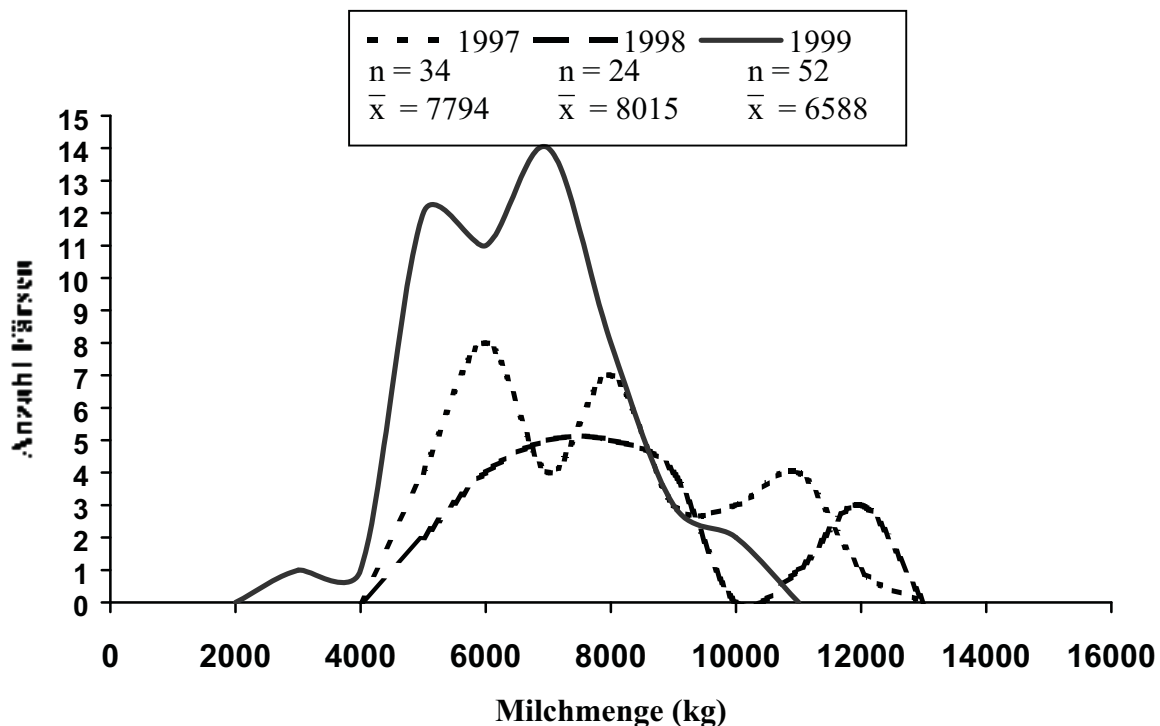


Abbildung 16: Häufigkeitsverteilung im Merkmal Milchmenge für Betrieb 1 aus OST-1

Nach Überprüfung der Pedigrees und der Einzelleistungen in diesem Betrieb, der auch als intensiver Zuchtbetrieb bekannt ist, wird eindeutig festgestellt, dass die Maximalleistungen jenen Kühen zuzuordnen sind, die auf Embryonenimporte aus den USA und Kanada zurückgehen. Die niedrigsten Leistungen werden von Kühen ohne Abstammung erbracht oder von solchen Kühen, von denen der Vater weder in die Kategorie der Wiedereinsatzbullen noch in die Kategorie der Testbullen gehört und somit aller Wahrscheinlichkeit nach ein Deckbulle ist. Als vornehmliche Ursache der heterogenen Herdenvarianz ist für diesen Beispielsbetrieb das Halten von Trägartieren auf der einen und die sonderbehandelte Bullenmutter auf der anderen Seite zu nennen.

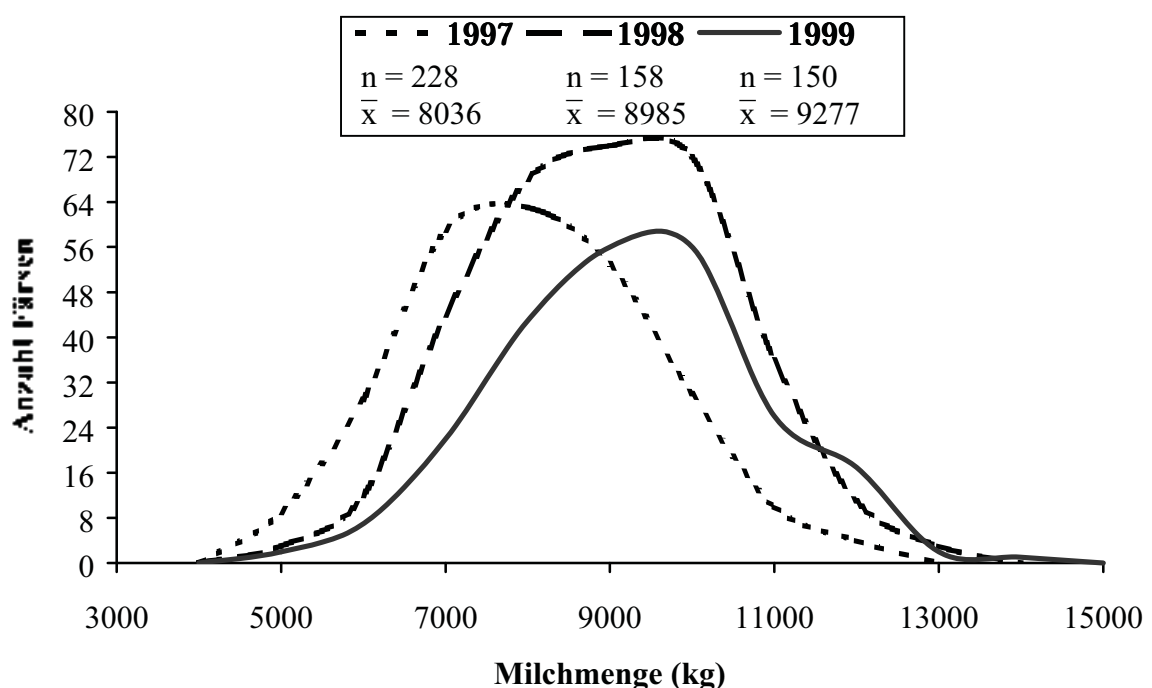


Abbildung 17: Häufigkeitsverteilung im Merkmal Milchmenge für Betrieb 2 aus OST-1

Betrieb 2 aus Verband OST-1 (*Abbildung 17*) ist ein Großbetrieb aus den Neuen Bundesländern, aus dem im Herdenkalbejahr 1999 (HKJ-SD = 1560 kg) 23 potenzielle Bullenmütter hervorgehen. Im HKJ 1997 beträgt die HKJ-SD 1475 kg, im HKJ-SD 1998 1477 kg. Im Gegensatz zu Betrieb 1 gleichen sich die dargestellten Kurven sehr stark einer Normalverteilungskurve an. Es gibt in diesem Betrieb Kühe in der Spannweite von 4716 kg bis 14341 kg. Der Abszissenwert für das Maximum dieser Kurven entspricht in etwa der mittleren Milchleistung innerhalb Herdenkalbejahr. Die mehrgipfligen Verteilungskurven von Betrieb 1 sind eher die Ausnahme in Gebiet OST-1; exemplarisch für die Großbetriebe sind die Verteilungskurven von Betrieb 2.

Für Betriebe aus den Alten Bundesländern mit hoher Intraherdenvarianz sind eher die zwei- oder mehrgipfligen Verteilungskurven die Regel. Dies bestätigt die grafische Darstellung der Häufigkeiten für das Merkmal Milchmenge von Betrieb 3 aus Verband WEST-1 (*Abbildung 18*). Betrieb 3 fällt in den Jahren 1997 (HKJ-SD = 1690 kg) und 1999 (HKJ-SD = 1617 kg) in die zweithöchste HKJ-SD-Klasse. In 1998 beträgt die HKJ-SD nur 1218 kg. Im HKJ 1998 weist die Verteilungskurve nur ein Maximum auf, während für 1999 die Zweigipflig- bzw. 1997 die Mehrgipfligkeit der Kurven gilt. Eine Rangierung der Färsen nach ihrem RZM zeigt, dass die vorderen Plätze von Kühen ausländischer Herkunft und deren Nachkommen besetzt sind, aber auf den schlechteren Rangpositionen vereinzelt Tiere mit fehlender Abstammung vorkommen.

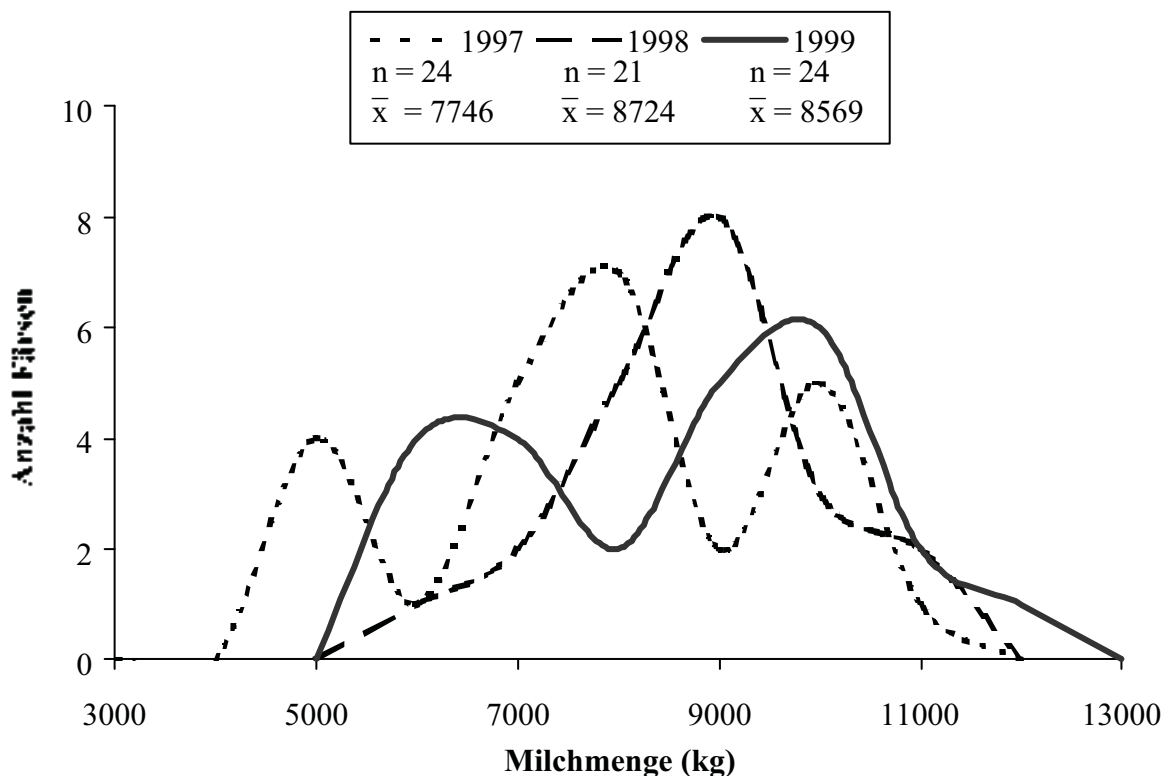


Abbildung 18: Häufigkeitsverteilung im Merkmal Milchmenge für Betrieb 3 aus WEST-1

Einige markante Betriebe, die mehrere potenzielle Bullenmütter stellen und in einem oder mehreren Herdenkalbejahren durch eine HKJ-SD von > 1500 kg auffallen, sind in *Tabelle 38* zusammengefasst. In der Rubrik der Bemerkungen sind die vermeintlichen Ursachen der hohen Streuung und weitere Besonderheiten des jeweiligen Betriebes aufgeführt. Die grau

unterlegten HKJ-Standardabweichungen beziehen sich auf die Kalbejahre der potenziellen Bullenmütter.

Tabelle 38: Herdencharakteristika für Betriebe, die mehrere Bullenmütter aus extrem heterogenen HKJ-SD-Klassen stellen

Betrieb (Verband)	Jahr	N	HKJ- \bar{x}	HKJ- SD	HKJ- VK	Bemerkung
Betrieb 1 (OST-1)	97	34	7794	2056	26,4	<ul style="list-style-type: none"> ◆ 8 BM in HKJ-SD > 1800 ◆ Trägartiere ↔ beste Genetik ◆ zweigipflige Verteilung
	98	24	8015	2062	25,7	
	99	52	6588	1476	22,4	
Betrieb 2 (OST-1)	97	257	8036	1475	18,3	<ul style="list-style-type: none"> ◆ 23 BM in HKJ-SD > 1500 ◆ Zukauf bester Genetik in 1999; schlechte Kühe bleiben im Bestand; Normalverteilung
	98	323	8986	1477	16,4	
	99	232	9277	1560	16,8	
Betrieb 3 (WEST-1)	97	24	7746	1690	21,8	<ul style="list-style-type: none"> ◆ 16 BM in HKJ-SD > 1500 ◆ Trägartiere ↔ beste Genetik
	98	21	8724	1218	14,0	
	99	24	8569	1617	18,9	
Betrieb 4 (OST-1)	97	228	7638	1879	24,6	<ul style="list-style-type: none"> ◆ 6 BM in HKJ-SD > 1800 ◆ fällt nur in einem Jahr richtig auf; Normalverteilung
	98	158	8590	1664	19,4	
	99	150	8707	1486	20,5	
Betrieb 5 (Ost-1)	97	226	6292	1185	18,8	<ul style="list-style-type: none"> ◆ 18 BM in HKJ-SD > 1500 ◆ bewährte Vererber mit hohem ZW; schlechte Kühe bleiben im Bestand; Normalverteilung
	98	221	6196	1503	24,4	
	99	242	6664	1526	22,9	
Betrieb 6 (WEST-2)	97	6	12286	3051	24,8	<ul style="list-style-type: none"> ◆ 11 BM in HKJ-SD > 1800 ◆ hohes Niveau, aber einzelne Kühe extrem hoch ◆ zweigipflige Verteilung
	98	7	11766	1858	15,8	
	99	8	12372	2359	19,1	
Betrieb 7 (WEST-1)	97	11	7585	1085	14,3	<ul style="list-style-type: none"> ◆ 4 BM in HKJ-SD > 1800 ◆ Gemischtbetrieb, Zukäufe in 1999
	98	8	7941	1479	6,0	
	99	8	7939	1846	23,2	
Betrieb 8 (WEST-1)	97	30	8114	1231	15,2	<ul style="list-style-type: none"> ◆ 10 BM in HKJ-SD > 1500 ◆ Großbetrieb der ABL ◆ Verteilung analog ostdeutscher Großbetriebe
	98	44	8835	1703	19,3	
	99	33	8680	1506	17,4	
Betrieb 9 (WEST-1)	97	14	6196	1349	21,8	<ul style="list-style-type: none"> ◆ 11 BM in HKJ-SD > 1500 ◆ reiner Rotbuntbetrieb ◆ Vollgeschwister aus ET mit hohem RZM in der Topliste
	98	22	7302	1559	21,4	
	99	13	7286	1644	22,6	

3.5.1.2.2 Restriktionen für die Selektion von Bullenmüttern

Wenn die großen Streuungen in den Produktionsmerkmalen innerhalb der Herdenkalbejahre auf bewusste Beeinflussungen des Betriebsleiters zurückzuführen sind, sei es durch Sonderbehandlungen wertvoller Embryonenimporte oder Vollgeschwistern aus ET, dem gezielten Behalten minderwertiger Trägartiere oder auch auf die differenzierten Managementbedingungen innerhalb der Betriebe der Neuen Bundesländer, dann sollte die Intraherdenvarianz als Kriterium bei der Selektion von Bullenmüttern Berücksichtigung finden. Die Herden mit niedriger Intraherdenvarianz müssten demnach von den Sire Analysten in ihren Selektionsentscheidungen bevorzugt werden. Das extremste Szenario wäre, Herden mit extrem hoher Intraherdenvarianz von der Selektion der Bullenmütter auszuschließen.

Zur Untersuchung wurden daher schrittweise strengere Restriktionen bzgl. der HKJ-Standardabweichung angewendet und die jeweils besten 100 Kühe nach RZM in jedem Zuchtverband selektiert. In *Tabelle 39* ist der Umfang des zur Verfügung stehenden Selektionspools und die Kennziffern der daraus besten 100 Kühe nach RZM aufgeführt, wenn verschiedene Selektionsgrenzen für die HKJ-Standardabweichung eingezogen werden. Wenn in Verband WEST-1 die besten 100 Kühe nach RZM aus allen 52292 Kühen selektiert werden, dann haben diese Bullenmütter eine durchschnittliche Milchleistung von 10008 kg, wobei die maximale Färsenleistung 12980 kg und die minimale 6834 kg beträgt. Die RZM-Punkte dieser Kühe liegen im Bereich von 130 bis 155 bei einem Mittel von 135. Die erste Selektionsgrenze wurde bei einer HKJ-SD von 1800 kg gezogen. Innerhalb WEST-1 verringert sich durch diese Maßnahme der Selektionspool nur um 131 Kühe und auch die Kennziffern der selektierten Tiere bleiben auf etwa gleichem Niveau. Größere Veränderungen ergeben sich erst, wenn jene Färsen, die einer HKJ-SD > 1500 kg zuzuordnen sind, von der Selektion ausgeschlossen werden. Die durchschnittliche Milchmenge ist um 202 kg rückläufig im Vergleich zur vorangegangenen Restriktion, die minimale Leistung der potenziellen Bullenmutter sinkt auf 5804 kg und die maximale RZM-Punktzahl erfährt eine Reduktion von 155 auf 148. Durch die Einbeziehung der Intraherdenvarianz als zusätzliches Selektionskriterium haben Kühe mit hohen Leistungen, die vorher in den TOP-100 unberücksichtigt blieben, die Chance, als Bullenmutter ausgewählt zu werden. Jene Kuh mit der maximalen Leistung von 12793 kg aus Verband WEST-1 findet erst dann Berücksichtigung, wenn Kühe mit einer HKJ-SD > 1600 kg nicht mehr im Selektionspool zur Auswahl stehen.

Tabelle 39: Größe des Selektionspools und Kennziffern der selektierten besten 100 Färsen nach RZM unter Berücksichtigung von Restriktionen für die HKJ-SD

	HKJ-SD	N	Kennziffern der selektierten Tiere						
			Milch -kg				RZM		
			\bar{x}	s	Max	Min	\bar{x}	Max	Min
WEST-1	alle	52992	10008	1282	12980	6834	135	155	130
	≤ 1800	52861	9972	1255	12726	6834	135	155	129
	≤ 1700	52658	9954	1244	12726	6834	135	155	129
	≤ 1600	52320	9889	1299	12793	6834	134	155	129
	≤ 1500	51617	9687	1312	12793	5804	133	148	128
	≤ 1400	50037	9587	1331	12793	5804	132	148	128
WEST-2	alle	170220	11077	1592	16285	8182	145	162	139
	≤ 1800	169630	10528	1090	12939	8182	143	162	138
	≤ 1700	168842	10423	1104	12939	7370	142	156	137
	≤ 1600	167505	10201	1159	12516	7184	141	155	137
	≤ 1500	164834	10154	1166	12516	7184	140	155	136
	≤ 1400	159817	9899	1193	12516	7050	139	155	135
WEST-3	alle	92068	10278	1231	14103	7514	138	152	135
	≤ 1800	91624	10105	1116	14103	7514	138	152	134
	≤ 1700	91201	10080	1123	14103	7514	138	152	134
	≤ 1600	90400	10029	1101	14103	7514	137	152	134
	≤ 1500	88982	9986	1072	14103	7514	137	152	134
	≤ 1400	86594	9783	1082	12385	7514	137	152	134
WEST-4	alle	71842	9887	1001	12298	7593	134	151	130
	≤ 1800	71701	9861	1002	12298	7593	134	151	130
	≤ 1700	71497	9804	970	12298	7593	134	151	130
	≤ 1600	71185	9784	986	12298	7593	134	151	130
	≤ 1500	70530	9772	977	12298	7593	134	151	130
	≤ 1400	69106	9685	938	12298	7593	133	151	130
OST-1	alle	99001	10189	1444	14341	6739	133	146	129
	≤ 1800	98441	10013	1410	14341	6739	133	146	129
	≤ 1700	97524	10070	1413	14341	6739	133	146	129
	≤ 1600	96437	10029	1420	14341	6739	133	146	129
	≤ 1500	93066	9739	1262	12745	6739	132	146	128
	≤ 1400	87344	9353	1135	12054	6739	131	146	127
OST-2	alle	80152	10156	1205	13245	6689	132	148	128
	≤ 1800	80095	10128	1200	13245	6689	132	148	128
	≤ 1700	79893	10139	1213	13245	6689	132	148	128
	≤ 1600	79550	10049	1227	12785	6689	132	145	128
	≤ 1500	78104	10007	1217	12785	6689	132	145	128
	≤ 1400	74506	9954	1203	12785	6689	131	145	128

Im Gebiet OST-1 haben die Restriktionen für die HKJ-SD größere Auswirkungen auf die praktische Bullenmütterselektion. Hier reduziert sich der Selektionspool von der ersten bis zur letzten Stufe um 11,8%. In Verband WEST-1 beträgt diese Reduktion nur 5,8% und in Verband WEST-4 gar nur 3,8%. Dies hat zur Folge, dass in Verband OST-1 die phänotypischen Leistungen der selektierten Tiere ab einer Grenze der HKJ-SD von 1500 kg stärker sinken als das in den übrigen Verbänden der Fall ist. Auf die mittleren, minimalen und maximalen RZM-Werte sind die Auswirkungen im Gebiet OST-1 ebenso unbedeutend wie in den übrigen Verbänden. Auch für WEST-2, WEST-3 und OST-2 gilt die geringe Reduktion im Selektionspool (6,1%, 5,9% und 7,0%) und das durchschnittliche hohe Niveau der RZM-Werte der selektierten Kühe auf allen Selektionsstufen.

Als Ergänzung zur eben geschilderten Thematik gelten die in *Tabelle 40* dargestellten Untersuchungsergebnisse. In jedem Verband wurden die besten 1000 Färsen nach ihrem Zuchtwert in Eiweiß-kg selektiert und anschließend die statistischen Parameter in diesem Merkmal für die Färsen aus Herdenkalbejahren mit hoher ($HKJ-SD > 1500$ kg) und niedriger ($HKJ-SD \leq 1500$ kg) Streuung ermittelt.

Auf die Anteile von Kühen aus den HKJ-SD-Klassen 6 und 7 ($HKJ-SD > 1500$ kg) in den TOP-1000, bezogen auf die einzelnen Verbände, wurde ausführlich bei der Kommentierung von *Tabelle 36* eingegangen. Die hier dargestellten statistischen Parameter zeigen, dass der mittlere Zuchtwert im Merkmal Eiweiß-kg um 1,1 kg (OST-1) bis 5,1 kg (WEST-1) sinkt, wenn Kühe aus diesen Klassen mit hoher Intraherdenvarianz als Bullenmütter nicht berücksichtigt werden. Wenn nach Zuchtwerten selektiert wird, sind die Bullenmütter aus homogenen Herden der Neuen Bundesländer im Niveau ihrer Zuchtwerte nur geringfügig schlechter als Bullenmütter aus heterogenen Herden. Im Gebiet OST-1 hat die beste Bullenmutter aus homogenen Herden einen Zuchtwert von 77 Eiweiß-kg, aber die beste Bullenmutter aus heterogenen Herden nur einen Zuchtwert von 67 Eiweiß-kg.

Niedrigere Standardabweichungen und Variationskoeffizienten der Zuchtwerte charakterisieren die potenziellen Bullenmütter aus homogenen Herden. Über die Range der Zuchtwerte ist keine gerichtete Aussage bzgl. verbandsspezifischer Besonderheiten möglich.

Table 40: Statistische Kennziffern der TOP-1000 Kühe im Zuchtwert für Eiweiß-kg stratifiziert nach ihrer Herdenkalbejahr-Standardabweichung

	HKJ-SD	N	\bar{x}	s	VK	Max	Min	Range
WEST-1	≤ 1500	894	41,9	6,5	15,5	79	35	44
	> 1500	106	47,0	10,1	21,4	85	35	50
WEST-2	≤ 1500	797	53,7	6,2	11,5	85	47	31
	> 1500	203	58,4	9,9	16,9	93	47	46
WEST-3	≤ 1500	860	48,4	6,2	12,7	82	42	40
	> 1500	140	51,4	8,2	16,1	77	42	35
WEST-4	≤ 1500	934	44,4	5,9	13,3	85	38	47
	> 1500	66	46,3	7,1	15,3	71	38	33
OST-1	≤ 1500	809	41,9	5,5	14,1	77	36	41
	> 1500	191	43,0	6,7	15,6	67	36	41
OST-2	≤ 1500	936	41,7	5,7	13,7	75	36	39
	> 1500	64	42,9	7,7	18,0	76	36	40

3.5.1.3 Empfehlungen für die Zuchtorganisation

Die vorliegende Untersuchung zeigt, dass insbesondere im Verband OST-1 jene Färsen in der Bullenmütterselektion bevorzugt werden, die aus Herden mit großer Streuung in den Produktionsmerkmalen stammen. Diese hohe Streuung innerhalb Herden ist an sich kein grundlegendes Problem, und auch die Selektion von Bullenmüttern aus diesen Herden ist nicht grundsätzlich in Frage zu stellen. Da aber ein Zusammenhang zwischen der Höhe der Intraherdenvarianz und dem maximalen Zuchtwerten innerhalb des Herdenkalbejahres besteht, ist in all den Fällen, in denen gleichzeitig Sonderbehandlungen oder differenziertes Management, die zu extremen Leistungen führen, vermutet werden kann, aus der Sicht einer Zuchtorganisation eine Änderung der Selektionsstrategie für Bullenmütter angebracht.

Sonderbehandlungen potenzieller Bullenmütter, das Melken von Trägartieren, der Zukauf einzelner Spitzentiere sowie der Testbulleneinsatz wurden von SWALVE und DÖPKE (1994) als

Ursachen für das Auftreten heterogener Herden in einem Gebiet der Alten Bundesländer ermittelt. Diese in der vorliegenden Arbeit differenzierte Betrachtung für Verbände aus den Alten und den Neuen Bundesländern wurde bisher noch nicht durchgeführt. Die schon bei der Interpretation der Varianzkomponentenschätzung (Kapitel 3.4.3) getroffenen Schlussfolgerungen bestätigen die Auswertungen der Einzelbetriebsanalysen. Die modernen Großbetriebe der Neuen Bundesländer halten Kühe in der breiten Leistungsspanne von ca. 3000 kg bis 14000 kg, wobei aber nicht die gezielte Sonderbehandlung von Einzelkühen zu vermuten ist, sondern die Kühe entsprechend ihrer Leistung in verschiedene Managementgruppen eingeteilt werden. Die sich einer Normalverteilung annähernden Häufigkeitsverteilungen im Merkmal Milch-kg sind ein weiteres Indiz dafür.

In der offiziellen deutschen Zuchtwertschätzung des VIT wird eine Vorstandardisierung der Rohdaten innerhalb des Herdentesttags angewendet (REENTS et al., 1998). Da die Anzahl Kühe je HTD in die Berechnung der gewichteten Standardabweichung innerhalb HTD eingeht, führt dieses Verfahren in den großen heterogenen Herden der Neuen Bundesländer durchweg zu Stauchungen der Varianzen. Damit wird auch in jenen Herden die Varianz gestaucht, die eigentlich hinsichtlich eventueller Manipulation völlig unauffällig sind. D.h. dass gute Kühe aus heterogenen Betrieben der Neuen Bundesländer in der Zuchtwertschätzung teilweise zu Unrecht bestraft werden und somit nicht als potenzielle Bullenmütter in Frage kommen. Dass das Verfahren der Zuchtwertschätzung, bzw. genauer gesagt die Vorstandardisierung der Rohdaten, stärkere Auswirkungen auf die Kuhzuchtwerte in den Neuen als in den Alten Bundesländern hat, zeigen die deutlich geringeren Anteile von Kühen aus Verband OST-1 in den Klassen mit hoher Intraherdenvarianz wenn nach Zuchtwerten und nicht nach Absolutleistungen selektiert wird. Eine Vorstandardisierung der Rohdaten kann gravierende Auswirkungen auf die Rangierung von Kühen nach ihren geschätzten Zuchtwerten haben. GRÜNHAGEN (1998) schätzte Zuchtwerte für Kühe auf Basis von Testtagsdaten mit und ohne einer Vorstandardisierung der Varianz innerhalb des Herdentesttags. Danach würden nur 46% der Top-20 und 76% der Top-500 in beiden Listen vertreten sein.

Auch in diesem Zusammenhang scheint es sinnvoll, die Zugehörigkeit einer Kuh an einem Kontrolltag zu einer Managementgruppe bis an das VIT weiterzumelden und diese Information in der ZWS zu verwenden. Auf die Vorstandardisierung der Rohdaten könnte verzichtet werden. Verbesserungen im Bereich der Zuchtwertschätzung sind vornehmlich zu

erwarten, wenn in Zukunft höhere Anforderung an die eingehende Datenqualität gestellt wird bzw. die eben erwähnten Zusatzinformationen erfasst werden.

Eine weitere Möglichkeit zur Berücksichtigung heterogener Intraherdenvarianzen wäre eine Clusteranalyse (SWALVE und DÖPPKE, 1994; GRÜNHAGEN, 1998). SWALVE und DÖPKE (1994) verwenden die Clusteranalyse zur Einteilung von Laktationsleistungen innerhalb HKJ für ein Teildatenmaterial aus den Alten Bundesländern. GRÜNHAGEN (1998) korrigiert zunächst die tatsächlich erbrachten Leistungen innerhalb Herdentesttag um zufällige Effekte (Tiereffekt, permanenter Umwelteffekt) und um fixe Effekte auf ein einheitliches Laktationsstadium (vgl. REENTS et al., 1998), bevor er die bis auf den fixen Effekt des Herdentesttags vorkorrigierten Leistungen mit einer Clusteranalyse in voneinander unabhängige Gruppen innerhalb Herdentesttag aufteilt. Beide Autoren zeigen, dass es mit dem Verfahren der Clusteranalyse offensichtlich möglich ist, Kühe, die sich in Relation zu ihren Herdengefährtinnen im extremen Leistungsbereich befinden, zu erkennen und zu isolieren und somit die Herdenstandardabweichung erheblich zu reduzieren.

Die Clusteranalyse ist rechentechnisch relativ schnell durchführbar (fastcluss-Prozedur, SAS 1989), ist aber keine Lösung, um der ‚unfreiwilligen Heterogenität‘ der großen Herden in den Neuen Bundesländern entgegenzuwirken, da es schwierig ist, eine einheitliche, weite Verteilung mittels Clusteranalyse optimal zu gruppieren.

Die praktische Selektion von Bullenmüttern muss dahingehend vorbereitet werden, dass den Sire Analysten ein Instrumentarium zur Beschreibung der Herdeninformation zur Verfügung steht. Hierzu wären die Verteilungskurven im Merkmal Milch-kg für jeden Betrieb sicherlich eine Hilfe. Die Entscheidung über die Ursachen der Heterogenität ist durch Recherchen der Betriebsdaten und letztendlich durch den Betriebsbesuch zu erkunden.

3.5.2 Modellkalkulationen zur zentralen Prüfung von Bullenmüttern

3.5.2.1 Testkapazität

3.5.2.1.1 Methode

Berechnungsgrundlage für den erzielbaren Zuchtfortschritt bei zentraler Prüfung der Bullenmütter war ein von ALPERS und SWALVE (1996) geschriebenes FORTRAN-Computerprogramm mit Berücksichtigung von 2-Stufen-Selektion und Findung der Selektionsintensität auf der zweiten Stufe aus einer finiten Population.

Der erste Selektionsschritt ist die Auswahl der potenziellen Bullenmütter zur Anpaarung bzw. zum ET. Die endgültige Selektion erfolgt nach einem Test in vertraglich gebundenen Testherden, für die gleiche Umweltbedingungen gelten sollen. Der Selektionserfolg muss auf den zwei Stufen unterschieden werden, da zum einen durch den ersten Selektionsschritt die genetische Varianz in der zweiten Stufe verringert ist und zum anderen für die Leistungen der Kühe, die die Prüfung absolvieren, eine schiefe Verteilung zu erwarten ist, da es sich um vorselektiertes Material handelt. Ferner ist im Programm berücksichtigt, dass die Korrelation zwischen Zuchtwert und Index (r_{TI}) auf der zweiten Stufe durch Einbeziehung der Informationen aus der ersten Stufe verändert ist.

Die vollständige Formel zur Berechnung des Zweistufenselektionserfolgs auf dem Bullenmütterpfad (ΔG_{BM}) berücksichtigt die oben angegebenen Aspekte und ist, da für die Vorselektion nach Pedigree-Index oder nach Einsatzleistung verschiedene genetische Parameter gelten, in zwei Komponenten zu zerlegen:

$$\Delta G_{BM} = \frac{k(i_{1PI} * r_{TI1} + i'_{2PI} * \frac{r_{TI2} - (r_{TI1}^2 / r_{TI2}) * c}{\sqrt{1 - (r_{TI1} / r_{TI2})^2 * c}}}{k(m * L_{BMPIET} + (1 - m) * L_{BMPI}) + (1 - k)L_{BMEL}} + \frac{(1 - k)(i_{1EL} * r_{TIEL} + i'_{2EL} * \frac{r_{TI2EL} - (r_{TI1EL}^2 / r_{TI2EL}) * c}{\sqrt{1 - (r_{TI1EL} / r_{TI2EL})^2 * c}}}{k(m * L_{BMPIET} + (1 - m) * L_{BMPI}) + (1 - k)L_{BMEL}}$$

dabei sind:

- k = Anteil der Tiere, die nach Pedigree-Index (PI) ausgewählt werden
- m = Anteil der Tiere, die dem Embryo-Transfer (ET) unterzogen werden bzw. mit denen OPU/IVP durchgeführt wird
- c = Korrekturfaktor für σ_A' und r_{TI2}' für die Selektion auf der 2. Stufe
- $$c = i_1 * (i_1 - k);$$
- $$\sigma_A' = \sigma_A * \sqrt{1 - r_{TI1}^2 * c}$$
- $$r_{TI2}' = \frac{r_{TI2} - r_{TI1} * r * c}{\sqrt{(1 - r_{TI1}^2 * c)(1 - r^2 * c)}}, \text{ wobei } r \text{ der Quotient der Korrelationen aus der 1. und 2. Selektionsstufe ist.}$$
- Indices_{PI} = stehen für Tiere, selektiert nach Pedigree-Index
- Indices_{EL} = stehen für Tiere, selektiert nach Einsatzleistung
- i₁ = Selektionsintensität auf der 1. Stufe
- i₂' = korrigierte Selektionsintensität auf der 2. Stufe
- r_{TI1} = Korrelation zwischen Index der 1. Stufe und Zuchtwert
- r_{TI2} = Korrelation zwischen Index der 2. Stufe und Zuchtwert
- L_{BM PI ET} = Generationsintervall von Bullenmüttern, die auf der 1. Stufe nach PI selektiert und dem ET unterzogen werden (2,0 Jahre).
- L_{BM PI} = Generationsintervall von Bullenmüttern, die auf der 1. Stufe nach PI selektiert werden, von denen aber nur die eigene Trächtigkeit genutzt wird (2,25 Jahre).
- L_{BM EL} = Generationsintervall von Bullenmüttern, selektiert nach Einsatzleistung (3,33 Jahre).

Die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung (r_{TI}) auf den verschiedenen Selektionsstufen für die Bullenmütter wurde mit dem Selection Index Program (SIP) von WAGENAAR et al. (1995) errechnet (Tabelle 41). Für die Prüfung in Testherden wird eine eigene Teilleistung im zweiten Drittel der ersten Laktation zugrundegelegt. Zuchtziel ist das Merkmal Eiweiß-kg in der 1. Laktation. Die Indexkalkulationen wurden mit einer Heritabilität von 0,36 durchgeführt, was dem Durchschnittswert der in dieser Arbeit nach Regionen ermittelten Werten entspricht.

Tabelle 41: Genauigkeit der Zuchtwertschätzung für Bullenmütter für verschiedene Zeitstufen

Zeitstufe	Jungrind (1. Stufe)	Jungrind (1. Stufe) + Station (2. Stufe)	Färse mit Einsatz- leistung (1. Stufe)	Färse mit Einsatz- leistung (1. Stufe) + Station (2. Stufe)
Informations- quellen	50 väterliche HG 1 Mutterleistung	50 väterliche HG 1 Mutterleistung 1 eigene Teillstg.	50 väterliche HG 1 Mutterleistung 1 Einsatzleistg.	50 väterliche HG 1 Mutterleistung 1 Einsatzleistg. 1 eigene Teillstg.
r_{TI}	0,54	0,68	0,65	0,74

Die Selektionsintensität auf der ersten Stufe errechnet sich aus der Schärfe der Selektion im Feld und kann frei gewählt werden. Die Remontierungsrate auf der zweiten Stufe und somit die Selektionsintensität ist abhängig vom Verhältnis der letztendlich selektierten Bullenmütter zur Testkapazität. Die Kalkulationsparameter zur Vorausschätzung des Zuchtfortschritts auf den übrigen Pfaden der Selektion, also Bullenväter, Kuhväter und Kuhmütter, wurden analog aus den Berechnungen zum Testbulleneinsatz übernommen (Kapitel 3.1.1).

Vier Varianten der Bullenmütterprüfung waren hinsichtlich des erzielbaren Zuchtfortschritts zu vergleichen. Annahme für das TopQ-Zuchtprogramm ist, dass in Zukunft 1/3 der Testbullen eine testherdengepüfte Mutter haben. D.h. dass auf der zweiten Selektionsstufe 100 Bullenmütter zu selektieren sind. Da aber aus Kostengründen eine Mehrfachnutzung der Bullenmütter anzustreben ist und im Durchschnitt von jeder Bullenmutter 2 männliche Nachkommen für den Testeinsatz vorgesehen sind, kann die Zahl der zu selektierenden Bullenmütter auf der zweiten Stufe auf 50 reduziert werden.

Variante 1 orientiert sich an den Vorgaben des Färsentestprogramms der OHG. Es kommen nur jene Kühe in der ersten Laktation auf Station, die einen männlichen Nachkommen haben. Die Remontierungsrate auf der ersten Selektionsstufe beträgt 3,8%.

Variante 2, ein intensives Jungrinderspülprogramm, d.h. Nutzung der modernen Biotechniken ET und OPU/IVP bei allen potenziellen Bullenmüttern, findet seine Parallelen im Zuchtprogramm der Nord-Ost-Genetik. Strenge Auswahl der Jungrinder auf der ersten

Selektionsstufe ($p_1 = 0,5\%$) und Prüfung der Bullenmütter in der ersten Laktation sind deren Charakteristika.

Variante 3 hat das ET/DT-Programm der OHG als Richtlinie. Die potenziellen Bullenmütter werden in der ersten Laktation dem Embryotransfer unterzogen, aber die Stationsprüfung absolvieren sie in der zweiten Laktation. Die Remontierungsrate auf der ersten Selektionsstufe im Feld beträgt $p_1 = 1\%$.

Variante 4 kann als eine Mischform der übrigen drei Varianten interpretiert werden. Die Prüfung der potenziellen Bullenmütter in Testherden findet in der ersten Laktation statt und somit orientiert sich die Vorauswahl der Tiere am Pedigreeindex. Intensive Biotechnik (ET bzw. OPU/IVF) soll aber aus Kostengründen nur bei den letztendlich 50 selektierten Bullenmüttern angewendet werden. Für die Programmierung bzgl. der Kalkulationen zum Zuchtfortschritt hat dies folgende Konsequenzen: Da von den 50, auf der zweiten Selektionsstufe ausgewählten Bullenmüttern, aufgrund der eigenen Trächtigkeit im Mittel 25 männliche Nachkommen vorliegen, müssen noch drei Viertel der 100 angestrebten Testbullen durch ET bzw. OPU/IVF nach der Prüfung in Testherden erzeugt werden. Demzufolge muss für 75% der Testbullen auf dem Bullenmutterpfad gegenüber dem intensiven Jungrinderspülprogramm mit einem um 20 Monate verlängerten Generationsintervall kalkuliert werden. Die Biotechnikmaßnahmen finden ihre Anwendung somit nicht im Jungrinderstadium von 12 bis 15 Monaten, sondern im Alter der Kuh von 33 bis 40 Monaten.

3.5.2.1.2 Ergebnisse

Der Zuchtfortschritt für die vier Varianten ist in Abhängigkeit von der Testkapazität (50 bis 325 Prüfkühe pro Jahr) in *Abbildung 19* dargestellt.

Grundsätzlich ist allen Varianten gemein, dass der Zuchtfortschritt mit der Größe der Testkapazität ansteigt, wobei allerdings die Interpretation auf Basis des Gesetzes des abnehmenden Ertragszuwachses auch hier seine Berechtigung findet. So ist z.B. der Anstieg im Zuchtfortschritt bei einer Erhöhung der Testkapazität von 75 auf 100 Kühe pro Jahr deutlich stärker ausgeprägt, als dies bei einer Erhöhung von 250 auf 275 Kühe der Fall ist.

Der größte Zuchtfortschritt über alle Testkapazitäten hinweg wird in Variante II, dem intensiven Jungrinderspülprogramm, erreicht. Ein Programm mit ET bzw. OPU/IVF in der ersten und der Prüfung in der zweiten Laktation (Variante III) ist aufgrund des längeren Generationsintervalls nur bei niedriger Testkapazität konkurrenzfähig. Bei niedriger Testkapazität erweist sich hier die höhere Genauigkeit der geschätzten Zuchtwerte für den ersten Selektionsschritt als Vorteil. Dieser Vorteil ist aber bei höheren Testkapazitäten nicht mehr gegeben, weil dann intensiver unter den Prüfkühen selektiert werden kann. Es ist somit kein paralleler Verlauf der dargestellten Kurven festzustellen.

Ein Programm, das ganz auf modernste Biotechnik verzichtet (Variante I), ist einem intensiven Jungrinderspülprogramm (Variante II) in Bezug auf die genetischen Erwartungen deutlich unterlegen. Auch die Konkurrenzfähigkeit mit dem Prüfprogramm in der zweiten Laktation (Variante III) ist erst ab einer Testkapazität von 250 Kühen pro Jahr gegeben. Variante IV schneidet über alle Testkapazitäten hinweg im Zuchtfortschritt besser ab als Variante I. Da die Selektion auf der ersten Stufe in Variante IV ausschließlich auf der Information des Pedigreeindex basiert, ergeben sich für den Vergleich mit Variante III Nachteile bei Testkapazitäten unter 250 Kühen pro Jahr.

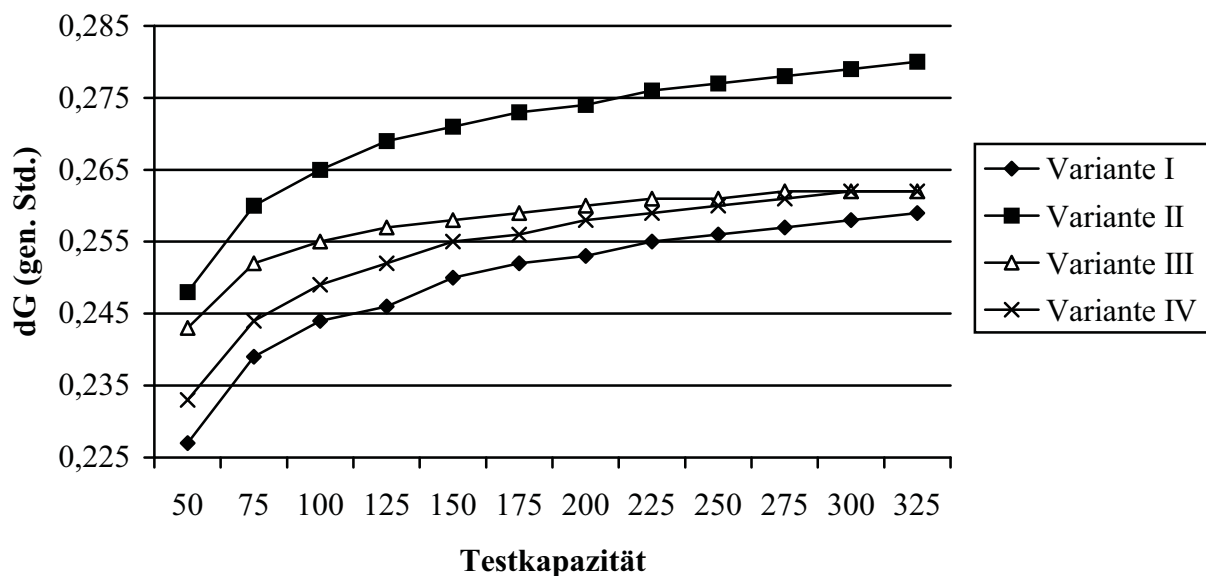


Abbildung 19: Zuchtfortschritt in Einheiten der genetischen Standardabweichung in Abhängigkeit von der Testkapazität für vier Varianten der BM-Selektion

Theoretische Überlegungen von ALPERS (1996) kommen zu dem Schluss, dass die Selektionsquote nach Beendigung der Prüfung unter 20% liegen sollte. Dies wird auch durch Vergleiche anhand von Praxisdaten der Osnabrücker Herdbuchgesellschaft bzw. des nie-

derländischen DELTA-Programmes bestätigt (GLODEK und SWALVE, 1999). Bei 50 zu selektierenden Bullenmüttern müssen daher mindestens 250 Kühe die Prüfung absolvieren.

3.5.2.2 Testdauer

3.5.2.2.1 Methode

Um zu einem frühen Zeitpunkt die Entscheidung treffen zu können, welche männlichen Nachkommen als Testbullen zu selektieren sind, sollte der Test der Bullenmütter in vertraglich gebundenen Herden generell ab Tag 1 nach der Kalbung beginnen.

Die Kalkulation, zu welchem Zeitpunkt dieser Test beendet werden sollte, basierte auf der Theorie des Selektionsindex. Dazu stand das Selection Index Program (SIP) von WAGENAAR et al. (1995) zur Verfügung. Zielgröße und somit Merkmal im Zuchtwert war die 305-Tage-Leistung im Merkmal Eiweiß-kg. Es wurde ein Index für mehrere Merkmale im Index und ein Merkmal im Zuchtwert konstruiert. Merkmale im Index waren Testtagsleistungen im Zeitabschnitt von Tag 10 bis Tag 170 im Abstand von 20 Tagen. Überlegung war, dass, wenn die Sicherheit der ZWS (r_{TI}^2) durch weiter einbezogene Testtage nicht gesteigert werden kann, die Prüfung der Bullenmütter zu beenden ist.

Für die Lösung des Gleichungssystems $P * b = G * a$, mit:

P = phänotypische Var/Kovarianz-Matrix der Testtage

b = Vektor der Indexgewichte

G = Vektor der genetischen Kovarianz zwischen Indexmerkmalen und 305-Tage-Leistung

a = Vektor der ökonomischen Gewichte der Merkmale im Zuchtwert;

galt es, aus der Fülle der Literatur nach geeigneten Parametern zum Aufstellen der P- und G-Matrix zu recherchieren. Der Vektor der ökonomischen Gewichte bleibt in diesem Fall unberücksichtigt, da es sich nur um ein Merkmal im Zuchtwert handelt. Es wurde ein Parametersatz für Testtagsdaten zusammengestellt, der auf folgenden Literaturquellen basiert:

- Heritabilitäten, phänotypische Varianzen und additiv-genetische Varianzen für einzelne Testtage sowie phänotypische Korrelationen zwischen einzelnen Testtagen, geschätzt an einem deutschen Datenmaterial (SWALVE, 1995).
- Heritabilitäten, phänotypische Varianzen und additiv-genetische Varianzen für einzelne Testtage sowie phänotypische Korrelationen zwischen einzelnen Testtagen, geschätzt an einem umfangreichen Datenmaterial aus den USA (GENGLER, 1997).
- Genetische Korrelationen zwischen einzelnen Testtagen und der 305-Tage-Leistung, geschätzt an einem kanadischen Datenmaterial (JAMROZIK und SCHAEFFER, 1997).

3.5.2.2.2 Ergebnisse

Der aus obigen Literaturdaten zusammengestellte Parametersatz für einzelne Testtage von Tag 10 bis Tag 170 ist in den *Tabellen 42* und *43* dargestellt. Es zeigt sich, dass Heritabilitäten an einzelnen Testtagen zu Beginn der Laktation (Tag 10 und Tag 30) mit 0,11 bzw. 0,12 niedriger sind als gegen Ende des ersten Laktationsdrittels bzw. zu Beginn des zweiten Laktationsdrittels (0,19 bis 0,21).

Table 42: Varianzkomponenten und Heritabilitäten für einzelne Testtage und deren genetische Korrelation zur 305-Tage-Leistung im Merkmal Eiweiß-kg

	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX
	10	30	50	70	90	110	130	150	170
σ_P^2	.0123	.0115	.0102	.0102	.0103	.0104	.0105	.0109	.0109
σ_A^2	.0013	.0014	.0017	.0017	.0018	.0020	.0021	.0023	.0023
h^2	.11	.12	.17	.17	.17	.19	.20	.21	.21
r_g	.50	.60	.70	.80	.90	.94	.95	.96	.95

Testtage am Anfang der Laktation haben niedrigere genetische Korrelationen ($r_g = 0,50$) zur Zielgröße 305-Tage-Eiweiß-kg als später folgende Testtage, insbesondere ab Tag 90 ($r_g \geq 0,90$). Die Betrachtung der phänotypischen Korrelationen im Merkmal Eiweiß-kg zwischen verschiedenen Testtagen (*Tabelle 43*) bringt zum Ausdruck, dass in einem engen Zeitabschnitt erbracht Leistungen deutlich höher miteinander korreliert sind als weit entfernte Testtage.

Tabelle 43: Phänotypische Korrelationen der Testtagsleistungen untereinander (Merkmal Eiweiß-kg)

		I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII
		10	30	50	70	90	110	130	150
I	10								
II	30	.70							
III	50	.60	.65						
IV	70	.50	.62	.64					
V	90	.45	.57	.63	.62				
VI	110	.40	.52	.58	.59	.62			
VII	130	.35	.48	.53	.55	.58	.62		
VIII	150	.33	.45	.50	.52	.55	.60	.62	
IX	170	.30	.42	.45	.50	.52	.58	.60	.62

In *Abbildung 20* ist die Sicherheit der Zuchtwertschätzung für das Merkmal 305-Tage-Eiweiß-kg in Abhängigkeit von sukzessiv einbezogenen Testtagen von Tag 10 bis Tag 170 graphisch dargestellt.

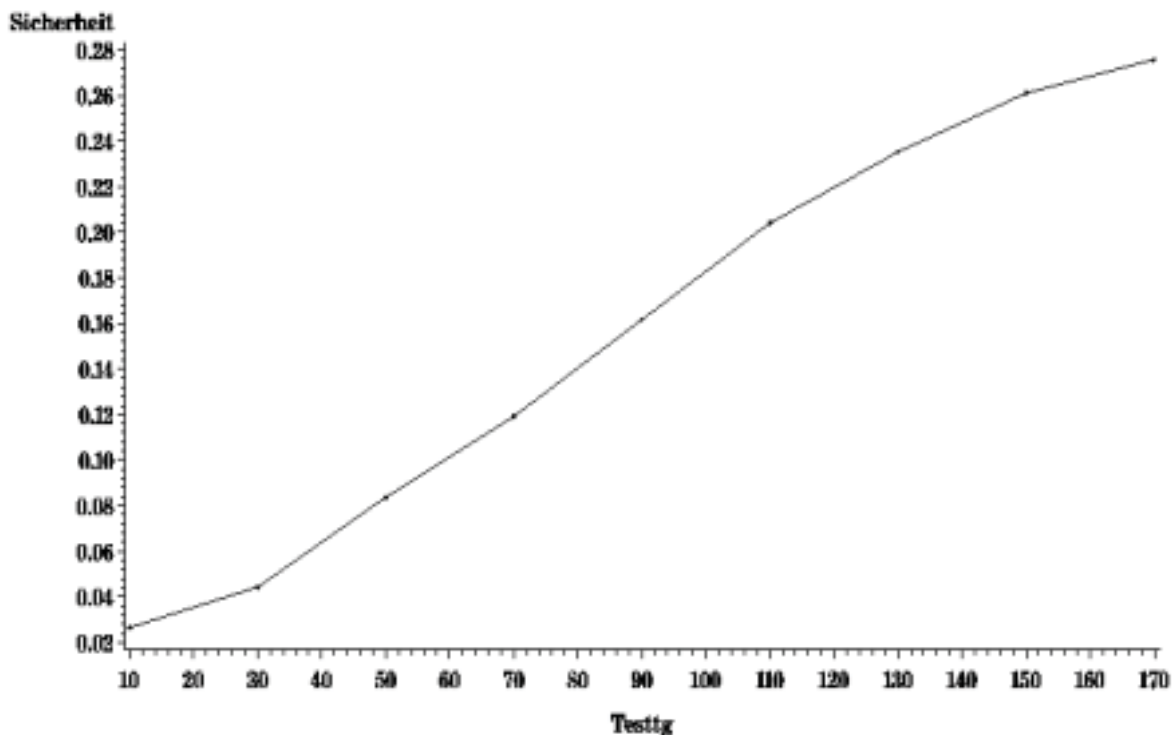


Abbildung 20: Sicherheit der ZWS auf Basis von sukzessiv einbezogenen Testtagen von Tag 10 bis Tag 170 im Abstand von 20 Tagen

Die Vorhersage der 305-Tage-Leistung aufgrund der Testtage bis Tag 110 ist mit einem großen Unsicherheitsfaktor belastet, die Sicherheit der Zuchtwertschätzung liegt unter $r_{TI}^2 = 0,20$. Werden weitere Testtage ab Tag 110 berücksichtigt, so nähert sich die Kurve asymptotisch dem Maximum von $r_{TI}^2 = 0,30$ an, da in den Kalkulationen für 305-Tage-Eiweiß-kg eine Heritabilität von 0,30 unterstellt wurde. Da nur die Eigenleistung der zu testenden Kuh berücksichtigt wurde, gilt: $b = h^2 = r_{TI}^2$. Dieser Maximalwert von $r_{TI}^2 = 0,30$ ist auch dann nicht zu steigern, wenn noch weitere Testtage im Prüfungsabschnitt mit einbezogen werden, da die zu bearbeitende Problematik als Mehrmerkmalsmodell mit mehreren Beobachtungen im Index und einem Merkmal im Zuchtwert aufgefasst wurde. Testtage mit den geringsten genetischen Korrelationen zur 305-Tage-Leistung erhalten unter Einbeziehung weiterer Testtage geringere Gewichtungsfaktoren (b-Werte).

Ein 180-Tage-Test in vertraglich gebundenen Testherden ermöglicht unter Berücksichtigung der Eingewöhnungs- und Quarantänezeit zwei Umtriebe pro Jahr. Bezogen auf die 250 zu testenden Bullenmütter bedeutet dies, dass eine Stallkapazität von 125 Plätzen erforderlich ist.

3.5.2.3 Organisatorischer Ablauf und Kosten-Nutzen-Rechnung

3.5.2.3.1 Methode

Mit dem Test potenzieller Bullenmütter in vertraglich gebundenen Testherden sind zwei Ziele zu verfolgen. Neben der objektiven Prüfung unter gleichen Umweltbedingungen wird eine effiziente Nutzung weiblicher Nachkommen aus Embryonenimporten angestrebt. Diese effiziente Nutzung ist am ehesten zu verwirklichen, wenn der Zuchtverband im Besitz dieser Tiere bleibt bzw. durch vertragliche Absicherungen über sie verfügen kann und diese Tiere als potenzielle Kandidatinnen für die Bullenmütterselektion zur Verfügung stehen.

Das Grundschema eines möglichen Zuchtprogramms zeigt *Abbildung 21*. Während zwei Drittel der Bullenmütter mit verbesserten Selektionskriterien im Feld selektiert werden, ist die neutrale Prüfung in den Testherden ausschließlich für die weiblichen Nachkommen aus Embryonenimporten konzipiert. Dabei wird der Nukleusgedanke aufgegriffen, d.h. weibliche

Nachkommen der Tiere mit erfolgreich abgeschlossener Prüfung gelten als potenzielle Bullenmütter; sie werden den Biotechnikmaßnahmen und der Prüfung in Testherden unterzogen. Die männlichen Nachkommen aus Embryonenimporten gehen bis zum Testeinsatz in die ELP- oder Aufzuchtstationen. Die nach der Prüfung selektierten Bullenmütter werden für das weitere Zuchtprogramm analog zum DELTA-Programm in den Niederlanden intensiv als Donoren genutzt.

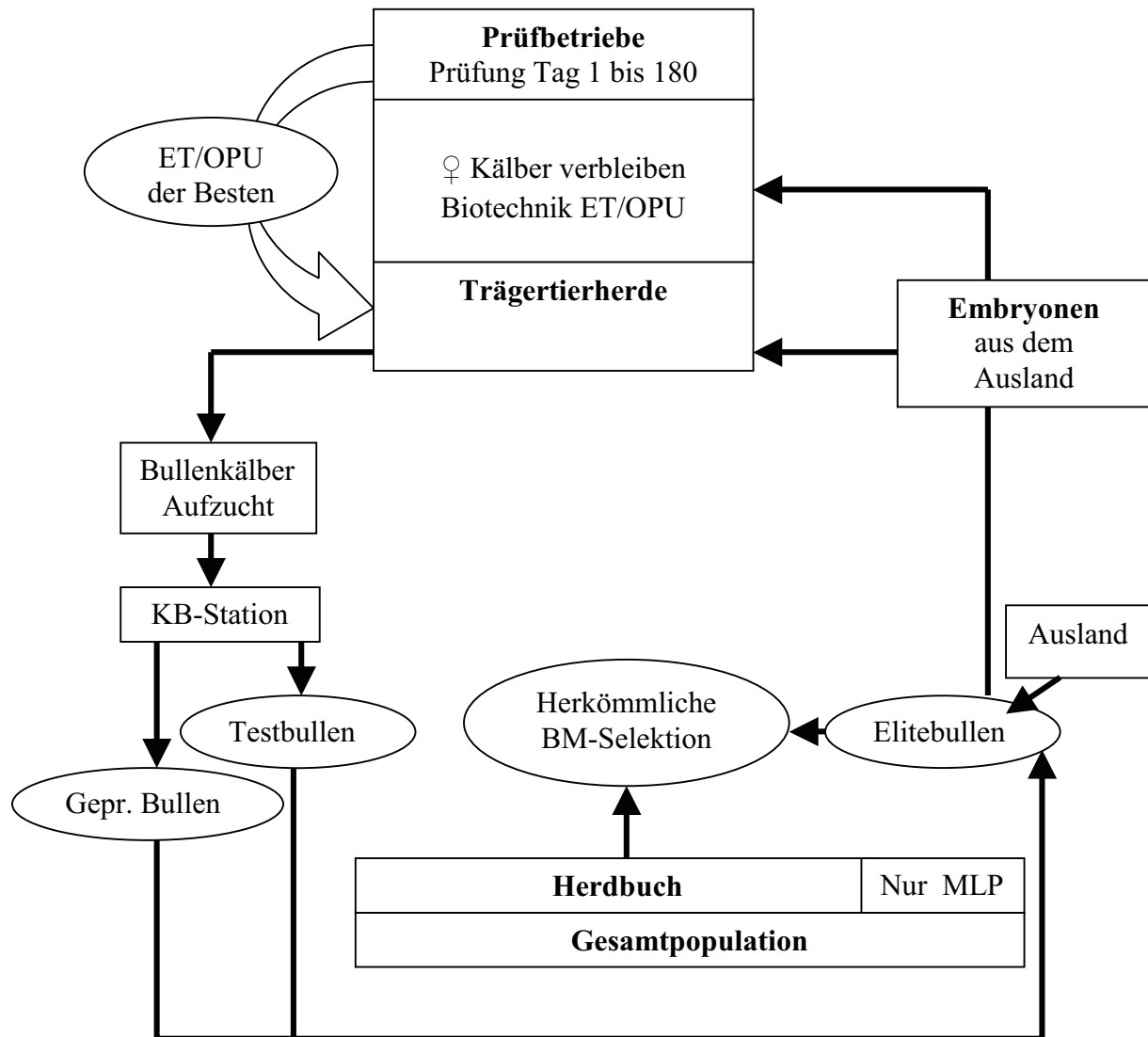


Abbildung 21: Schema eines Zuchtprogramms mit zentraler Bullenmütterprüfung und effizienter Nutzung der Embryonenimporte

Im Schema des Zuchtprogramms werden die in den bisherigen Auswertungen gewonnen Erkenntnisse integriert. Zum einen ist dies die starke Einbeziehung von genetisch hochwertigen Zuchtprodukten aus dem Ausland (siehe Ländervergleich, Kapitel 3.3.2) in Form von Embryonen, zum anderen der Test in vertraglich gebundenen Herden in der ersten

Laktation von Tag 1 bis Tag 180 (siehe Kapitel 3.5.2.1.2 und Kapitel 3.5.2.2.2). Zusätzlich gilt es, die Möglichkeiten der markergestützten Selektion (Kapitel 2.5) mit einzubeziehen. Anhand dieser wissenschaftlichen Erkenntnisse, Aufzeichnungen bisheriger Kosten- und Erlöspositionen sowie Daten zur Erfolgskontrolle wurde für drei konkrete Alternativen eine ökonomische Betrachtung vorgenommen und der organisatorische Ablauf skizziert, wobei das in *Abbildung 21* dargestellte Grundgerüst für alle Alternativen gilt. In konkreten Zahlen ausgedrückt bedeutet dies, dass 100 Testbullen eine testherdengepüfte Mutter haben sollen. Durch Anwendung von ET bzw. OPU / IVP wird mit durchschnittlich 2 Testbullen je Bullenmutter kalkuliert. Somit sind nach der Prüfung in Testherden 50 Bullenmütter zu selektieren. Um eine Remontierungsrate auf der zweiten Selektionsstufe von unter 20% zu erzielen, müssen mindestens 250 Bullenmütter pro Jahr den Test absolvieren.

Bei den ökonomischen Betrachtungen gilt es nicht, längerfristige Auswirkungen, z.B. in Form des Nettoselektionserfolges zu beurteilen, sondern ganz konkret zu berechnen, welche Kosten und Erlöse die Zuchtorganisation mit Beginn des Programms zu erwarten hat. Dabei sind zwei Phasen zu unterscheiden. Phase I ist die Startphase, d.h. zu diesem Zeitpunkt können noch nicht die Nachkommen des eigenen Nukleus als potenzielle Bullenmütter genutzt werden. In Phase II dagegen ist der Embryonenimport aus dem Ausland zu reduzieren, da von nun an nach obigem Schema die weiblichen Nachkommen der 50 besten Testfärsen die nächste Bullenmüttergeneration komplettieren.

3.5.2.3.2 Ergebnisse

Alternative I

In Alternative I ist ausschließlich die Zuchtorganisation der Träger des Nukleuszuchtprogramms, da die aus dem Ausland erworbenen Embryonen und deren weibliche und männliche Nachkommen im Besitz des Verbandes bleiben.

Zielgröße sind 250 Jungrinder, die den Test in Vertragsherden absolvieren und zuvor erfolgreich auf Biotechnikmaßnahmen (ET und OPU/IVF) reagiert haben müssen. Nach bisherigen Erfahrungen ist bei ca. 15 bis 20% der Jungrinder die Superovulation nicht möglich. Deshalb sollen 300 Jungrinder für ET und OPU/IVF ab einem Alter von 12 Monaten zur Verfügung stehen. Verluste ab der erfolgreichen Übertragung der Embryonen, sprich Trächtigkeit, beziehen sich auf Aborte während der Trächtigkeit, Totgeburten sowie

verendete Tiere während der Aufzuchtphase bis zum Alter von 12 Monaten und liegen in der Größenordnung von 15%. Unter Berücksichtigung dieser Verluste sind 350 Trächtigkeiten mit weiblichen Embryonen anzustreben. Eine Trächtigkeitsrate von 50% und ein Geschlechterverhältnis von 50% weiblichen Tieren und 50% männlichen zwingen in Phase I zum Kauf von insgesamt 1400 Embryonen.

Der chronologisch-organisatorische Ablauf für Alternative I in Phase I mit sämtlichen Kosten- und Erlöspositionen ist in *Tabelle 44* aufgeführt.

Für den Kauf der 1400 Embryonen ist mit einem Durchschnittspreis von 1500 DM / Embryo zu kalkulieren, was zu einer Gesamtsumme von 2,1 Mio. DM führt. Diese Embryonen sind in geeignete Trägartiere landwirtschaftlicher Betriebe zu übertragen. Da die anfallenden Kälber im Besitz der Zuchtorganisation bleiben, ist der Betriebsleiter angemessen zu entschädigen. Nach bisherigen Erfahrungen sind für diesen Kostenpunkt, umgerechnet auf die Trächtigkeit, 1000 DM je Trächtigkeit aufzubringen. 10% Aborte und Kalbeverluste führen zu 630 lebensfähigen Kälbern, die alle auf in Verbindung mit QTLs zu bringende genetische Marker zu typisieren sind. Gegenwärtig betragen die Typisierungskosten 75 DM / Einzeltier. Allerdings wäre es nicht unbedingt notwendig, zu diesem Zeitpunkt alle Kälber zu typisieren, da das Bottom Up- als auch das Top Down-Design nur für Bullen mit erstem hohem Zuchtwert bzw. auf dem Bullenmütterpfad relevant wäre. Dennoch könnten diese Typisierungsergebnisse mit Blick auf die Zukunft und den Aufbau der gametischen Verwandtschaftsmatrix genutzt werden.

Die Kosten der Aufzuchtperiode sind differenziert zu betrachten. Bis zum Alter von 3 Monaten ist mit Aufzuchtkosten von 8 DM / Tag zu rechnen, über diesen Zeitpunkt hinaus mit 5 DM / Tag. Die aus den Embryonenimporten anfallenden Bullenkälber müssen auf der Erlösseite des Zuchtverbandes (2500 DM / Bullenkalb) verbucht werden. Ein Großteil dieser männlichen Nachkommen steht für den Testeinsatz zur Verfügung, was zu Einsparungen von anderweitigen Jungbullen führt.

Ab dem Alter von 12 Monaten werden bei den 300 weiblichen Nachkommen ET und OPU/IVP angewendet. Die Durchführung dieser Biotechnikmaßnahmen kostet 1000 DM je Jungrind, wobei auch die 50 nicht auf Biotechnik reagierenden Jungrinder in die Kosten mit einbezogen werden müssen. Von den 250 auf Biotechnik reagierenden Jungrindern sind in Anlehnung an die Erfolgsraten des DELTA-Programms in den Niederlanden 14 für den

Transfer taugliche Embryonen je Jungrind bzw. 7 Trächtigkeiten je Jungrind zu erwarten. Darin integriert sind auch die gewonnen Embryonen durch OPU/IVP während der ersten 4 Trächtigkeitsmonate. Bezogen auf das superovulierte bzw. dem OPU/IVP-Verfahren unterzogenem Jungrind verursachen diese 7 Trächtigkeiten Kosten von 7000 DM (1000 DM / Trächtigkeit). Besamungskosten betragen 100 DM je Jungrind. Die 50 nicht auf Biotechnik reagierenden Jungrinder, hier definiert als sogenannte Nichtspüler, sind für je 1500 DM im Alter von 15 Monaten an Zuchtbetriebe zu verkaufen.

Bis 6 Wochen vor der Kalbung verbleiben die 250 Jungrinder im Aufzuchtbetrieb. Direkt nach der Kalbung im Prüfbetrieb schließt die 180-tägige Testperiode an. Die Kosten während der Prüfung belaufen sich auf 1000 DM je Färse. Hierzu gehören Aufwendungen für Veterinär- und Quarantänemaßnahmen, die Einstellung einer zusätzlichen Arbeitskraft zur Betreuung der Kühe und zur Koordination des gesamten organisatorischen Ablaufs sowie eventuell weitere Kompensationszahlungen für den Prüfbetrieb. Der Prüfbetrieb verfügt zusätzlich über die Einnahmen aus dem Milchgeld. Nach Beendigung der Prüfung sind die Selektionsentscheidungen über die Bullenmütter zu treffen. 150 der 200 Kühe, die nicht als Bullenmütter in Frage kommen, werden an Zuchtbetriebe verkauft (2500 DM / Färse), die übrigen 50 Färsen zum Schlachten (1000 DM / Färse).

Von jeder der 250 Testfärsen liegen 8 Nachkommen vor, 7 durch Fremdaustragung, ein Nachkomme durch die eigene Trächtigkeit. Die 4 weiblichen Nachkommen der nicht als Bullenmutter selektierten Färsen (Nsel) werden bis zum Alter von 10 Monaten aufgezogen und auf einer Elite- oder Sonderauktion zum Verkauf angeboten (2000 DM / Jungrind). Für die männlichen Nachkommen bleibt nur der Verkauf zur Mast im Alter des Bullenkalbes von 14 Tagen (200 DM / BK).

Sind Vollbrüder unter den Nachkommen der 50 selektierten Bullenmütter, dann wäre die Konstellation des Markergenotyps ein adäquates Auswahlkriterium. Von den insgesamt 200 männlichen Nachkommen sind nämlich nur 100 für den Testeinsatz vorgesehen, während die übrigen 100 im Alter von 14 Tagen zur Mast verkauft werden.

Durch weitere intensive Anwendung von ET und OPU/IVP nach der Prüfung soll es gelingen, im Durchschnitt von jeder der 50 Bullenmütter 20 Embryonen zu gewinnen, die für 1500 DM je Embryo verkauft werden können. Für die Donoren bleibt anschließend nur die Schlachtung.

Tabelle 44: Kosten- Nutzen- Rechnung für Phase I von Alternative I eines modifizierten MOET-Nukleuszuchtprogramms

Alter ¹⁾ des Tieres	Aktion	Tiere-Anzahl		Kosten		Erlöse	
		weibl.	männl.	Stück	Gesamt	Stück	Gesamt
	Embryonenzukauf	700	700	1500	2100000		
	Embryonenträchtigkeit	350	350	1000	700000		
1	Geburt der Kälber	315	315				
1-3	Typisierung	315	315	75	47250		
1-3	Aufzucht bis 3 Monate	315	315	720	453600		
3	Verkauf BK		300			2500	750000
3-12	Aufzucht bis 12 Monate	300		1405	421500		
12-15	ET/OPU	300		1000	300000		
12-15	Embryonenträchtigkeit	250		7000	1750000		
15	Verkauf Nichtspüler	50				1500	75000
12-15	Aufzucht Nichtspüler	50		450	22500		
15	Besamung	250		100	25000		
12-27	Aufzucht	250		2250	562500		
27-33	Station	250		1000	250000		
1-3	Aufzucht wbl. NK der Nsel	800		672	537600		
3-10	Aufzucht wbl. NK der Nsel	800		1050	840000		
10	Verkauf wbl. NK der Nsel	800				2000	1600000
1	Typisierung ml. NK d. BM		200	75	15000		
14 T.	Aufzucht ml. NK der Nsel		900	112	100800		
14 T.	Verk. ml. NK d. Nsel Mast		900			200	180000
33	Verkauf n. Prüfung Zucht	150				2500	375000
33	Verkauf n. Prüf. Schlachten	50				1000	50000
33-40	ET/OPU n. Stationstest	50		1000	50000		
33-40	Embr.-verkauf 20/Donor	50				30000	1500000
40	Verkauf n. ET Schlachten	50				700	35000
					8175750		4565000

¹⁾ Alter in Monaten, T = Alter in Tagen

In Phase II (Tabelle 45) reduziert sich der Embryonenimport aus dem Ausland. 200 weibliche Nachkommen aus 50 positiv geprüften Bullenmüttern verbleiben im Nukleus. Zielgröße sind wieder 300 Jungrinder, die für Biotechnikmaßnahmen zur Verfügung stehen müssen. Ausgehend von 100 zusätzlichen Jungrindern aus Embryonenimporten sind unter Berücksichtigung von Aufzucht- und Kalbeverlusten, Geschlechterverhältnis sowie Trächtigkeitsrate

500 Embryonen aus dem Ausland zu importieren. Zu typisieren sind zusätzlich zu den 110 weiblichen Nachkommen aus Embryonenimporten noch die 200 weiblichen Nachkommen der 50 selektierten Bullenmütter. Die 100 Testbullen von diesen Bullenmüttern werden ab der Position ‚Aufzucht bis 3 Monate‘ in der Kalkulation von Phase II berücksichtigt. Ansonsten verläuft Phase II analog zu Phase I.

Table 45: Kosten-Nutzen-Rechnung für Phase II von Alternative I eines modifizierten MOET-Nukleuszuchtprogramms

Alter ¹⁾ des Tieres	Aktion	Tiere-Anzahl		Kosten		Erlöse	
		weibl.	männl.	Stück	Gesamt	Stück	Gesamt
	Embryonenzukauf	250	250	1500	750000		
	Embryonenträchtigkeit	125	125	1000	250000		
1	Geburt der Kälber	110	110				
1-3	Typisierung	310	110	75	31500		
1-3	Aufzucht bis 3 Monate	310	210	720	374400		
3	Verkauf BK		200			2500	500000
3-12	Aufzucht bis 12 Monate	300		1405	421500		
12-15	ET/OPU	300		1000	300000		
12-15	Embryonenträchtigkeit	250		7000	1750000		
15	Verkauf Nichtspüler	50				1500	75000
12-15	Aufzucht Nichtspüler	50		450	22500		
15	Besamung	250		100	25000		
12-27	Aufzucht	250		2250	562500		
27-33	Station	250		1000	250000		
1-3	Aufzucht wbl. NK der Nsel	800		672	537600		
3-10	Aufzucht wbl. NK der Nsel	800		1050	840000		
10	Verkauf wbl. NK der Nsel	800				2000	1600000
1	Typisierung ml. NK d. BM		200	75	15000		
14 T.	Aufzucht ml. NK der Nsel		900	112	100800		
14 T.	Verk. ml. NK d. Nsel Mast		900			200	180000
33	Verkauf n. Prüfung Zucht	150				2500	375000
33	Verkauf n. Prüf. Schlachten	50				1000	50000
33-40	ET/OPU n. Stationstest	50		1000	50000		
33-40	Embr.-verkauf 20/Donor	50				30000	1500000
40	Verkauf n. ET Schlachten	50				700	35000
					6280300		4315000

¹⁾ Alter in Monaten, T = Alter in Tagen

Dadurch, dass in Phase II der Nukleusgedanke aufgegriffen wird und somit weniger Embryonenimporte aus dem Ausland notwendig sind, überwiegen die jährlichen Kosten die jährlichen Erlöse nicht mehr mit 3,61 Mio. DM (Phase I), sondern ‚nur‘ noch mit 1,97 Mio. DM.

Alternative II

Wegen der hohen Kosten für die Embryonenaustragung (1000 DM / Trächtigkeit) wird nur bei den besten 50 Färsen nach der Prüfung ET und OPU/IVP angewendet. Die Kalkulationen zum Zuchtfortschritt zu dieser Alternative sind in Kapitel 3.5.2.1.2, Variante 4, nachzulesen.

Table 46: Kosten-Nutzen-Rechnung für Phase I von Alternative II eines modifizierten MOET-Nukleuszuchtprogramms

Alter ¹⁾ des Tieres	Aktion	Tiere-Anzahl		Kosten		Erlöse	
		weibl.	männl.	Stück	Gesamt	Stück	Gesamt
	Embryonenzukauf	580	580	1500	1740000		
	Embryonenaustragung	290	290	1000	580000		
1	Geburt der Kälber	260	260				
1-3	Typisierung	260	260	75	39000		
1-3	Aufzucht bis 3 Monate	260	260	720	374400		
3	Verkauf BK		250			2500	625000
15	Besamung	250		100	25000		
3-27	Aufzucht bis Abkalbung	250		3600	900000		
27-33	Kosten der Stationsprüfung	250		1000	250000		
33	Verkauf n. Prüfung Zucht	150				2500	375000
33	Verkauf n. Prf. Schlachten	50				1000	50000
1-3	Aufzucht wbl NK der Nsel	100		720	72000		
3-10	Aufzucht wbl NK der Nsel	100		1050	105000		
10	Verkauf wbl Nk der Nsel	100				2000	200000
14 T.	Aufzucht ml NK der Nsel		100	112	11200		
14 T.	Verk. ml NK der Nsel		100			200	20000
33-40	ET/OPU n. Stationstest	50		1000	50000		
40	Embr.-verkauf 12/Donor	50				18000	900000
33-40	Trächtigkeiten (4/Donor)	50		4000	200000		
40	Verkauf n. ET Schlacht.	50				700	35000
	gesamt				4346600		2225000

¹⁾ Alter in Monaten, T = Alter in Tagen

In Phase I von Alternative I mussten 300 Jungrinder für Biotechnikmaßnahmen zur Verfügung stehen. Dieser ungewollte Selektionsschritt der nicht auf die hormonellen Behandlungen ansprechenden Jungrinder bleibt in Alternative II außen vor. Es ist natürlich möglich, dass ein Teil der 50 besten Testfärsen nicht auf Biotechnikmaßnahmen anspricht. Ist dies der Fall, so ist auf Färsen mit etwas schlechterem Testergebnis auszuweichen oder von anderen Top-50-Färsen mehr als die ursprünglich beabsichtigte Zahl an Embryonen für das eigene Zuchtprogramm zu nutzen. Somit ist in Phase I ausgehend von 250 Jungrindern unter Berücksichtigung sämtlicher Verluste die Zahl der zu kaufenden Embryonen aus dem Ausland zu kalkulieren (1160 Embryonen). Die einzelnen Schritte der Kosten-Nutzen-Rechnung für Phase I in Alternative II sind in *Tabelle 46* aufgeführt, wobei die Kommentierung auf die Besonderheiten gegenüber Alternative I beschränkt sein soll.

Als ‚Abfallprodukte‘, also männliche und weibliche Nachkommen der nichtselektierten Testfärsen (Nsel), fallen nur die Nachkommen aus der eigenen Trächtigkeit dieser Färsen an (100 männliche, 100 weibliche). Die Vermarktung dieser Tiere ist analog zu Alternative I.

Von den 50 Donoren werden nach der Prüfung im Durchschnitt je 20 Embryonen gewonnen. 25 männliche Nachkommen als potenzielle Testbullen stehen aus der eigenen Trächtigkeit der Donoren zur Verfügung. Da wieder 100 Testbullen mit testherdengepürfter Mutter angestrebt werden, sind 75 durch Anwendung von ET und OPU/IVP zu gewinnen. D.h. von den insgesamt 20 Embryonen je Donor sind 8 Embryonen (4 Trächtigkeiten) auf Kosten des Verbandes zu übertragen. Die übrigen 12 Embryonen je Donor kann der Verband an die Züchter verkaufen. In Folge dessen stehen dann allerdings nur 100 Jungrinder aus testherdengepürften Bullenmüttern für Phase II zur Verfügung. Es könnten durchaus höhere Anteile der 20 Embryonen für das Zuchtprogramm genutzt werden. Wenn aber gleich hohe Verkaufserlöse bzw. Kaufpreise für die Embryonen unterstellt werden, macht dies für die Kosten-Nutzen-Rechnung keinen Unterschied. Unter dieser Konstellation ergeben sich für Phase II in Alternative II jährliche Kosten von insgesamt 3,39 Mio. DM und jährliche Erlöse von 2,17 Mio. DM.

Alternative III

In Alternative III importiert der Verband in Phase I zur Reduktion der Kosten nur noch 500 Embryonen pro Jahr und bietet diese Embryonen vertraglich gebundenen Aufzuchtbetrieben unentgeltlich an. Innerhalb eines festgelegten Zeitraumes hat der Aufzuchtbetrieb auf eigene

Kosten für die Übertragung der Embryonen zu sorgen. Fallen männliche Nachkommen an, so sind diese für den Testeinsatz vorgesehen und bleiben im Besitz des Verbandes.

Die Aufzuchtkosten der weiblichen Nachkommen hat der Aufzuchtbetrieb zu übernehmen. Er verpflichtet sich, alle gewünschten biotechnischen Maßnahmen ab einem Alter der Jungrinde von ca. 12 Monaten durchführen zu lassen. Die Kosten für ET und OPU/IVF- Anwendungen trägt der Zuchtverband.

Um die Zahl von 250 Testfärsen zu vervollständigen, haben Züchter des eigenen Zuchtgebietes die Möglichkeit, eigene, genetisch wertvolle Färsen, in das 180-tägige Testprogramm zu integrieren. Voraussetzung hierfür ist die erfolgreiche Anwendung von ET und OPU/IVF. Bis zum 4. Trächtigkeitsmonat werden 10 Embryonen je Jungrind angestrebt. Hat der Aufzuchtbetrieb nicht die Möglichkeit, alle Embryonen seiner Jungrinder in eigene Trägartiere zu übertragen, so sind die überzähligen Embryonen an andere Aufzuchtbetriebe zu verteilen.

Der 180-Tage-Test ab Tag 1 nach der Kalbung mit vorangegangener Eingewöhnungszeit von ca. 6 Wochen sollte auf möglichst wenig Testbetriebe konzentriert werden, um vergleichbare Umweltbedingungen zu schaffen. Dabei ist es u.U. möglich, dass Aufzuchtbetrieb und Testbetrieb die gleichen Betriebe sind. Aus den 250 Prüfkühen sind wiederum die 50 besten als Bullenmütter zu selektieren. Sie werden weiterhin als Donoren genutzt, um analog zu Alternative I und Alternative II insgesamt 200 weibliche Nachkommen sicher zu stellen.

Die 200 Prüfkühe, die nicht als Bullenmütter in Frage kommen, gehen ebenso wie die Donoren nach Beendigung der intensiven Biotechnikmaßnahmen in die ursprünglichen Aufzuchtbetriebe zurück.

200 weibliche Nachkommen von 50 selektierten Bullenmüttern stehen für die Prüfung in Phase II zur Verfügung. Insgesamt werden 300 Jungrinder für das Zuchtprogramm benötigt. Diese zusätzliche Anzahl von 100 Jungrindern wird genau dann realisiert, wenn der jährliche Import von 500 Embryonen beibehalten wird.

Die genauen Schritte mit den einzelnen Kosten- und Erlöspositionen für die Phasen I und II sind in *Tabelle 47* nachzuvollziehen. Dabei reduziert sich die Differenz aus Kosten minus Erlösen gegenüber den vorangegangenen Varianten auf unter 1 Mio. DM. Dieses Programm

soll nicht auf die vorgestellte Lösung fixiert sein, sondern es ist auch darüber nachzudenken, nicht nur in Phase I mit Jungrindern aus dem eigenen Zuchtgebiet zu arbeiten. Ansonsten könnte es zu Akzeptanzproblemen seitens der Züchter kommen.

Tabelle 47: Kosten-Nutzen-Rechnung für Phase I und Phase II von Alternative III eines modifizierten MOET-Nukleuszuchtprogramms

PHASE I							
Alter d. Tieres	Aktion	Tiere-Anzahl		Kosten		Erlöse	
		weibl.	männl.	Stück	Gesamt	Stück	Gesamt
	Embryonenzukauf	250	250	1500	750000		
	Embryonenverteilung an Betriebe	250	250				
	Embryonenaustragung	125	125				
1	Geburt der Kälber	110	110				
1-3	Typisierung ¹⁾	310	110	75	31500		
3	Verkauf BK		100			2500	250000
12-15	ET/OPU	300		1000	300000		
15	Besamung	250		100	25000		
27-33	Station	250		1000	250000		
33-40	ET/OPU nach Stationstest	50		1000	50000		
					1406500		250000
PHASE II							
		weibl.	männl.	Stück	Gesamt	Stück	Gesamt
	Embryonenzukauf	250	250	1500	750000		
	Embryonenverteilung an Betriebe	250	250				
	Embryonenaustragung	125	125				
1	Geburt der Kälber	110	110				
1-3	Typisierung ²⁾	310	310	75	46500		
3	Verkauf BK		200			2500	500000
12-15	ET/OPU	300		1000	300000		
15	Besamung	250		100	25000		
27-33	Station	250		1000	250000		
33-40	ET/OPU nach Stationstest	50		1000	50000		
					1421500		500000

¹⁾ Typisierung incl. 200 weiblicher Jungrinder von heimischen Züchtern

²⁾ Typisierung incl. der 200 weiblichen und männlichen Nachkommen der 50 Bullenmütter aus Phase I; auf die Integration von Jungrindern heimischer Züchter wird in Phase II verzichtet.

3.5.2.4 Schlussfolgerungen zur zentralen Prüfung von Bullenmüttern

Testkapazität

Wenn 50 Bullenmütter nach dem Test selektiert werden sollen, ist eine Testkapazität, die jährlich für mindestens 250 Kühe ausgelegt ist, anzustreben. Ab einer jährlichen Testkapazität für Bullenmütter von 250 Plätzen ist nur noch ein geringer Zuwachs an genetischem Fortschritt zu erzielen. Dies gilt sowohl für die Prüfung in der ersten als auch in der zweiten Laktation. Die Remontierungsrate sollte generell nach dem Test unter 20% liegen. NIERMANN (1992) ermittelt für das ET/DT-Programm der OHG eine Remontierungsrate nach der Stationsprüfung von 35%.

Eine Prüfung in der zweiten Laktation ist nur bei geringer Testkapazität konkurrenzfähig. Können nur 100 Bullenmütter pro Jahr getestet werden, muss jede zweite Kuh nach dem Test Bullenmutter werden; die Selektionsquote beträgt 50%. Für diesen Fall macht sich der Vorteil der höheren Genauigkeit der geschätzten Zuchtwerte unter Berücksichtigung der Eigenleistung bemerkbar. Erst bei Erhöhung der Testkapazität lässt sich der deutliche Vorteil der Jungrinderprogramme, bedingt durch das kürzere Generationsintervall, erkennen. Durch die höhere Selektionsintensität nach dem Test und somit bessere Selektionsmöglichkeiten kann sich die Auswahl auf die wirklich besten Tiere konzentrieren. Es werden dann solche Tiere konsequent von der Selektion ausgeschlossen, die zwar einen hohen Pedigreeindex haben, aber während der Stationsprüfung aufgrund ihrer Eigenleistung nicht mit den Besten konkurrieren können.

Um den Zuchtfortschritt zu maximieren, ist die intensive Nutzung moderner Biotechniken wie ET und OPU/IVF unumgänglich. Dies zeigt in der vorliegenden Studie der Vergleich von Variante I („Färsentestprogramm der OHG“) mit Variante II („Jungrinderspülprogramm der Nord-Ost-Genetik“). In Variante II ist sichergestellt, dass von den wirklich besten Kühen auch ein Jungbulle zur Verfügung steht, der in den Testeinsatz gehen kann. In einem Zuchtprogramm, das diese intensiven Biotechnikmaßnahmen konsequent anwendet und diese hohen Vermehrungsraten auf der Bullenmutterseite anstrebt, können die Vorteile der markergestützten Selektion stärker zum Zuge kommen. Intensive Nutzung modernster Biotechnik plus markergestützter Selektion führt zu dem größten Zuchtfortschritt, wie MCCLINTOCK (2000) anhand von Modellkalkulationen zeigt. Auch SPELMAN und GARRICK (1998) weisen darauf hin, dass das Potenzial zur Anwendung von MAS nur effizient genutzt

werden kann, wenn die Reproduktionsleistung auf der weiblichen Seite erhöht wird. MOET-Nukleuszuchtprogramme begünstigen die Selektion zwischen Familien, MAS die Selektion innerhalb von Familien.

Testdauer

Es wurde ein Index konstruiert mit mehreren Merkmalen im Index (Eiweiß-kg für einzelne Testtage) und einem Merkmal im Zuchtwert (305-Tage-Eiweiß-kg). Die Grundüberlegung bestand darin, dass der Test beendet werden kann, wenn die Genauigkeit der geschätzten Zuchtwerte das Maximum erreicht. Dies ist, wenn ab Tag 10 sukzessiv Testtage im Abstand von 20 Tagen einbezogen werden, nach einer Prüfperiode von 170 bis 180 Tagen der Fall. Die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung kann auch dann nicht erhöht werden, wenn zusätzliche Testtage zu Beginn der Laktation einbezogen werden. Die Indexgewichte verhalten sich so, dass dann jene Testtage mit der geringsten genetischen Korrelation zur Zielgröße 305-Tage-Eiweiß-kg weniger stark oder u.U. gar negativ gewichtet werden. Die geringsten genetischen Korrelation zur Zielgröße haben die Testtage am Anfang der Laktation (JAMROZIK und SCHAEFFER, 1997). Die Verkürzung der Prüfungsintervalle hat allerdings den Vorteil, dass durch Störgrößen verursachte kurzfristige Leistungsschwankungen, z.B. der Einfluss einer Brunst, eliminiert werden können. JUNGE et al. (1999) favorisieren daher die tägliche Milchmengenmessung.

DODENHOFF (1994) hält aufgrund hoher Korrelationen zur Laktationsleistung einen Kurztest im zweiten Laktationsdrittel für ausreichend. Wenn ein Kurztest im zweiten Laktationsdrittel von 100 Tagen plus 40 Tage Akklimatisation unterstellt wird, könnten 2,5 Durchläufe pro Jahr realisiert werden. Dennoch scheint es sinnvoller, dass die Färsen vor der Kalbung zur besseren Eingewöhnung in die Testbetriebe angeliefert werden und direkt nach der Kalbung mit der Prüfung begonnen wird. Diese Variante wird auch im Programm der Nord-Ost-Genetik (SCHNOOR, 2000) verwirklicht. Bei einer Testdauer von 180 Tagen sind 2 Durchgänge pro Jahr möglich, die Stallkapazität müsste für 125 Plätze konzipiert sein.

Ökonomische und organisatorische Aspekte

Mehrere deutsche Zuchtorganisationen importieren eine Vielzahl an Embryonen (u.a. TopQ: 500 Embryonen pro Jahr), um die männlichen Nachkommen als Testbullen zu nutzen. Die genetisch hochwertigen weiblichen Nachkommen könnten dann stärker ins Zuchtprogramm einbezogen werden, wenn sie einen Großteil der nächsten Bullenmuttergeneration stellen. Um

die in Modellkalkulationen gezeigten Vorteile der Anwendung intensiver Biotechnik zu nutzen, wäre es am sinnvollsten, wenn der Zuchtverband im Besitz der Nachkommen aus den Embryonenimporten bleibt oder durch vertragliche Absicherungen über sie verfügen kann. Des Weiteren besteht die Gefahr, dass insbesondere Nachkommen teurer Embryonenimporte in den Züchterställen sonderbehandelt werden. Die Züchter sind bestrebt, die für den Kauf wertvoller Zuchttiere und deren Superovulation angefallenen Kosten durch den Verkauf von Nachkommen zu kompensieren. EVERETT (1986) untersuchte den Pedigreeindex von ET- und Nicht-ET-Bullen und die eigenen geschätzten Zuchtwerte dieser Bullen. Die ET-Bullen waren im Mittel wesentlich schlechter, als aufgrund des Pedigreeindex zu erwarten gewesen wäre. Sie weisen ein größeres ‚pedigree-slippage‘ auf als Nicht-ET-Bullen.

Um wirklich die genetisch besten Tiere als Bullenmütter herauszufinden, ist die zentrale Prüfung in ein oder wenigen Testherden ein probates Mittel. Ein Stationsneubau nach Osnabrücker Vorbild (NIERMANN, 1992) ist aus Kostengründen abzulehnen. Die Prüfung muss in vertraglich gebundenen Testherden organisiert sein. Wenn die Prüfung vornehmlich für Nachkommen aus Embryonenimporten konzipiert sein soll, so ist die in dieser Arbeit vorgestellte Alternative III die beste Lösung. Der Zuchtverband übernimmt die Kosten für den Kauf der Embryonen, für Biotechnikmaßnahmen und für die Prüfung in Testherden. Der Aufzuchtbetrieb, der die Embryonen kostenlos vom Zuchtverband erhält, muss die männlichen Nachkommen für den Testeinsatz abgeben. Er trägt sämtliche Aufzuchtkosten und verpflichtet sich, die gewünschten Biotechnikmaßnahmen an den weiblichen Tieren und deren Nachkommen durchführen zu lassen. Ferner muss er sich bereit erklären, dass weibliche Tier für den neutralen 180-Tage-Test zur Verfügung zu stellen. Der weitere Vorzug dieses Programms ist darin zu sehen, dass es nicht nur auf Embryonenimporte fixiert ist, sondern heimischen Züchtern die Möglichkeit bietet, ihre besten Jungrinder in die zentrale Prüfung zu integrieren, sofern erfolgreich ET bzw. OPU/IVF durchgeführt wurde.

Alle anderen Alternativen, bei denen der Zuchtverband im Besitz der Embryonen und der daraus resultierenden Nachkommen bleibt, sind aufgrund der hohen Kosten und des Ausschlusses der eigenen Mitglieder von der eigentlichen Zuchtarbeit in der Praxis schwer zu verwirklichen.

4 Zusammenfassende Diskussion zur Ausrichtung zukünftiger Zuchtprogramme

Die gegenwärtige, vor allem aber die zukünftige Lage der Rinderzuchtorganisationen wird insbesondere durch die wirtschaftlichen Rahmenbedingungen und durch die Stellung der Landwirtschaft in der Gesellschaft geprägt. Mindernde Erlössituationen durch Rückgang der Erstbesamungszahlen sowie weiter steigende Preise für Produktionsmittel werden die wirtschaftlichen Zwänge für die Zuchtorganisationen erhöhen (POTT, 1999). Um auch in Zukunft weiterhin konkurrenzfähig, insbesondere gegenüber ausländischen Anbietern wirtschaften zu können, sehen POTT (1999) und LEISEN (1999) Zusammenschlüsse auf nationaler Ebene als die logische Konsequenz.

Möglichkeiten zur Effizienzsteigerung eines Zuchtprogramms ergeben sich durch Nutzung neuester Erkenntnisse aus Molekulargenetik und Biotechnik. Im Sinne der praktischen Anwendung der markergestützten Selektion durch das Top-Down oder Bottom-Up-Verfahren (MACKINNON und GEORGE, 1998) zur Vorselektion von Testbullen muss die Vermehrungsrate potenzieller Bullenmütter erhöht werden (SPELMAN und GARRICK, 1998). Hierbei ist die OPU/IVP-Anwendung eine ideale Ergänzung zum nun schon seit 20 Jahren praktizierten ET-Verfahren mit vorangegangener hormonell stimulierter Superovulation. Gegenwärtig laufen auf internationaler Ebene eine Vielzahl an Projekten, um QTL's, welche die Effizienz der tierischen Produktion beeinflussen, in den verschiedenen Rinderpopulationen genetisch zu kartieren. Eine Zusammenstellung für mehrfach in HF-Populationen nachgewiesene QTL für Milchleistungsmerkmale hat SCHWERIN (1999) vorgenommen. Die in der Vielzahl der Kartierungsansätze gewonnenen Ergebnisse weisen aber auch auf Probleme hin, die vor einer breiten Anwendung genetischer Marker in der praktischen Tierzucht gelöst werden müssen (SCHWERIN und KÜHN, 1999). Hierzu gehören mögliche Rekombinationen von Marker und QTL sowie die in vielen bisherigen QTL-Kartierungsansätzen nur sehr ungenau bestimmten QTL-Positionen. Die Selektion auf einen effizienten Marker wird dazu führen, dass seine genetische Variabilität in der Zielpopulation schnell erschöpft wird.

Auch im Bereich der eher ‚klassischen Zuchtwertschätzung‘ und ihrer Auswirkung auf das gesamte Zuchtprogramm gilt es, das Optimum zu realisieren. Hierzu wurden in der vorliegenden Arbeit ausführliche Analysen durchgeführt, da nach POTT (1999) wesentlicher Forschungsbedarf aus Sicht der deutschen Zuchtorganisationen hinsichtlich der Zucht-

wertschätzung auf Milchleistung besteht. Verzerrungen in der Zuchtwertschätzung von Bullen und Kühen und, daraus resultierend, ein suboptimaler genetischer Fortschritt, sind zu erwarten, wenn in Modellen zur Zuchtwertschätzung fälschlicherweise eine homogene Varianzstruktur unterstellt wird (u.a. HILL, 1984; VINSON, 1987; GARRICK und VAN VLECK, 1987; BOLDMAN und FREEMAN, 1990; DODENHOFF und SWALVE, 1998; IBANEZ et al., 1999). Insbesondere innerhalb Deutschlands ist es dringend notwendig, eine Untersuchung der Varianzstrukturen vorzunehmen. Unterschiedliche Produktionsbedingungen in den Alten und Neuen Bundesländern lassen heterogene Varianzverhältnisse vermuten.

Ziel eines Teilprojektes in der vorliegenden Arbeit war daher die Durchführung von Varianzkomponentenschätzungen für Merkmale der Milchleistung an Erstlaktationsdaten für Milchrinder der Rasse Holstein-Schwarzbunt aus sechs Zuchtverbandsgebieten in Deutschland. Dabei handelt es sich um vier Zuchtverbände aus den Alten und zwei Zuchtverbände aus den Neuen Bundesländern. Die Ergebnisse sollten es dabei ermöglichen, genauere Kenntnisse über eine etwaige Heterogenität der Varianzverhältnisse zwischen Teilmaterialien des Gesamtmaterials zu erlangen. Die Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzung mit einem Laktationsmodell zeigen deutlich erhöhte Restvarianzen in den Zuchtverbandsgebieten der Neuen Bundesländer. Bei gleichen additiv-genetischen Varianzen führt dies zu Heritabilitäten in diesen beiden Regionen, die gegenüber den Gebieten aus den Alten Bundesländern um ca. 25% reduziert sind. Die Ursachen für die deutlichen Unterschiede hinsichtlich der geschätzten Restvarianzen zwischen ABL und NBL sind vermutlich vornehmlich im differentialeren Management der Großbetriebe der NBL begründet. Es sollte versucht werden, grundsätzlich innerhalb Herde die existierenden Einteilungen der Kühe in Managementgruppen in der Zuchtwertschätzung mit zu verwenden. Durch Weitermeldung des dreimaligen Melkens an das VIT (DOPP und REINHARDT, 2000) wird nur für einen Teil der Herden die Zugehörigkeit der Kuh zu ihrer Managementgruppe erfasst.

DIETL (2001, unveröffentlicht) berechnet mit einem vereinfachten Modell mit Indexkalkulationen zur Zuchtwertschätzung und ohne Berücksichtigung der Verwandtschaftsmatrix von Bullen die Wahrscheinlichkeit für Verbände, unter bestimmten Parameterkonstellationen eigene Bullen in Toplisten zu placieren. Er zeigt, dass Verbände in der Zuchtwertschätzung ihrer Bullen Vorteile haben, wenn die in diesen Verbänden tatsächlich vorliegende Heritabilität größer als die in der offiziellen Zuchtwertschätzung verwendete ist. VAN VLECK (1987) betrachtet die Milchleistung in zwei Regionen als zwei Merkmale, die mit $r = 1$

korreliert sind. Die Heritabilität in Region 1 beträgt 0,18, in Region 2 0,30. Der genetische Fortschritt in der Gesamtpopulation wird maximiert, wenn alle Töchter eines Bullen ihre Leistung in der Region mit der größten Heritabilität erbringen, ungeachtet der Restvarianzen. Stratifiziert man das vorliegende Datenmaterial innerhalb OST-1 nach der Herdengröße, so steigen die additiv-genetischen Varianzen und somit die Heritabilitäten mit dieser Stratifizierung stärker an als die Restvarianzen. SWALVE et al. (2001) ermitteln auch höhere Heritabilitäten, wenn sie in ihrer Auswertung nur noch große Herden aus Verbänden der Alten Bundesländer berücksichtigen. In den größeren Betrieben, in denen die Kühe unter modernen Haltungsbedingungen Leistungen erbringen und neueste Erkenntnisse zur Fütterungs- und Melktechnik verwirklicht werden können, treten die genetischen Unterschiede wesentlich deutlicher hervor. Den Zuchtverbänden, insbesondere in den Alten Bundesländern, ist daher zu raten, in Zukunft den Testeinsatz von Jungbullen in vertraglich organisierten Testherden durchzuführen. Schlechte Haltungsbedingungen und Fütterungsfehler in vielen Kleinbetrieben, insbesondere in den weniger traditionellen Milchviehstandorten der Mittelgebirgslagen, die schon in der Jungrinderaufzucht beginnen, sind die wahrscheinlichste Ursache dafür, dass die genetischen Unterschiede nicht deutlich zum Vorschein kommen. Dies äußert sich in einer geringeren Varianz der Bullenzuchtwerte in diesen Gebieten. Angesichts gefährdeter öffentlicher Mittel für die Milchleistungsprüfung (PAUW, 1999) können Testherden mit einer möglichst umfassenden Erhebung von Leistungsdaten und zusätzlichen Daten für die Sekundärmerkmale eine echte Alternative darstellen (JUNGE et al., 1999). Testherden ermöglichen zusätzlich eine effektive Anwendung des Bottom-up-Verfahrens bei der Vorselektion von Testbullen (SWALVE et al., 2000). Als weiterer Vorteil des Testeinsatzes in großen Herden ist die größere Anzahl der Vergleichstiere zu nennen.

Gemäß theoretischer Arbeiten sollte bei Vorliegen von Heterogenität im Datenmaterial zur Zuchtwertschätzung idealerweise diese dadurch berücksichtigt werden, dass für die distinkten Subgruppen unterschiedliche Varianzkomponenten direkt in die BLUP-ZWS eingesetzt werden. Im Programmpaket PEST zur Zuchtwertschätzung ist es relativ einfach, mittels Option die für die einzelnen Verbandsgebiete geltenden korrekten Restvarianzen in das BLUP-Gleichungssystem einzusetzen. Allerdings zeigen die durchgeführten Zuchtwertschätzungen mit einheitlicher Varianzstruktur bzw. mit den korrekten Restvarianzen keine größeren Änderungen bei der Betrachtung von Toplisten für Bullen; insbesondere dann, wenn in derartigen Analysen nur Bullen mit höheren Töchterzahlen berücksichtigt werden.

Wenn man σ^2_E als heterogen erachtet, und dieser Parameter differenziert nach Regionen in die Zuchtwertschätzung integriert wird, ist zu erwarten, dass hinsichtlich des Testens von Bullen für eine Region mit hoher Reststreuung Nachteile in der Genauigkeit der Zuchtwertschätzung bei gleicher Töchterzahl, verglichen mit einer anderen Region, bestehen.

Aufgrund der teilweise völlig verschiedenen Betriebsstrukturen liegt die Vermutung etwaiger Genotyp-Umwelt-Interaktion beim Vergleich von Großanlagen in den Neuen Bundesländern mit Familienbetrieben in den Alten Bundesländern nahe. Allerdings nähert sich die genetische Korrelation im Merkmal Eiweiß-kg erst einem Wert von 0.80 an, wenn innerhalb des Verbandes OST-1 nur Herdenkalbejahre mit mindestens 150 Färsen berücksichtigt werden. Nach ROBERTSON (1960) ist eine genetische Korrelation von kleiner 0.80 als Indikator einer Genotyp-Umwelt-Interaktion von essentieller biologischer und wirtschaftlicher Bedeutung anzusehen. Derartig niedrige genetische Korrelationen werden nur dann ermittelt, wenn COSTA et al. (1998), CIENFUEGAS-RIVAS et al. (1999) sowie COSTA et al. (2000) in ihren Rechenläufen das Merkmal Milch-kg des gesamten USA-Datenmaterials als Merkmal A und in brasilianischen bzw. mexikanischen Herden mit geringerer Standardabweichung innerhalb Herdenkalbejahr als Merkmal B definieren. Aufgrund der am vorliegenden Datenmaterial ermittelten genetischen Korrelationen ist es nicht zwingend erforderlich, in der deutschen Zuchtwertschätzung mittels eines Mehrmerkmalsansatzes zwischen Alten und Neuen Bundesländern zu differenzieren.

In der internationalen Zuchtwertschätzung dagegen wird die Überlegung von FALCONER (1952) aufgegriffen, nämlich Leistungsausprägungen in verschiedenen Umwelten, in diesem konkreten Fall in verschiedenen Ländern, als verschiedene Merkmale zu definieren. An der MACE-Zuchtwertschätzung für Produktionsmerkmale von August 2001 nahmen 27 Länder teil. Die genetischen Korrelationen im Merkmal Eiweiß-kg liegen deutlich über 0.80. Eine Ausnahme bilden lediglich Australien und Neuseeland mit ihrem doch deutlich vom europäischen oder nordamerikanischen abweichenden Produktionssystem. Die höchsten genetischen Korrelationen betragen 0.95 zwischen Kanada und den USA sowie zwischen Dänemark und Großbritannien (<http://www.interbull.org>). Wenn in Zukunft weitere Länder an der MACE-Zuchtwertschätzung teilnehmen, nimmt die Kovarianzmatrix noch größere Dimensionen an. Schon jetzt sind die Gewichtungen für die Töchterinformation von Bullen aus mehreren Ländern in der MACE-ZWS für die Basis eines jeden Landes seitens der Züchter und Zuchtorganisationen nicht immer nachzuvollziehen, es kommt für sie ,zu

unerklärlichen negativen Gewichtungen'. Dies ist ein altbekanntes Problem, wenn mit relativ vielen Merkmalen gleichzeitig gearbeitet wird; ein statistisch korrektes, aber in der Praxis schwierig nachvollziehbares Phänomen. In Anlehnung an die Methodik von VAN DER BEEK (1999) am Beispiel des deutschen Bullen *Belt* mit seinen aktuellen Töchterzahlen sowie eines universellen Bullen mit je 50 Töchtern in allen in der MACE-ZWS teilnehmenden Ländern wurde diese Problematik verdeutlicht. Den Zuchtorganisationen und Züchtern müssen nachvollziehbare Ergebnisse geliefert werden. Dabei scheint der Vorschlag von WEIGEL und REKAYA (1999) eines ‚borderless clustering‘ erfolgsversprechend zu sein. Genetische Korrelationen werden dann nicht mehr an Ländergrenzen festgemacht, sondern Herden entsprechend ihrer klimatisch-geographischen Faktoren und deskriptiver Herdenparameter einem Produktionssystem zugeordnet. Dabei könnten mit fünf Produktionssystemen alle Herden der internationalen Holsteinzucht erfasst werden. Es wäre z.B. denkbar, dass Herden aus Kalifornien und Israel gemeinsam geclustert werden. Die Clusteranalyse könnte auch die deutsche Problematik mit den unterschiedlichen Produktionsbedingungen und daraus resultierenden heterogenen Varianzstrukturen in Alten und Neuen Bundesländern lösen. In ein gemeinsames Cluster würden auch die Herden aus Australien und Neuseeland fallen, denn in diesen Ländern mit kostengünstiger Milchproduktion auf Basis von Weidegang gelten Produktionsbedingungen, die deutlich verschieden von der übrigen Holsteinwelt sind. Insbesondere in Neuseeland ist es vordringliches Ziel, nicht die Milchleistung je Kuh, sondern die Milchleistung je ha zu maximieren. Dies erfordert ein grundlegend anderes Zuchtziel. Nach SWALVE (1999) sind unter diesen Voraussetzungen Vitalität, Fruchtbarkeit und Gesundheit die vordringlich zu bearbeitenden Merkmale, die am ehesten über die Kreuzungszucht unter Nutzung der Heterosiseffekte verbessert werden können.

Wenn, wie schon eingangs erwähnt, sich die Zahl der milchviehhaltenden Betriebe weiterhin stark reduziert, wird auch die züchterische Basis abnehmen. Deshalb muss für ein zukünftiges Zuchtprogramm auch über eine Bullenmutterprüfung bei gleichzeitiger Arbeit mit einer offenen Nukleusherde nachgedacht werden. Die in dieser Arbeit vorgestellte Methodik zum Vergleich des genetischen Niveaus von Ländern hat gezeigt, dass andere Populationen der deutschen Holsteinpopulation insbesondere in den Produktionsmerkmalen überlegen sind. Deshalb sollte ausländische Genetik intensiv in das hiesige Zuchtprogramm integriert werden. Eine Möglichkeit wäre, die im Rahmen der Embryonenimporte zahlreich anfallenden weiblichen Nachkommen als Bullenmütter zu nutzen. Diese Produkte müssten aber in geeigneter Weise geprüft werden, wobei die zentrale Prüfung potenzieller Bullenmütter in

wenigen Testherden unter gleichen Praxisbedingungen zu bevorzugen ist. Ein Stationsneubau nach Osnabrücker Vorbild (NIERMANN, 1992) wäre zu kostenintensiv und wirft auch die Frage nach Genotyp-Umwelt-Interaktionen zwischen Prüf- und Produktionsumwelt auf. SWALVE et al. (1993) berechnen genetische Korrelationen an einem Datenmaterial von 110 Holsteinkühen zwischen der Erstlaktation in Züchterställen und der zweiten Laktation in der Teststation der OHG von 0.93, 0.94 und 0.65 für die Merkmale Milch,- Fett- und Eiweißmenge.

Die effiziente Einbindung von Nachkommen ausländischer Embryonenimporte in eine zentrale Bullenmutterprüfung wäre eine interessante Alternative innerhalb Deutschlands zum Jungrinderspülprogramm der NOG (SCHNOOR, 2000) auf Basis von Jungrindern ausschließlich aus deutschen Züchterställen. Dabei könnte folgendes Zuchtprogramm umgesetzt werden:

Der Zuchtverband kauft die Embryonen aus dem Ausland und gibt sie an Mitgliedsbetriebe zu einem Vorzugspreis ab. Nur die anfallenden männlichen Nachkommen gehören weiterhin dem Verband und gehen in den Testeinsatz. Die weiblichen Nachkommen werden zur Erzeugung von möglichst vielen Nachkommen im Jungrinderstadium intensiven Biotechnikmaßnahmen unterzogen. Direkt nach der Kalbung absolvieren sie die zentrale Bullenmutterprüfung. Sämtliche Kosten für Biotechnikmaßnahmen, Besamung und Prüfung in Testherden übernimmt der Verband. Wenn, wie aus Modellkalkulationen zum Zuchtfortschritt (ALPERS, 1996) bzw. der Erfolgskontrolle zum Osnabrücker ET/DT-Programm (GLODEK und SWALVE, 1999) abgeleitet, eine erforderliche Remontierungsrate auf der zweiten Selektionsstufe von weniger als 20% verwirklicht wird, sind bei 50 zu selektierenden Bullenmüttern 250 Kühe pro Jahr zu testen. Dabei wird der Nukleusgedanke für die weiblichen Nachkommen der besten Bullenmütter verwirklicht. Dadurch, dass nur jede fünfte Prüfkuh Bullenmutter wird, kann der Zuchtbetrieb mit einer Wahrscheinlichkeit von 80% über die Nachkommen der weiblichen Embryonenimporte frei verfügen, nur bei 20% muss er die Richtlinien bzgl. Biotechnikmaßnahmen und Stationsprüfung einhalten. Die Zuchtbetriebe haben somit die Möglichkeit, günstig in den Besitz wertvoller Genetik zu kommen.

Der Vorteil einer zentralen Bullenmutterprüfung liegt aber vor allem darin begründet, dass alle Kühe unter gleichen Umweltbedingungen Leistung erbringen müssen und manipulative Sonderbehandlungen ausgeschlossen werden können. Die gezielte Leistungsbeeinflussung potenzieller Bullenmütter im Feld ist mit Sicherheit vorhanden und erschwert deren Selektion,

was EVERETT et al. (1982) oder auch LOHUIS und BAGNATO (1998) für Spitzenkühe nachweisen, mit denen intensiver ET praktiziert wird. Zuchtwerte ihrer Söhne erfüllen nicht die Erwartungen, die aufgrund ihres Pedigreeindex zu vermuten gewesen wären. EVERETT (1984) prägte dafür den Begriff des ‚pedigree slippage‘. Sonderbehandlungen führen zu extremen Leistungen innerhalb der Herden und damit zu extremen Intraherdenvarianzen. Dass ein Zusammenhang zwischen der Streuung innerhalb der Herden und der Höhe des Kuhzuchtwertes besteht, konnte in der vorliegenden Arbeit nachgewiesen werden. Im Rahmen der Bullenmutterselektion müssen nicht nur Kenntnisse über die Höhe der Intraherdenvarianz, sondern auch über deren Ursachen gewonnen werden. Mögliche Ursachen sind Sonderbehandlungen potenzieller Bullenmütter, das Halten von Trägartieren mit niedriger Leistung, der Zukauf absoluter Spitzengenetik in ‚gewöhnlichen‘ Betrieben sowie der Testbulleneinsatz (SWALVE und DÖPKE, 1994). Viele Herden der Neuen Bundesländer fallen durch hohe Streuungen auf, aber bei genauerer Analyse gelten hier i.d.R. eingipflige Verteilungskurven. Im Gegensatz dazu sind für viele Betriebe der Alten Bundesländer, die eine hohe Varianz in den Produktionsmerkmalen aufweisen und mehrere potenzielle Bullenmütter stellen, häufig die zwei- oder mehrgipfligen Verteilungskurven charakteristisch. Ein Teil der Leistungen befindet sich somit im niedrigen Niveau, verursacht durch Kühe mit unbekannter Abstammung, während ein weiteres Maximum absoluter Spitzengenetik jenseits der 11000-kg- Leistungsmarke zuzuordnen ist.

Die Integration neuester Erkenntnisse aus Molekulargenetik- und Biotechnik, die konsequente Nutzung überlegener ausländischer Genetik in Kombination mit einer zentralen Bullenmutterprüfung, die Optimierung der Bullenmutterselektion im Feld sowie die Einführung des Testherdenprinzips für die Nachkommenprüfung sind die vorrangigen Punkte, mit denen sich eine Rinderzuchtorganisation in Zukunft beschäftigen wird, um weitere Effizienzsteigerungen zu realisieren.

5 Zusammenfassung

Ziel der vorliegenden Arbeit war es, eine Studie für ein kooperatives Zuchtprogramm der Rasse Holstein-Friesian durchzuführen.

Ein wesentlicher Aspekt hierbei ist der Testeinsatz von Jungbullen. Die Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzung für das Merkmal Eiweiß-kg (Erstlaktationsleitungen) von schwarzbunten Kühen aus vier Verbänden der Alten Bundesländer (ABL) und zwei Verbänden der Neuen Bundesländer (NBL) sollten es dabei ermöglichen, genauere Kenntnisse über eine etwaige Heterogenität der Varianzverhältnisse zwischen Teilmaterialien des Gesamtmaterials zu erlangen. Dabei wurde festgestellt, dass die additiv-genetischen Varianzen in allen Verbänden auf etwa gleichem Niveau liegen, aber deutlich erhöhte Restvarianzen für die Gebiete der NBL gelten. Das verwendete Modell ist derzeit in den NBL nicht so effektiv wie in den ABL, was aus dem Quotienten der geschätzten phänotypischen Varianz zur Rohvarianz abgeleitet werden kann. Des weiteren erfolgte die Varianzkomponentenschätzung innerhalb der Gebiete OST-1 und WEST-3, zum einen stratifiziert nach der Streuung innerhalb Herdenkalbejahr, zum anderen nach der Herdengröße. Stratifiziert man die Daten nach der Varianz innerhalb Herden, steigen erwartungsgemäß die Varianzkomponenten mit dieser Stratifizierung an. Während für WEST-3 verglichen mit OST-1 die additiv-genetische Komponente moderat ansteigt, sich aber ein starker Anstieg der Restvarianzen bemerkbar macht, steigt für OST-1 insbesondere die additiv-genetische Komponente. Analysiert man innerhalb OST-1 die Großbetriebe mit mindestens 100 bzw. 150 Färsen je Herdenkalbejahr, so ist im Vergleich zum gesamten Datenmaterial OST-1 ein geringer Anstieg der Restvarianzen, aber ein deutlicher Anstieg der additiv-genetischen Varianzen und somit der Heritabilitäten zu beobachten.

Aufgrund der unterschiedlichen Managementstrukturen in den Alten und den Neuen Bundesländern sollte der Frage nach etwaigen Genotyp-Umwelt-Interaktionen beim Vergleich von Großanlagen in den NBL und den Familienbetrieben in den ABL nachgegangen werden. Die genetische Korrelation im Merkmal Eiweiß-kg zwischen dem vollständigen Datenmaterial aus Verband OST-1 und Verband WEST-1 beträgt 0.95. Werden für diese Betrachtung nur noch Herden aus Verband OST-1 mit mindestens 100 bzw. 150 Färsen je Herdenkalbejahr berücksichtigt, so sinken die genetischen Korrelationen auf 0.92 bzw. 0.88.

In der MACE-Zuchtwertschätzung wurden die Gewichtungsfaktoren für die Töchterleistungen von Bullen aus mehreren Ländern für die Basen verschiedener Länder berechnet. Insbesondere wenn ein Bulle in vielen Ländern Töchter hat, sind die Gewichtungsfaktoren für die Basen einiger Länder für Landwirte und Zuchtorganisationen nicht immer nachvollziehbar. Kleinste Unterschiede in den genetischen Korrelationen führen zu teilweise völlig verschiedenen Gewichtungen.

Daten der internationalen Zuchtwertschätzung wurden genutzt, um durch eine eigens entwickelte Methode des Ländervergleichs grundsätzliche Empfehlungen zu geben, in welchen Ländern Selektionsschwerpunkte für Bullenväter, aber auch Bullenmütter zu setzen sind. Es stellt sich nämlich die Frage, wie denn Populationen verglichen werden können, wenn von Interbull das genetische Niveau eines jeden Landes nicht veröffentlicht wird. Der Ländervergleich für Produktionsmerkmale und Merkmale des Exterieurs zeigt, dass die deutsche Holsteinpopulation zwar in den Produktionsmerkmalen unterlegen ist, jedoch deutliche Vorteile im Exterieur gegenüber wichtigen Ländern wie den Niederlanden und teilweise auch den USA besitzt. Für ein kombiniertes Zuchtziel müssten Bullen demnach nur in den USA selektiert werden.

Für die Selektion von Bullenmüttern im Feld galt es, die Streuung der Produktionsmerkmale innerhalb der Herde (Intraherdenvarianz) für sechs Zuchtverbandsgebiete zu analysieren. Wenn die Selektion nach dem Zuchtwert in Eiweiß-kg erfolgt, gehören in Verband OST-1 und WEST-2 ca. 20% aller Kühe Herden mit hoher Intraherdenvarianz an; in den übrigen Verbänden ca. 10%. Einzelbetriebsanalysen geben Aufschluss darüber, dass die Ursachen der Heterogenität für Herden in den ABL und den NBL unterschiedlicher Art sind. Verteilungskurven im Merkmal Milch-kg für Betriebe mit hoher Intraherdenvarianz aus den Neuen Bundesländern, die mehrere potenzielle Bullenmütter stellen, nähern sich einer Normalverteilung an. Demgegenüber gelten für entsprechende Betriebe aus den Alten Bundesländern die zwei- oder mehrgipfligen Verteilungen; aufgrund näherer Betrachtung des öfteren ein Indiz für das Halten von Trägartieren auf der einen und der sonderbehandelten Bullenmütter auf der anderen Seite.

Die Untersuchung zur zentralen Prüfung potenzieller Bullenmütter konzentrierte sich auf die optimale Testkapazität und die optimale Testdauer. Sollen letztendlich 50 Bullenmütter

selektiert werden, wird eine Mindestforderung an die Testkapazität von 250 Kühen pro Jahr gestellt. Dabei wird der Zuchtfortschritt maximiert, wenn der Test in der ersten Laktation stattfindet und durch ET und OPU/IVF des Jungrindes mindestens ein männlicher Nachkomme sichergestellt ist. Anhand von Indexkalkulationen mit einem Merkmal im Zuchtwert (305-Tage-Eiweiß-kg) und mehreren Merkmalen im Index (Testtage von Tag 10 bis Tag 170) wurde gezeigt, dass die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung ab Tag 170 den Maximalwert erreicht.

Folgende konkrete Empfehlungen sind für die Zuchtverbände abzuleiten:

1. Um in Zukunft weiterhin konkurrenzfähig zu sein, sind die Kooperationen im Bereich der Milchrinderzucht noch stärker zu intensivieren. Neuentwicklungen in Biotechnik und Molekulargenetik, deren Nutzung zumindest teilweise mit erheblichen Kosten verbunden ist, können von einzelnen Verbänden nicht finanziert werden.
2. Innerhalb Deutschlands kann nicht von einer homogenen Varianzstruktur ausgegangen werden. Der Testeinsatz ist in jenen Subpopulationen am effektivsten bzw. verspricht dort Erfolg, wo die Heritabilität am größten ist. Dieser Vorteil kann durch den Testeinsatz in vertraglich gebundenen Herden genutzt werden.
3. Wenn in Zukunft in der nationalen Zuchtwertschätzung die Zugehörigkeit einer Kuh zur Managementgruppe berücksichtigt werden kann, ist zu erwarten, dass das Phänomen der überhöhten Restvarianzen in den Neuen Bundesländern deutlich abgeschwächt wird.
4. Es besteht ein Zusammenhang zwischen der Höhe der Intraherdenvarianz und dem Zuchtwert einer Kuh. Eine genaue Analyse der Streuung innerhalb der Herden im Rahmen der Bullenmutterselektion im Feld ist angebracht.
5. Die MACE-Zuchtwertschätzung mit über 30 teilnehmenden Ländern wird vor erhebliche Probleme gestellt. Ein ‚borderless clustering‘ wäre eine sinnvolle Alternative. Deutsche Zuchtverbände sollten mit der Problematik vertraut sein und ihre Meinung vertreten.
6. Andere Populationen sind der deutschen Holsteinpopulation in den Produktionsmerkmalen überlegen. Um diese Genetik konsequent in das eigene Zuchtprogramm zu integrieren, sollten weibliche Nachkommen aus Embryonenimporten effektiv als Bullenmütter genutzt werden. Diese Produkte müssten aber in geeigneter Weise geprüft werden, z.B. durch Einbindung in ein offenes modifiziertes MOET-Nukleuszucht-programm mit Prüfung potenzieller Bullenmütter in wenigen Testherden über einem Zeitraum von 180 Tagen in der ersten Laktation.

6 Summary

The purpose of this thesis was to study different aspects of a co-operative breeding programme for Holstein-Friesian dairy cattle.

Special emphasis was given to the progeny test of young sires. An estimation of variance components of first lactation protein yield of Holstein-Friesian cows was carried out for four breeding associations in the former western federal states of Germany (Western Germany) and two associations in the former eastern states of Germany (Eastern Germany). The results gave information about the differences in variances between the data sets. While additive genetic variances are the same in the West and the East, residual variances are considerably higher in the East. The model to estimate variance components used in this study is not as effective in the East as it is in the West, as shown by the estimated phenotypic variance in proportion to the raw variance. Furthermore, the variance components in the regions East-1 and West-3 were estimated for different stratification limits, i.e. regarding the standard deviation of milk-kg for herd-year and herd size, respectively. Stratification for herd-year resulted in higher variance components as expected. While the increase of the additive genetic component in West-3 is moderate in comparison with its increase in East-1, it is considerable in East-1. On the other hand, there is a substantial change of the residual component in West-3. Also, analysing big farms in East-1 with at least 100 resp. 150 heifers each herd-year compared to the complete data set for East-1 shows a smaller increase of the residual variances, but a clear rise of the additive genetic variances and therefore the heritabilities.

Due to differences in management between East and West a possible genotype x environment interaction was analysed with respect to the family farms prevalent in the former western federal states and the large-scale dairy farms common in the former eastern states. The genetic correlation for East-1 x West-1 is 0,95. This correlation drops to 0,92 (0,88) if only bigger herds of 100 (150) heifers each herd-year are included in East-1.

For Multiple Across Country Evaluation (MACE), weights of daughter performances from several countries were calculated with respect to the basis of different countries. The weights on the basis of some countries are not always comprehensible for breeders and breeding associations, especially if a bull has daughters in many countries. Very small differences in the genetic correlations sometimes lead to completely different weights.

The data of the international breeding evaluation was used for a new across country approach. The results of this approach were used to recommend countries on which to focus the selection of bull sires and bull dams. A problem with Interbull is that the genetic values of each country are not published which raises the question how to compare countries. The comparison for production and type traits across countries shows that the German Holstein population lags behind in production traits, but has clear advantages for type in comparison with other important countries, mainly the Netherlands and partly the USA. Therefore, if a complex breeding goal is desired, bulls should only be selected in the USA.

The differences of within-herd variances (intra-herd variances) for production traits for six regions was analyzed to reveal their impact on the field selection of bull dams. With selection on the estimated breeding value in protein-kg, 20% of the cows in East-1 and West-2 belong to herds which have a high intra-herd variance compared to about 10% in the other regions. Case studies of these farms show that there are different reasons for high intra-herd variances in the West and the East. A graph for the distribution of milk-kg for farms with a high intra-herd variance and several potential bull dams showed two or more peaks for farms from Western Germany but a near normal distribution for farms in Eastern Germany. One obvious reason for differences of intra-herd variances in Western Germany is differential treatment of potential bull dams and heifers used as recipients for embryos.

An analysis of a central station test of potential dams was focused on the optimal test capacity and the optimal test duration. The minimum requirement is a test capacity for 250 cows per year if at least 50 bull dams are to be selected. Genetic progress is maximized when the test takes place in the first lactation and modern biotechnologies like ET and OPU/IVF are used on young heifers to guarantee at least one male offspring. An index was calculated for one trait in the breeding value (305 days protein-kg) and several traits in the index (test days from day 10 to day 170). It was shown that the repeatability of the estimated breeding values is maximized after 170 test days.

The recommendations for the breeding associations can be summarized as follows:

1. To remain competitive in the future, co-operation in dairy cattle breeding has to be intensified further. The use of new developments in biotechnologies and molecular genetics cause high expenses and not all breeding associations can afford to bear the costs.
2. There are differences in the variance components across regions within Germany. The efficiency of progeny testing and its success will be maximised where heritabilities are highest. This should be accounted for by progeny testing in contracted herds.
3. Especially in the big herds in Eastern Germany, the management group which each cow belongs to must be identified and accounted for in the national breeding estimation. If this can be achieved in the future, the phenomenon of the high residual variances in the East will be diminished.
4. Potential bull dams from heterogeneous herds have a higher estimated breeding value. An exact analysis of the intra-herd variance in the context of bull dam selection in the field is appropriate.
5. One problem of the Multiple Across Country Evaluation is the fact that more than 30 countries are participating. A possible solution could be 'borderless clustering'. German breeding associations should be aware of this problem and express their opinion accordingly.
6. Other populations are superior to the German Holstein population, with respect to the production traits. One possibility to integrate the genetics from other populations into the breeding programme of German breeding associations is the effective use of female offspring as bull dams from embryo imports. These products, however, must be tested in a suitable way, e.g. in an open modified MOET nucleus breeding programme with a test of potential bull dams in a few test herds over a period of 180 days in the first lactation.

7 Literaturverzeichnis

ALPERS, C. (1996):

Testherdenprogramme und Bullenmütterprüfungen als Möglichkeiten zur Intensivierung von Besamungszuchtprogrammen.

Dipl. Arbeit, Göttingen

AVERDUNK, G. und H. ALPS (1971):

Die Interaktion zwischen Herdenniveau und Vater bei der Milchleistung des Fleckviehs in Bayern.

Z. Tierzüchtg. Züchtungsbiol., 88: 197-202

BOGESS, M.V. (1986):

A comparison of the genetic evaluations of A.I. bulls using their grade daughters, registered daughters, and all daughters.

M. sc. Thesis, Cornell University

BOLDMAN, K.G. und A.E. FREEMAN (1990):

Adjustment for heterogeneity of variances by herd production level in dairy cow and sire evaluation.

J. Dairy Sci. 73, 503-512

BOVENHUIS, H. (2000):

Marker assisted selection in dairy cattle breeding schemes.

DGFZ-Schriftenreihe 13, 63-75

CALO, L.L., R.E. MCDOWELL, L.D. VAN VLECK und P.D. MILLER (1973):

Genetic aspects of beef production among Holstein Friesians pedigree selected for milk production.

J. Anim. Sci. 37, 676-682

CARABANO, M.J., K.M. WADE und L.D. VAN VLECK (1990):

Genotype by environment interaction for milk and fat production across regions of the United States.

J. Dairy Sci. 73, 173-180

CASTILLO-JUAREZ, H., P.A. OLTENACU, R.W. BLAKE, C.E. MCCULLOCH und E.G.

CIENFUEGOS-RIVAS (2000):

Effect of herd environment on the genetic and phenotypic relationships among milk yield, conception rate, and somatic cell score in Holstein cattle.

J. Dairy Sci. 83, 807-814

CHAGUNDA, G.M. (2000):

Genetic evaluation of the performance of Holstein Friesian cattle on large-scale dairy farms in Malawi.

Dissertation Göttingen

CHARAGU, P. und R. PETERSON (1998):

Estimation of GxE effects for economic efficiency among daughters of Canadian and New Zealand sires in Canadian and New Zealand dairy herds.

Interbull Bulletin 17, 105-109

CIENFUEGAS-RIVAS, E.G., P.A. OLTENACU, R.W. BLAKE, S.J. SCHWAGER, H. CASTILLO-JUAREZ und F.J. RUIZ (1999):

Interaction between Milk yield of Holstein cows in Mexiko and the United States.

J. Dairy Sci. 82, 2218-2223

COSTA, C.N., R.W. BLAKE, E.J. POLLAK und P.A. OLTENACU (1998):

Genetic relationships for milk and fat yield between Holstein populations in Brazil and the United States.

6th world congress on genetics applied to Livestock Prod. 23, 323-326

COSTA, C.N., R.W. BLAKE, E.J. POLLAK, P.A. OLTENACU, R.W. QUAAS und S.R. SEARLE (2000):

Genetic analysis of Holstein cattle populations in Brazil and the United States.

J. Dairy Sci. 83, 2963-2974

CROMIE, A.R. (2000):

Genotype by environment interaction – reranking across countries for production traits.

10th world Holstein Friesian conference, Sydney, Australia, 30.April – 3.Mai

DEKKERS, J.C.M. und G.E. SHOOK (1990):

Economic evaluation of alternative breeding programs for comercial artificial insemination firms.

J. Dairy Sci. 73, 1902-1923

DEKKERS, J.C.M., G.E. VANDERVOORT und E.B. BURNSIDE (1996):

Optimal size of progeny groups for progeny testing programs by artificial insemination firms.

J. Dairy Sci. 79, 2056-2070

Dodenhoff, J. (1994):

Untersuchungen zur Varianzstruktur von Merkmalen der Milchleistung und ihre Bedeutung für die Zuchtwertschätzung.
Dissertation Göttingen

DODENHOFF, J. und H.H. SWALVE (1998):

Heterogeneity of variances across regions of northern Germany and adjustment in genetic evaluation.
Livest. Prod. Sci. 53, 225-236

DOPP, L. und F. REINHARDT (2000):

Wie wird dreimaliges Melken in der ZWS berücksichtigt?
Milchrind 1, 18-19

EVERETT, R.W., J.F. KEOWN und J.F. TAYLOR (1982):

The problem of heterogeneous within herd error variances when identifying elite cows.
J. Dairy Sci. 65 (Suppl. 1), 100

EVERETT, R.W. (1984):

Genetic potential of grade AI Holsteins.
Anim. Sci. Mimeograph Series 78, 1-23

EVERETT, R.W. (1986):

ET bulls in AI – How have they turned out?
Eastern AI Report 1985/1986, 175-177

FALCONER, D.S. (1952):

The problem of environment and selection.
American Naturalist 86, 293-298

FERNANDO, R.L. und M. GROSSMAN (1989):

Marker assisted selection using best linear unbiased prediction.
Genetics selection and evolution 21, 467-477

FEWSON, D. (1978):

Weiterentwicklung der Zuchtplanung beim Rind.
Züchtungskunde 50, 427-43

FEWSON, D. und E. NIEBEL (1986):

Berücksichtigung indirekter Merkmale in der Zuchtplanung für Zweinutzungsrinder.
Züchtungskunde 58, 4-20

- GARRICK, D.J. und L.D. VAN VLECK (1987):
Aspects of selection for performance in several environments with heterogenous variances.
J. Anim. Sci. 65, 409-421
- GENGLER, N. (1997):
Estimation of covariance functions of test day yields in first and later lactations of United States Holstein cows.
Interbull Meeting, Zürich, 26.-27. August
- GLODEK, P. und H.H. SWALVE (1999):
Das Osnabrücker ET/DT-Zuchtprogramm - Ergebnisse und Perspektiven.
Vortrag, Internationale Osnabrücker Schwarzbunttage, 26. Januar
- GÖBBEL, H.T. (1999):
Anpassungsstrategien in der Milchproduktion unter sich ändernder Rahmenbedingungen.
Züchtungskunde 71, 518-529
- GRAINGER, C., A.W.F. DAVEY und C.W. HOLMES (1985):
Performance of Friesian cows and high and low breeding indexes.
Anim. Prod. 40, 379-388
- GRANDKE, R. und H. SIMIANER (1998a):
Ein Ansatz zur Quantifizierung von Managementunterschieden zwischen Rinderzuchtprogrammen.
Arch. Tierz., Dummerstorf 41, 143-150
- GRANDKE, R. und H. SIMIANER (1998b):
Markergestützte Selektion wird unsere Zuchtprogramme verändern.
Milchrind 2, 6-10
- GROENEVELD, E. (1998):
REML VCE Version 4.2.5. User's Guide
- GROENEVELD, E. (1990):
PEST user's manual.
- GRÜNHAGEN E. (1998):
Untersuchungen zu den Auswirkungen der Datenstruktur und der heterogenen Intraherdenvarianz auf die Zuchtwertschätzung mit einem Testtagsmodell.
Dissertation, Göttingen

- HÄCKEL, H. (1996):
Mehr Fortschritt in größeren Populationen.
Der Tierzüchter 2, 17
- HILL, W.G. (1984):
On selection among groups with heterogeneous variance.
Anim. Prod. 39, 473-477
- HINKS, C.J.M. (1978):
The use of centralised breeding schemes in dairy cattle improvement.
Anim. Breeding Abstracts 46, 291-297
- HOESCHELE, I. (1991):
Additive and nonadditive genetic variance in female fertility of Holsteins.
J. Dairy Sci. 74, 1743-1752
- IBANEZ, M.A., CARABANO, M .J., M.J. FOULLEY und R. ALLENDRA (1999):
Identification of sources of heterogeneous residual and genetic variances in milk yield data from the Spanish Holstein-Friesian population and impact on genetic evaluation.
Livest. Prod. Sci. 59, 33-49
- ILLGNER, H. (1999):
Remontierungskonzepte und Anforderungen aus der Sicht eines Großbetriebes.
DGFZ-Schriftenreihe 13, 18-27
- JAMROZIK, J. und L.R. SCHAEFFER (1997):
Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins.
J. Dairy Sci. 80, 762-772
- JUNGE, W., E. STAMER und N. REINSCH (1999):
Neue Prüfungsformen für Zuchtprogramme beim Milchvieh.
DGFZ-Schriftenreihe 13, 82-89
- KASHI, Y., E. HALLERMAN und M. SOLLER (1990):
Marker-assisted selection of candidate bulls for progeny testing programmes.
Anim. Prod. Sci. 51, 63-74
- KOESLING, T. (2001):
Moderne Betriebsstrategien für Milchproduzenten.
Vortragstagung, Internationale Osnabrücker Schwarzbunttage, 23. Januar

LANDE, R. und R. THOMPSON (1990):

The efficiency of marker assisted selection in dairy cattle breeding schemes.
Genetics 124, 743-753

LEISEN, M. (1999):

Erfolgsfaktoren innovativer Zuchtprogramme.
Seminarvortrag, ADR Bonn, 12.01.1999

LIU, Z. (1999):

Theoretische Untersuchung der Veränderung der Zuchtwerte für Testbullen.
Vortrag, Genet.-Stat. Ausschuß der DGFZ, Kitzingen, 13.-15. April

LOHUIS, M.M. (1998):

Setting the TREND for nucleus herd breeding.
www.aps.uoguelph.ca/cgil/pub/mmlpapers/hjjuly98.html

LOHUIS, M.M. und A. BAGNATO (1998):

What we have learned from the TEAM program?
www.aps.uoguelph.ca/cgil/pub/mmlpapers/hjjuly98.html

LUSH, J.L. (1945):

Animal breeding plans.
Iowa State college press

MACK, G. (1996):

Wirtschaftlichkeit des züchterischen Fortschritts in Milchviehherden.
Dissertation, Hohenheim.

MACKINNON, M.J. und M. GEORGE (1997):

Marker-assisted selection of young dairy bulls prior to progeny testing.
Livest. Prod. Sci. 54, 229-250

MCCLINTOCK, S. (2000):

New technologies.
www.genaust.com.au/technologies.htm

MEINERT, T.R., D.L. LOFGREN und R.E. PEARSON (1985):

Effect of herd level for milk, fat and fat percent on the relationships between sires predicted difference and daughters modified contemporary deviation.
J. Dairy Sci. 68 (Suppl. 1), 210

MEUWISSEN, T.H.E. und J.A.M. VAN ARENDONK (1992):

Potential improvements in rate of genetic gain from marker assisted selection in dairy cattle breeding schemes.

J. Dairy Sci. 75, 1651-1659

MIGLIOR, F. (2000):

Impact of inbreeding – Managing a declining Holstein gene pool.

10th World Holstein Friesians Conference, Sydney, Australia

NICHOLAS, F.W. UND C. SMITH (1983):

Increased rates of genetic change in dairy cattle by embryo transfer and splitting.

Anim. Prod. Sci. 36, 341-353

NIERMANN, H. (1992):

Untersuchungen über die Einrichtung des ersten offenen Nukleuszuchtprogrammes in der deutschen Rinderzucht.

Dissertation, Göttingen

OLTENACU, P.A. und C.W. YOUNG (1974)

Genetic and financial considerations of progeny testing programs in an artificial insemination dairy cattle population.

J. Dairy Sci. 57, 1245-1253

ONKEN, F. (1999):

Das Osnabrücker FT-Programm als Ergänzung des erfolgreichen ET/DT-Zuchtprogramms.

Die Osnabrücker Schwarzbuntzucht 2, 16-17

OWENS, J. (2000):

The genetics Australia Eureka breeding program.

www.genaust.com.au/technologies.htm

PADILLA, D. und J.F. KEOWN (1990):

Variances in herd production due to different management practices.

J. Anim. Sci. 68, 70-71

POTT, J. (1999):

Forschungs- und Entwicklungskonzepte.

DGFZ-Schriftenreihe 13, 134-140

PTAK, E. und L.R. SCHAEFFER (1993):

Use of day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows.
Livest. Prod. Sci. 34, 23-34

REENTS, R., L. DOPP, M. SCHMUTZ und F. REINHARDT (1998):

Impact of application of a test day model to dairy production traits on genetic evaluation of cows.
Interbull Bulletin 17, 49-54

REENTS, R., T. GROSSHANS, Z. LIU und F. REINHARDT (1999):

Standortinflüsse in der Rinderzucht.
Züchtungskunde 71, 507-517

REINHARDT, F. (1995):

Analysis of residuals to evaluate the fit of a multiple trait model.
Interbull Annual Meeting, Prague, 7.-9. September

RENDEL, J.M. und A. ROBERTSON (1950):

The use of progeny testing with artificial insemination in dairy cattle.
J. Genet. 50, 21-31

RENSING, S. (1998):

Testbullenregelung neu.
RUW-Report 21, 59

ROBERTSON, A. und J.M. RENDEL (1954).

The performance of heifers got by artificial insemination.
J. Agric. Sci. 44, 184-192

ROBERTSON, A. (1959):

The sampling variance of the genetic correlation coefficient.
Biometrics 15, 469-485

ROBERTSON, A., L.K. O'CONNOR und J. EDWARDS (1960):

Progeny testing dairy bulls at different management levels.
Anim. Prod. Sci. 2, 141-150

ROZZI, P. und L.R. SCHAEFFER (1996):

New deregression procedures used on type traits.
Interbull Technical Workshop, Verden, 25-26 November

- RUANE, J. und J.J. COLLEAU (1996):
Marker-assisted selection for a sex limited character in a nucleus breeding population.
J. Dairy Sci., 79, 1666-1678
- SCHAEFFER, L.R. (1985):
Model for international evaluation of dairy sires.
Livest. Prod. Sci. 12, 105-111
- SCHAEFFER, L.R. (1994):
Multiple-country comparison of dairy sires.
J. Dairy Sci. 77, 2671-2678
- SCHNOOR, I. (2001):
NOG-Zuchtprogramm – Jungrinderspülprogramm und Bullenmütterprüfung.
Rinderzucht Berlin-Brandenburg 1, 17
- SCHOUTEN, J. (1999):
Zucht 2000: Aktuelle Trends in den USA.
Milchrind 1, 24-26
- SCHWERIN und KÜHN (1999):
Internationaler Stand der QTL-Kartierung beim Rind.
DGFZ-Schriftenreihe 13, 42-50
- SHORT, T.H., R.W. BLAKE, R.L. QUAAS und L.D. VAN VLECK (1990):
Heterogenous with-herd variance. 1. Genetic parameters for first and second lactation milk yields of grade Holstein cows.
J. Dairy Sci. 73, 3312-3320
- SIGURDSSON, A. und G. BANOS (1995):
Estimation of genetic correlations between countries.
Interbull Annual Meeting, Prague, September 7-9
- SKJERVOLD, H. und H.J. LANGHOLZ (1964):
Factors affecting the optimum structure of A.I. breeding in cattle.
Z. Tierz. Züchtungsbiol.80, 25
- SKJERVOLD, H. (1966):
Die künstliche Besamung als bedeutendes Hilfsmittel moderner Rinderzucht.
Tierzüchter Heft 2 (Sonderheft)

SPELMAN, R.J. und J.A.M. VAN ARENDONK (1997):

Effect of inaccurate parameter estimates on genetic response to marker assisted selection in an outbred population.

J. Dairy Sci. 80, 3399-3410

SPELMAN, R.J. und D.J. GARRICK (1998):

Genetic and economic response for within family marker assisted selection in dairy cattle breeding schemes.

J. Dairy Sci. 81, 2942-2950

STRANDBERG, E., R. KOLMODIN, P. MADSEN, J. JENSEN und H. JORJANI (2000):

Genotype by environment interaction in nordic dairy cattle studied by use of reaction norms.

51st Annual Meet. EAAP, The Hague, 21.-24. August, gen. Commission, Session III

SWALVE, H.H., H. NIERMAN und P. GLODEK (1993):

Genetic relationship between 1st lactation field performance and 2nd lactation test station records of potential bull dams.

Arch. f. Tierz. 36, 3-11

SWALVE, H.H. und A. DÖPKE (1994):

Ursachen extremer Intraherdenvarianz in Daten aus der Milchleistungsprüfung.

Proc. 2. Symposium des Instituts für Tierzucht und Tierhaltung, Halle, 8.-9. Dezember

SWALVE, H.H. (1995):

The effect of test day models on the estimation of genetic parameters and breeding values for dairy yield traits.

J. Dairy Sci. 77, 929-938

SWALVE, H.H. (1998):

Use of test day records for genetic evaluation.

World congress on genetics applied to livestock production, Armidale, Australia

January 11-16, Vol.23, 295-302

SWALVE, H.H. (1999):

Gibt es Grenzen in der Zucht auf Milchleistung? – Aus der Sicht der Züchtung.

Züchtungskunde 71, 428-436

SWALVE, H.H. und E. FEDDERSEN (1999):

Zuchtwertschätzung Milch in der Diskussion - Was ist wirklich dran?

Milchrind 2, 6-8

- SWALVE, H.H. (2000):
Theoretical basis and computational methods for different test-day genetic evaluation methods.
J. Dairy Sci. 83, 1115-1124
- SWALVE, H.H., V. GUIARD, G. DIETL, A. TUCHSCHERER und C. KÜHN (2000):
Markergestützte Vorselektion von Jungbullen in Zuchtprogrammen für Milchrinder.
Vortrag, Genet. Stat. Ausschuss der DGFZ, Grub, 27.-29. März
- SWALVE, H.H., N. REINSCH, V. SCHULZE, G. DIETL und I. RÄDER (2001):
Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzung Holstein nach Regionen und Betriebsgrößen.
Vortrag, Genet. Stat. Ausschuss der DGFZ, Graal-Müritz, 26.-28. März
- TÄUBERT, H., H. SIMIANER und K. KARRAS (1998):
Problems including Interbull breeding values in national evaluations.
Interbull Meeting, Zürich, 26.-27. August
- TÄUBERT, H. (2000):
Die Berücksichtigung von Interbull-Zuchtwerten in der nationalen Zuchtwertschätzung.
Vortrag, Genet. Stat. Ausschuss der DGFZ, Grub, 27.-29. März
- Teepker, G. (1988):
Untersuchungen über genetische Parameter für Milchleistungsmerkmale.
Dissertation, Göttingen
- TEEPKER, G. (1990):
Klonen wird die Organisation der Zucht radikal verändern.
Tierzüchter 42, 338-339
- THOMPSON, J.R., R.W. EVERETT und N.L. HAMMERSCHMIDT (2000):
Effects of inbreeding on production and survival in Holsteins.
J. Dairy Sci. 83, 1856-1864
- TSURUTA, S., J.F. KEOWN, L.D. VAN VLECK und I. MISZTAL (2000):
Bias in genetic evaluations by records of cows treated with bovine somatotropin.
J. Dairy Sci. 83, 2650-2656

- VAN DER BEEK, S. (1999):
Exploring the inverse of the international genetic correlation matrix.
Interbull Meeting, Zürich, 26.-27. August
- VAN VLECK, L.D. (1963):
Genotype and environment in sire evaluation.
J. Dairy Sci. 46, 983-987
- VAN VLECK, L.D. (1981):
Potential genetic impact of artificial insemination, sex selection, embryo transfer, cloning and selfing in dairy cattle.
New technologies in animal breeding, chapter 12, 221-241
- VAN VLECK, L.D. (1987):
Selection when traits have different genetic and phenotypic variances in different environments.
J. Dairy Sci. 46, 983-987
- VAN VLECK, L.D., K.A. LEYMASTER UND T.G. JENKINS (2000):
Genetic correlations for daily gain between ram and ewe lambs fed in feedlot conditions and ram lebs fed in pinpointer units.
J. Anim. Sci.78, 1155-1158
- VEERKAMP, R.F. und E.P.C. KOENEN (1998):
Genetics of food intake, live weight, condition score and energy balance.
British society of Anim. Sci. 24, 63-72
- VIERHOUT, C.N., B.G. CASSEL und R.E. PEARSON (1998):
Comparisons of cows and herds in two progeny testing programs and two corresponding states.
J. Dairy Sci. 82, 822-828
- VINSON, W.E. (1987):
Potential bias in genetic evaluations from differences in variation within herds.
J. Dairy Sci. 70, 2450-2455
- VIT (2001):
Beschreibung der Zuchtwertschätzung Milchleistung.
Zuchtwertschätzung Bullen (Februar 2001), 2-11

- Visscher, P.M., R. Thompson und W.G. Hill (1991):
Estimation of genetic and environmental variances for fat yield in individual herds and an investigation into heterogeneity of variance between herds.
Livest. Prod. Sci. 28, 273-290
- WAGENAAR, D., VAN ARENDONK, J. und J. KRAMER (1995):
Selection Index Program (SIP), Version 1.0
- WAHEED, M.J., A.J. LEE und M. GROSSMAN (1980):
Interactions of sires with feeding and management factors in Illinois Holstein cows.
J. Dairy Sci. 63, Suppl. 1: 99 (Abstr.)
- WANG, S., G.L. ROY, A.J. LEE, A.J. MCALLISTER, T.R. BATRA, C.Y. LIN, J.A. VESELY, J.M. WAUTHY und K.A. WINTER (1992):
Genetic line x concentrate level interactions for milk production and feed efficiency in dairy cattle.
Can. J. Anim. Sci. 72, 227-236
- WEIGEL, K.A., D. GIANOLA, B.S. YANDELL und J.F. KEOWN (1993):
Identification of factors causing heterogenous within herd variance components using a structural model for variances.
J. Dairy Sci. 76, 1466-1478
- WEIGEL, K.A. und R. REKAYA (1999):
Clustering herds across country borderless for international genetic evaluation.
Interbull Meeting, Zürich, 26.-27. August
- WEIGEL, K.A., T. KRIEGL und A.L. POHLMAN (1999):
Genetic analysis of dairy cattle production traits in a management intensive rotational grazing environment.
J. Dairy Sci. 82, 191-195
- WELLER, J.I. (1990):
Power of daughter and granddaughter designs for determining linkage between marker loci and quantitative trait loci in dairy cattle.
J. Dairy Sci. 73, 2525-2537
- WIGGANS, G.R. und L.D. VAN VLECK (1978):
Evaluation of sires in herds feeding differing proportions of concentrates and roughage.
J. Dairy Sci. 61, 246-249

8 Anhang

Tabelle A1: Varianzkomponentenschätzung für einzelne Zuchtverbandsgebiete
(Merkmal: Erstlaktationsleistung Fett-kg)

	WEST-1	WEST-2	WEST-3	WEST-4	OST-1	OST-2
σ^2_A	546,7	613,7	496,4	518,4	467,7	417,7
σ^2_E	899,5	945,9	1015,8	836,2	1344,8	1285,0
σ^2_P	1446,2	1559,6	1512,2	1354,6	1812,5	1702,7
h^2	0,38	0,39	0,33	0,38	0,26	0,24
s.e. _h ²	0,017	0,010	0,012	0,015	0,015	0,014

Tabelle A2: Varianzkomponentenschätzung innerhalb Zuchtverbandsgebiet stratifiziert nach Herdenkalbejahr (HKJ)-Standardabweichungsklassen
(Merkmal: Erstlaktationsleistung Fett-kg)

	HKJ-Standardabweichungsklassen					
	WEST-3			OST-1		
	≤ 900	> 900 - ≤ 1500	> 1500	≤ 900	> 900 - ≤ 1500	> 1500
σ^2_A	357,5	585,5	713,2	137,2	437,1	820,6
σ^2_E	894,5	1065,6	1214,4	942,4	1319,5	1831,1
σ^2_P	1252,0	1651,1	1927,6	1079,6	1756,6	2651,7
h^2	0,29	0,35	0,37	0,13	0,25	0,31
s.e. _h ²	0,020	0,016	0,046	0,025	0,014	0,035

Tabelle A3: Varianzkomponentenschätzung innerhalb Zuchtverbandsgebiet stratifiziert nach der Anzahl Kühe innerhalb Herdenkalbejahr
(Merkmal: Erstlaktationsleistung Fett-kg)

	Anzahl Kühe innerhalb HKJ				
	OST-1			WEST-3	
	≤ 30	> 30 - ≤ 100	> 100	≤ 15	> 15
σ^2_A	300,6	348,9	522,2	514,7	487,5
σ^2_E	1273,5	1324,3	1452,4	958,9	1054,1
σ^2_P	1574,1	1673,2	1974,6	1473,6	1541,6
h^2	0,19	0,21	0,26	0,35	0,32
s.e. _h ²	0,033	0,016	0,019	0,013	0,018

Tabelle A4: Gemeinsame Väter, stratifiziert nach Bullenkategorien, im Rechenlauf WEST-1 x WEST-2 mit Kennzahlen ihrer Töchter

Väter	Anzahl Töchter								
	N	WEST-1				OST-1			
		Ø	MIN	MAX	Σ	Ø	MIN	MAX	Σ
alle	570	39	1	1889	22472	139	1	9096	79681
Import	163	28	1	519	4504	109	1	3308	17833
WE	243	68	1	1889	16617	242	1	9096	58959
TB	136	9	1	82	1253	21	1	72	2797
DB	27	4	1	15	98	4	1	24	92

Tabelle A5: Gemeinsame Väter, stratifiziert nach Bullenkategorien, im Rechenlauf OST-1 x OST-2 mit Kennzahlen ihrer Töchter

Väter	Anzahl Töchter								
	N	WEST-1				OST-1			
		Ø	MIN	MAX	Σ	Ø	MIN	MAX	Σ
alle	885	63	1	4219	55916	75	1	4878	66607
Import	172	81	1	2500	13973	88	1	1669	15078
WE	359	103	1	4219	36955	140	1	4878	50338
TB	300	16	1	144	4705	3	1	87	960
DB	54	5	1	49	283	4	1	29	231

Tabelle A6: Gemeinsame Väter, stratifiziert nach Bullenkategorien, im Rechenlauf WEST-1 x OST-1 (≥ 100 Färsen / HKJ) mit Kennzahlen ihrer Töchter

Väter	Anzahl Töchter								
	N	WEST-1				OST-1			
		Ø	MIN	MAX	Σ	Ø	MIN	MAX	Σ
alle	373	64	1	1889	23881	79	1	2884	29367
Import	119	34	1	519	4089	51	1	869	6027
WE	194	94	1	1889	18311	119	1	2884	23218
TB	38	1	1	108	1290	34	1	4	50
DB	22	8	1	38	191	3	1	15	72

Table A7: Gemeinsame Väter, stratifiziert nach Bullenkategorien, im Rechenlauf WEST-1 x OST-1 (≥ 150 Färsen / HKJ) mit Kennzahlen ihrer Töchter

Väter	N	Anzahl Töchter							
		WEST-1				OST-1			
		Ø	MIN	MAX	Σ	Ø	MIN	MAX	Σ
alle	291	68	1	1889	19881	65	1	1721	18953
Import	106	37	1	519	3936	40	1	618	4270
WE	161	97	1	1889	15573	91	1	1721	14635
TB	15	18	1	85	274	1	1	2	18
DB	10	10	1	26	98	3	1	11	30

Table A8: Gemeinsame Väter, stratifiziert nach Bullenkategorien, im Rechenlauf WEST-1 x OST-1 (je 15 bis 60 Färsen / HKJ) mit Kennzahlen ihrer Töchter

Väter	N	Anzahl Töchter							
		WEST-1				OST-1			
		Ø	MIN	MAX	Σ	Ø	MIN	MAX	Σ
alle	368	33	1	741	11978	23	1	703	8513
Import	97	24	1	308	2302	22	1	333	2182
WE	174	46	1	741	8062	35	1	703	6170
TB	62	23	1	62	1423	2	1	8	98
DB	35	5	1	27	191	2	1	9	63

Danksagung

Mein herzlicher Dank gilt Herrn Prof. Dr. P. Glodek für die Überlassung des Themas und die bei der Durchführung der Arbeit jederzeit gewährte Unterstützung.

Ganz besonders danken möchte ich Herrn Prof. Dr. H. H. Swalve für die Übernahme des Korreferats. Sein Engagement und seine Hilfs- und Diskussionsbereitschaft haben wesentlichen Anteil an der vorliegenden Arbeit.

Mein besonderer Dank gilt

- den Geschäftsführern der TopQ-Kooperation, Herrn Dr. E. Oschika (LTR), Herrn Dr. M. Löber (RSA), Herrn Dr. J. Hartmann (RUW), Herrn Dr. J. Pott und Herrn Dipl. Ing. Agr. H. Zingel (WEU), Herrn Dr. H. J. Müther und Herrn Dipl. Ing. Agr. R. Paul (ZBH) sowie Herrn Dr. C. H. Thies (VOST) für die Finanzierung der Arbeit, die Diskussionsbereitschaft und konstruktive Kritik an einzelnen Themenkomplexen
- den Mitarbeitern der Arbeitsgruppe Haustiergenetik in Göttingen für die freundschaftliche Arbeitsatmosphäre und Hilfsbereitschaft bei allen Problemen fachlicher und nicht-fachlicher Art
- den Mitarbeitern des Fachbereichs Genetik und Biometrie des FBN-Dummerstorf für die hervorragenden Arbeitsmöglichkeiten und prompte Unterstützung bei fachlichen Fragestellungen
- Herrn Dipl. Ing. Agr. L. Dopp vom VIT für die stets schnelle Bereitstellung der Daten
- Annette Wilke für das Korrekturlesen meiner Manuskripte
- meinen Eltern, die meine Ausbildung in jeder Hinsicht förderten und unterstützten.

Lebenslauf

Name Sven König

Geburtstag/ -ort 23. Januar 1973 in Kassel

Staatsangehörigkeit deutsch

Familienstand ledig

Eltern Günter König, Landwirt, und
Ilse König, geb. Krippner

Schule

1979-1983 Grundschule Malsfeld

1983-1985 Förderstufe Altmorschen

1985-1992 Gymnasium Melsungen, Abschluss: Abitur

Landwirtschaftliche Lehre

1992-1993 Betrieb C.-E. Heinze, Lengern

1993-1994 Betrieb H. Achler, Ringgau-Renda

Abschluss: Gehilfenprüfung

Studium

1994-1999 Studium der Agrarwissenschaften an der Georg-August-
Universität Göttingen, Fachrichtung Tierproduktion
Abschluss: Diplom-Agraringenieur

Berufstätigkeit

1999-2001 wissenschaftlicher Mitarbeiter am Institut für Tierzucht und
Haustiergenetik der Universität Göttingen und mit der
Anfertigung der vorliegenden Dissertation beschäftigt

Göttingen, im November 2001