

Aus dem Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften
der Naturwissenschaftlichen Fakultät III
der
Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg



**Untersuchungen zur Heterogenität der Varianzen von Merkmalen der
Milchleistung unter differenzierter Stratifikation des Gesamtmaterials
beim Holsteinrind in Deutschland**

Dissertation

zur Erlangung des akademischen Grades
doctor agriculturarum (Dr. agr.)

vorgelegt von

Dipl.-Ing. agr. Kerstin Brügemann
geb. am 21.06.1980 in Grimma

Gutachter: Prof. Dr. Hermann H. Swalve

Prof. Dr. Lutz Schüler

PD Dr. Sven König

Verteidigung am: 20.10.2008

Halle/Saale 2008

urn:nbn:de:gbv:3-000014792

[<http://nbn-resolving.de/urn/resolver.pl?urn=nbn%3Ade%3Agbv%3A3-000014792>]

Für meine Eltern

Danksagung

Ich danke allen, die das Projekt ins Leben riefen, die finanzielle Unterstützung leisteten und auch sonst sehr zum Gelingen dieser Arbeit beitrugen. Dies sind Prof. Hermann H. Swalve, PD Dr. Sven König und die Nord-Ost-Genetic, außerdem die gesamte Arbeitsgruppe Tierzucht, insbesondere Dr. Monika Wensch-Dorendorf. Bei äußerst speziellen Fragestellungen hatte Dr. Norbert Mielenz immer ein offenes Ohr.

Ein weiterer Dank gebührt jenen, die mir entweder von Zeit zu Zeit oder täglich Ablenkung verschafften und mich darin unterstützten, den Bezug zur landwirtschaftlichen Praxis und zu sonstigen Lebensnotwendigkeiten nicht aus den Augen zu verlieren. Das betrifft meine Doktorandenkollegen, Freunde, Verwandte und vor allem meine kleine Familie, die mir sehr den Rücken gestärkt haben. Besonders wertvoll waren auch die Interessensbekundungen von Außenstehenden am Thema meiner Arbeit, die mich immer wieder das Geschriebene infrage stellen ließen und zu weiteren Geistesblitzen führten.

Nicht zuletzt bin ich denen zu Dank verpflichtet, die mich in meinem Vorhaben bestärkten oder einfach nur an das Unvorstellbare glaubten. Auch das Drängen zur Beendigung der Arbeit war immer wieder hilfreich.

Inhaltsverzeichnis

1. Einleitung	1
2. Literatur	3
2.1. Aktuelle Statistiken.....	3
2.2. Zuchtprogramme.....	4
2.2.1. Verbesserte Zuchtprogramme.....	4
2.2.2. Testherdenprogramme	5
2.2.2.1. Organisation.....	8
2.2.2.2. Kriterien zur Qualifikation	9
2.2.2.3. Kalkulation des Umfangs	10
2.2.3. Erfassung von funktionalen Merkmalen in Testherden.....	11
2.2.3.1. Eutergesundheit	13
2.2.3.2. Fruchtbarkeit.....	14
2.2.3.3. Fundament	16
2.2.3.4. Abkalbung	17
2.2.3.5. Weitere Gesundheitsmerkmale.....	18
2.2.3.6. Körperkondition.....	19
2.2.3.7. Futteraufnahme	20
2.2.3.8. Exterieur	21
2.2.4. Überregionaler Testeinsatz	22
2.3. Einflüsse auf die Nachkommenprüfung	25
2.3.1. Heterogene Varianzen	25
2.3.1.1. Ursachen heterogener Varianzen.....	26
2.3.1.2. Auswirkungen heterogener Varianzverhältnisse	27
2.3.1.3. Berücksichtigung in der Zuchtwertschätzung	28
2.3.2. Genotyp-Umwelt-Interaktionen zwischen Ländern, Regionen und Produktionsbedingungen	29
2.3.3. Unbekannte und falsche Abstammung	31
3. Datenmaterial	33
3.1. Großbetriebe	33
3.1.1. Auswahl der 100 größten Betriebe	33
3.1.2. Betriebswechsler und Rotbunte	34
3.1.3. Unterschiede in den Leistungsniveaus	35
3.1.4. Unterschiede in den Zuchtwertniveaus.....	38

3.2.	Stratifikation nach Herdengröße und -leistung	40
4.	Modellaufbau	43
4.1.	Varianzkomponentenschätzung	43
4.1.1.	Großbetriebe.....	44
4.1.2.	Rasterkombination aus Herdengröße und -leistung.....	46
4.2.	Modellselektion.....	47
5.	Ergebnisse	49
5.1.	Großbetriebe.....	49
5.1.1.	Heritabilität	49
5.1.2.	Konfidenzintervalle.....	53
5.1.3.	Genetische, Umwelt- und phänotypische Korrelationen	55
5.1.3.1.	Additiv-genetische Korrelationen	56
5.1.3.2.	Korrelationen zwischen permanenten Umweltvarianzen	57
5.1.3.3.	Phänotypische Korrelationen	58
5.1.3.4.	Korrelationen zwischen Milchmenge, Fett- und Eiweißgehalt.....	59
5.1.4.	Zusammenhänge zwischen Varianzkomponenten und bestimmten Betriebscharakteristika	60
5.1.4.1.	Herdengröße.....	60
5.1.4.2.	Laktationskombination.....	61
5.1.4.3.	Leistungsniveau und -differenzierung	63
5.1.4.4.	Zuchtwertniveau und -differenzierung.....	64
5.1.4.5.	Erstkalbealter	66
5.1.4.6.	Unbekannte Abstammung.....	67
5.1.4.7.	Leistungssteigerung	68
5.1.4.8.	Inzucht und Verwandtschaft	70
5.1.4.9.	Wichtige Väter und genetische Heterogenität der Herden	71
5.1.4.10.	Güte des Modells	72
5.1.4.11.	Heterogene Restvarianzen.....	75
5.1.4.12.	Ergänzende Betriebsinformationen von den Verbänden	76
5.1.5.	Korrelation zwischen Betrieben.....	78
5.1.6.	Rechenvarianten.....	81
5.1.6.1.	Änderungen am Modell	81

III

5.1.6.2.	Änderungen an den Daten	84
5.2.	Stratifikation nach Herdengröße und -leistung	91
5.2.1.	Heritabilität	91
5.2.2.	Zusammenhänge zwischen Varianzkomponenten und ausgewählten Betriebsfaktoren	94
6.	Diskussion	97
6.1.	Großbetriebe	97
6.1.1.	Heritabilität	97
6.1.1.1.	Verschiedene Herden und Regionen	97
6.1.1.2.	Verschiedene Laktationen	99
6.1.1.3.	Verschiedene Milchleistungsmerkmale	100
6.1.2.	Konfidenzintervalle	101
6.1.3.	Genetische, Umwelt- und phänotypische Korrelationen	101
6.1.3.1.	Additiv-genetische Korrelation	101
6.1.3.2.	Korrelation zwischen permanenten Umweltvarianzen	103
6.1.3.3.	Phänotypische Korrelation	103
6.1.4.	Zusammenhänge zwischen Varianzkomponenten und bestimmten Betriebscharakteristika	104
6.1.5.	Korrelation zwischen Betrieben	109
6.1.6.	Rechenvarianten	111
6.2.	Stratifikation nach Herdengröße und -leistung	113
6.2.1.	Heritabilität	113
6.2.2.	Zusammenhänge zwischen Varianzkomponenten und bestimmten Betriebscharakteristika	115
7.	Schlussfolgerungen	117
8.	Zusammenfassung	119
9.	Summary	123
10.	Literaturverzeichnis	125
11.	Anhang	137

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1:	Durchschnittliche MLP-Leistungen in den 4 Verbandsgebieten im Jahr 2005 (ADR, 2006)	3
Tabelle 2:	Zahl der Bullen, Herden und Töchter, Genauigkeit der Zuchtwerte, Alter der Bullen und Anteil der Bullen, die in den Zweiteinsatz gehen (nach POWELL et al., 2003)	24
Tabelle 3:	Anzahl und Anteil der Laktationen beider Ost-Verbände	34
Tabelle 4:	Anzahl der Kühe im Rohmaterial der Verbände	34
Tabelle 5:	Durchschnittliche Differenz zwischen den OST1- und OST2-Betrieben im Merkmal Fettgehalt im Laktationsverlauf je Kalbejahrgang	36
Tabelle 6:	Bandbreite der durchschnittlichen Testtags- (3. Testtag oder 1.-12. Testtag einer Kuh) und Laktationsleistungen (305-Tage) für Milch-, Fett- und Eiweißmenge sowie Fett- und Eiweißgehalt in den 100 Betrieben	38
Tabelle 7:	Zuordnung der Betriebe in Größen- und Leistungsklassen (mit Erstlaktierenden des Kalbejahres 2001)	40
Tabelle 8:	Anzahl Kühe und Betriebe (fettgedruckt) in den einzelnen Subzellen der Rasterkombination aus Herdengröße und Herdenleistung für Zuchtverband WEST1 (I) und WEST2 (II)	41
Tabelle 9:	Merkmale und Effekte in den verschiedenen Modellen für jeweils alle 100 Betriebe	44
Tabelle 10:	Mittelwert (\bar{x}), Standardabweichung (Std.), Minimum (Min.) und Maximum (Max.) für die AIC-Werte aller 100 Datensätze	48
Tabelle 11:	Mittelwert (\bar{x}), Standardabweichung (Std.), Minimum (Min.) und Maximum (Max.) für die Parameter der 100 Betriebe (Schätzmodell M1)	52
Tabelle 12:	Mittelwert (\bar{x}), Standardabweichung (Std.), Minimum (Min.) und Maximum (Max.) der 100 Betriebe für die additiv-genetischen, permanenten Umwelt- und phänotypischen Korrelationen zwischen den Laktationen 1, 2 und 3	55
Tabelle 13:	Phänotypische Korrelation (ω^2) zweier aufeinander folgender Laktationen innerhalb von Heritabilitätsklassen	59
Tabelle 14:	Mittelwert (\bar{x}), Standardabweichung (Std.), Minimum (Min.) und Maximum (Max.) über die 100 Betriebe für additiv-genetische, permanente Umwelt- und phänotypische Korrelationen zwischen den Testtagsleistungen für Milchmenge, Fett- und Eiweißgehalt der 1. Laktation	59
Tabelle 15:	Korrelationen zwischen mittleren Zuchtwerten (\bar{x}) bzw. Standardabweichung der Zuchtwerte (Std.) und genetischen Parametern (h^2 und σ_a^2) für die 100 Herden (Laktationen 1-3)	65
Tabelle 16:	Korrelationen zwischen Kalbealter und Schätzwerten	67

Tabelle 17:	Korrelationen zwischen prozentualen Anteil unbekannter Väter bzw. Mütter je Laktation und den Schätzwerten für die dazugehörigen Laktationen	68
Tabelle 18:	Anzahl (N), Mittelwert (\bar{x}), Standardabweichung (Std.), Minimum (Min.) und Maximum (Max.) für die durchschnittlichen Verwandtschafts- (V%) und Inzuchtkoeffizienten (I%) der 100 Betriebe	70
Tabelle 19:	Anzahl (N), Mittelwert (\bar{x}), Standardabweichung (Std.), Minimum (Min.) und Maximum (Max.) für die Anzahl Väter, Kühe pro Vater, Anteil Väter mit nur 1 Tochter und Anteil unbekannter Väter im Kalbejahr 1999 ('99) sowie im gesamten Zeitraum (alle)	72
Tabelle 20:	Güte des Modells (Laktation 1 bis 3) bei der h^2 -Schätzung für alle 100 Betriebe	73
Tabelle 21:	Varianzkomponenten für fünf Betriebe bei getrennter und kombinierter Schätzung	76
Tabelle 22:	Ausgewählte Betriebe, die durch extreme additiv-genetische Varianzen oder permanente Umweltvarianzen auffallen	76
Tabelle 23:	Eigene Auskünfte der Betriebe zur Charakterisierung des Managements	77
Tabelle 24:	Mittelwert, Varianzen, Heritabilität (1. Laktation, Einmerkmalsfall) und Koeffizienten für Inzucht (I%) und Verwandtschaft (V%) im Merkmal Milchleistung sowie weitere Betriebscharakteristika für die fünf Betriebe und Mittelwert der 100 Betriebe	78
Tabelle 25:	Heritabilitäten und genetische Korrelationen zwischen den Milch-kg Testtagsleistungen (1. Laktation) von je 2 Betrieben und Koeffizienten für Inzucht und Verwandtschaft mit gemeinsamem Pedigree	79
Tabelle 26:	Mittelwerte für die Anzahl der Leistungstiere (LT) und Pedigreetiere (PT) und Heritabilitäten mit Standardfehlern für die 1.-3. Laktation mit und ohne Kühe mit unbekannter väterlicher Abstammung	84
Tabelle 27:	Veränderung des Datenumfangs (Anzahl Testtage und Kühe) sowie des Heritabilitätsschätzwertes bei unterschiedlichen Vorgehensweisen zur Eliminierung von Ausreißern am Beispiel des Betriebes 93	86
Tabelle 28:	Spearman-Korrelationen zwischen genetischen Parametern und Klassen der Rasterkombination	92
Tabelle 29:	Korrelationen zwischen genetischen Parametern und der Streuung der Kuh-Zuchtwerte, dem mittleren Erstkalbealter sowie dem prozentualen Anteil unbekannter Väter (erste Laktation)	94
Tabelle 30:	Mittelwerte (\bar{x}), Minima (Min.) und Maxima (Max.) für die Varianzen der 100 Herden in der eigenen Untersuchung (Brügemann), für junge Jahrgänge (Brügemann_j) und für 3 Großbetriebe von KALM (2003) (Kalm)	99
Tabelle 31:	Korrelationen, mittlere Rangverschiebungen (Rang- Δ) und Differenzen zwischen den Heritabilitäten (h^2 - Δ) für die erste Laktation der Betriebe, nachdem Änderungen an den Daten oder am Modell vorgenommen worden waren	111

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1:	Testherden-Zuchtprogramm von Swalve (1989)	5
Abbildung 2:	Schema zu einem modernem Zuchtprogramm (SWALVE, 2004)	6
Abbildung 3:	Mittlere Testtagsleistungen für Milch-kg und Fett-% über alle Betriebe an einzelnen Laktationstagen	36
Abbildung 4:	Verteilung der durchschnittlichen Fett-%-Werte am 3. Testtag in den Betrieben nach Verbänden	37
Abbildung 5:	Mittlere Zuchtwerte für die Milchleistung (ZW) in den Betrieben und Heritabilität für die nach Heritabilität sortierten Betriebe (Zeichen zeigen unterschiedliche Herkunftsregionen der Betriebe)	39
Abbildung 6:	Additiv-genetische Varianz für die Milchleistung (Testtagsleistung, 1. Laktation, multivariates Modell M1) und Heritabilität für die nach Heritabilität sortierten Betriebe (Zeichen zeigen unterschiedliche Herkunftsregionen der Betriebe)	50
Abbildung 7:	Spannweiten der additiv-genetischen Varianz in den einzelnen Heritabilitätsklassen (1. Laktation) und Besetzung der Klassen	51
Abbildung 8:	Konfidenzintervall für jeden h^2_1 -Schätzwert (univariates Modell M2), wahrer Wert aus der Schätzung über alle Betriebe (univariates Modell M3), Rangierung der Betriebe nach h^2_1 aus multivariater Schätzung (M1)	54
Abbildung 9:	Additiv-genetische Varianzen für die Milchleistung der 1. und 2. Laktation und entsprechende additiv-genetische Korrelationen innerhalb von Heritabilitätsklassen für die 1. Laktation, darunter Besetzung der Klassen	56
Abbildung 10:	Permanente Umweltvarianz für die Milchleistung der 1. und 2. Laktation und entsprechende permanente Umwelt-Korrelationen innerhalb von Heritabilitätsklassen für die 1. Laktation	58
Abbildung 11:	Boxplots für Heritabilitäten der 1. Laktation im Merkmal Milchleistung (Modell M1) in Klassen für verschiedene Herdengrößen (alle Kühe, die in die Heritabilitätsschätzung eingingen)	61
Abbildung 12:	Verteilung der Kühe in den Betrieben und im Mittel auf die verschiedenen Laktationskombinationen	62
Abbildung 13:	Korrelationen zwischen additiv-genetischen Varianzen bzw. Heritabilitäten und mittleren Testtagsleistungen für Milch-, Fett- und Eiweißmenge der 1. Laktation sowie nebenstehend die mittleren Leistungen	64
Abbildung 14:	Standardabweichung der Kuh-Zuchtwerte für Milch-kg von Betrieben innerhalb Klassen der Heritabilität für 1., 2. und 3. Laktation, Anzahl der Betriebe innerhalb der Klassen	66

VIII

Abbildung 15: Anteil der Kühe mit unbekanntem Vätern in den Betrieben und Heritabilität für die nach Heritabilität sortierten Betriebe (Zeichen zeigen unterschiedliche Herkunftsregionen der Betriebe)	67
Abbildung 16: Mittelwerte und Spannweite der durchschnittlichen Milch-Testtagsleistung (in kg) in der ersten Laktation je Kalbejahrgang in den 100 Betrieben	69
Abbildung 17: Mittlere Töchteranteile der wichtigsten 3, 4 und 5 Väter in den 100 Betrieben innerhalb Klassen für additiv-genetische Varianz für die Testtagsmilchleistung (Kalbejahr 1999)	71
Abbildung 18: Multivariates Tiermodell im Vergleich zu univariatem Tiermodell und multivariatem Vatermodell	82
Abbildung 19: Gegenüberstellung der Schätzwerte aus der h^2 -Schätzung mit und ohne Kühe mit fehlender väterlicher Abstammungsinformation und die prozentualen Anteile unbekannter Väter pro Betrieb	85
Abbildung 20: Verteilung der Resteffekte (Residuen) an den einzelnen Melktagen (DIM) bei der Schätzung des Vorhersagewertes für die Milch-Kilogramm-Testtagsleistung des Betriebes 93	87
Abbildung 21: Datenverlust bei Verwendung des 95%-Konfidenzintervalls zur Eliminierung von Ausreißern und damit einhergehende Veränderung der Heritabilitätsschätzwerte (Sortierung nach Heritabilität für Testtagsleistungen der ersten Laktation im multivariaten Modell)	88
Abbildung 22: Heritabilitäten im Merkmal Milch-kg für Zuchtverband WEST1 in Abhängigkeit von Herdengröße und Leistungsniveau	91
Abbildung 23: Heritabilitäten im Merkmal Milch-kg für Zuchtverband WEST2 in Abhängigkeit von Herdengröße und Leistungsniveau	92
Abbildung 24: Heritabilität und Varianzkomponenten für Verband WEST1 innerhalb der Herdengrößenklassen (über Herdenleistungsklassen gemittelt)	93
Abbildung 25: Heritabilität und Varianzkomponenten für Verband WEST2 innerhalb der Herdengrößenklassen (über Herdenleistungsklassen gemittelt)	93
Abbildung 26: Streuung der Zuchtwerte (2002) im Merkmal Milch-kg für verschiedene Rasterkombinationen aus Leistungsniveau*Herdengröße in Zuchtverband WEST1	95
Abbildung 27: Streuung der Zuchtwerte (2002) im Merkmal Milch-kg für verschiedene Rasterkombinationen aus Leistungsniveau*Herdengröße in Zuchtverband WEST2	95

Anhangsverzeichnis

Tabellen:

Tabelle A 1:	h^2 -Schätzung für die 100 größten Betriebe (1. Laktation)	137
Tabelle A 2:	Bandbreite der Korrelationen zwischen den Testtags- (3. Testtag oder alle Testtage einer Kuh) und Laktationsleistungen für Milch-, Fett- und Eiweißmenge sowie Fett- und Eiweißgehalt in den 100 Betrieben	142
Tabelle A 3:	Ausgewählte Betriebe mit hohen σ_{pe}^2 oder niedrigen h^2 - betriebliche Kennzahlen	143
Tabelle A 4:	Betriebe, die mit 2 Abrechnungseinheiten in den TOP 100 vertreten sind - betriebliche Kennzahlen	143

Abbildungen:

Abbildung A 1:	Additiv-genetische Varianz für die Milchleistung (Testtagsleistung, 1., 2. und 3. Laktation)	139
Abbildung A 2:	Heritabilitäten für die Testtagsleistungen (Merkmal Milch-kg) der 1., 2. und 3. Laktation aus der multivariaten Schätzung, absteigend sortiert nach der Heritabilität der 1. Laktation	140
Abbildung A 3:	Heritabilitäten für die Testtagsleistungen (Merkmal Milch-kg) der 1., 2. und 3. Laktation aus der univariaten Schätzung, absteigend sortiert nach der Heritabilität der 1. Laktation (multivariat)	140
Abbildung A 4:	Heritabilitäten für die Testtagsleistungen (1. Laktation) der Merkmale Milch-, Fett- und Eiweiß-kg sowie Fett- und Eiweiß-% aus der multivariaten Schätzung, absteigend sortiert nach der Heritabilität der 1. Laktation	141
Abbildung A 5:	Mittlere Testtagsleistungen für Milch-kg und Eiweiß-% über alle Betriebe an einzelnen Laktationstagen	141
Abbildung A 6:	Mittlere Testtagsleistungen für Milch-kg und Fett-% über alle Betriebe im Gesamtmaterial an einzelnen Laktationstagen	142

Abkürzungen

ABL	Alte Bundesländer
AE	Abrechnungseinheit
AIC	Akaike Information Criterion
allg.	allgemein
BCS	Body Condition Score
BLUP	Best Linear Unbiased Prediction
BW	Betriebswechsler
bzw.	beziehungsweise
CVM	Complex Vertebral Malformation
Δ	Differenz
DIM	Days in Milk (Laktationstag)
Eiweiß-kg	Eiweißleistung in Kilogramm
Eiweiß-%	Eiweißgehalt in %
ET	Embryotransfer
Fett-kg	Fettleistung in Kilogramm
Fett-%	Fettgehalt in %
GUI	Genotyp-Umwelt-Interaktionen
h^2	Heritabilität
I%	Inzuchtkoeffizient
KB	Künstliche Besamung
kg	Kilogramm
KI	Konfidenzintervall
k. A.	keine Angabe
Lakt.	Laktation
LDH	Lactatdehydrogenase
Max.	Maximum
Min.	Minimum
Milch-kg	Milchleistung in Kilogramm
ml	Milliliter
MLP	Milchleistungsprüfung
MOET	multiple ovulation and embryo transfer
n	Anzahl
n. s.	nicht signifikant
NBL	Neue Bundesländer
ng	Nanogramm
NOG	Nord-Ost-Genetik
Nr.	Nummer

XII

OHG	Osnabrücker Herdbuchgenossenschaft
OST1 und OST2	zwei Zuchtverbände aus den Neuen Bundesländern
®	registered trademark (eingetragenes Warenzeichen)
REML	Restricted Maximum Likelihood
RFID	Radio Frequency Identification
r_g	genetische Korrelation
r_{TI}	Genauigkeit der Zuchtwertschätzung
RZS	Relativzuchtwert Zuchtleistung
s, Std.	Standardabweichung
SAS	Statistical Analysis System
SB	Sonderbehandlung
SCS	Somatic Cell Score
s.e. h^2	Standardfehler der Heritabilität
sign.	signifikant
SRV	Sächsischer Rinderzuchtverband e. G.
™	trademark (Warenzeichen)
TEU	Teilzuchtwert Mastitisanfälligkeit
TESSA	Teststation Sachsen
TFU	Teilzuchtwert Klauen- und Gliedmaßenerkrankung
TLE	Teilzuchtwert Leistung
TEX	Teilzuchtwert Exterieur
TM	Tiermodell
TT	Testtag
u. a.	unter anderem
VA	additiv-genetische Varianz
VIT	Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung
VK	Variationskoeffizient
V%	Verwandtschaftskoeffizient
VM	Vatermodell
WEST1 und WEST2	zwei Zuchtverbände aus den Alten Bundesländern
ZW _{Mkg}	Zuchtwert Milch-Kilogramm
z. B.	zum Beispiel
z. T.	zum Teil
σ_a^2	additiv-genetische Varianz
σ_e^2	Restvarianz
σ_p^2	Gesamtvarianz
σ_{pe}^2	permanente Umweltvarianz der Kuh
ω^2	Wiederholbarkeitskoeffizient
\bar{x}	Mittelwert

1. Einleitung

Eine Herausforderung für Rinderzuchtorganisationen ist es und wird es zukünftig umso mehr, sich durch effiziente Selektions- und Prüfverfahren im Wettbewerb zu behaupten. Zwar birgt die in Deutschland mehrheitlich regional organisierte Zuchtarbeit auch Potential zur Förderung genetischen Fortschritts. Um den wachsenden Erfolgs- und Kostendruck zu bewältigen, sollten sich Zuchtorganisationen aber verschiedenen Formen von Kooperationen nicht verschließen und außerdem die Umsetzung des jeweiligen Zuchtprogramms überdenken. Immer mehr Milchviehbetriebe werden dem Strukturwandel zum Opfer fallen und den Zuchtverbänden nicht mehr für den Testeinsatz junger Bullen zur Verfügung stehen. Die Einbeziehung funktionaler Merkmale ins Zuchtziel verlangt nach geeigneten Erfassungsmethoden sowie der dafür nötigen Motivation und den strukturellen Gegebenheiten in den Betrieben. Für eine Verlagerung des Testeinsatzes vor allem auf große Milchviehbetriebe spricht zum Beispiel die ausreichende Menge verwertbarer Töchterleistungen und Vergleichstiere, eine geringere Zahl nötiger Betriebsbesuche bei Nachzuchtbewertungen und eine bessere Auslastung technischer Hilfsmittel. Die Konzentration auf wenige Betriebe, in denen darüber hinaus zur Sicherstellung einer unverzerrten Zuchtwertschätzung auch einheitlich hohe Varianzverhältnisse herrschen sollten, liegt deshalb nahe. In einzelnen vertraglich gebundenen Betrieben können neue Prüfmethoden für herkömmliche Merkmale sowie Gesundheitsmerkmale nach definierten Standards erfasst werden. Diese sind zudem einfacher zu koordinieren und gezielter mit finanziellen Mitteln auszustatten, als dies bei einer flächendeckenden Leistungsprüfung möglich wäre.

In anderen Ländern sind Testherden, die nach speziellen Gesichtspunkten ausgewählt worden sind, für die Nachkommenprüfung von Bullen längst etabliert. Beispiele dafür sind das „Sire Proving Scheme“ in Neuseeland und „Alta Advantage“ in den USA.

Ein Ziel dieser Arbeit ist es, die Heterogenität zwischen Betrieben zu untersuchen. Das Hauptaugenmerk liegt dabei auf Großbetrieben, die eher in den beiden ostdeutschen der vier untersuchten Zuchtverbände zu finden sind. Desweiteren steht die Überprüfung des Zusammenhangs zwischen den Schätzwerten und bestimmten Kriterien, die zur Qualifizierung von Testherden herangezogen werden könnten, im Vordergrund. Auch in Gebieten ohne große Herden finden entsprechende Auswertungen - innerhalb bestimmter Klassen für Herdengröße und Herdenleistung - statt, die der weiteren Planung von Testeinsätzen dienen sollen.

2. Literatur

2.1. Aktuelle Statistiken

In Deutschland gibt es 3,5 Millionen Kühe, die einer Milchleistungsprüfung (MLP) unterliegen (ADR, 2006). Das entspricht einem Anteil von 83 % aller Kühe und 66 % aller Betriebe. Die durchschnittliche Bestandsgröße der deutschen MLP-Betriebe beträgt 49 Kühe. Von den beiden Zuchtverbandsgebieten im alten Bundesgebiet (WEST1 und WEST2), die in der vorliegenden Arbeit betrachtet werden sollen, wird dieser Durchschnittswert nur leicht übertroffen. Damit weichen die Verbände in ihrer Bestandsstruktur stark von den zu untersuchenden ostdeutschen Verbandsgebieten (OST1 und OST2) ab. Diese weisen mehr als 200 Kühen je Halter auf, da dort nach der Wiedervereinigung der beiden deutschen Staaten große Agrargenossenschaften oder andere Rechtsformen als Nachfolgebetriebe der Landwirtschaftlichen Produktionsgenossenschaften (LPG) fortbestehen. Aber auch so genannte Wiedereinrichter und Familienbetriebe zählen zu den 60 % der Unternehmen, die 100 und mehr milchleistungsgeprüfte Kühe besitzen (vgl. in Westdeutschland nur 4 %). Rund 71 % aller deutschen MLP-Kühe sind auch im Herdbuch eingetragen, im Verband WEST2 nur 38 %. Eine Erklärung hierfür kann sein, dass etwa 18 % der Kühe Rotbunte Holsteinkühe sind, die rund 560 kg weniger Milch geben, was sich im insgesamt niedrigeren Verbandsdurchschnitt niederschlägt (siehe Tabelle 1). Hinzu kommt, dass weitere 19 % Rotvieh- bzw. Doppelnutzungsrasen in diesen Wert eingehen.

Tabelle 1: Durchschnittliche MLP-Leistungen in den 4 Verbandsgebieten im Jahr 2005 (ADR, 2006)

	Kühe	Milch kg	Fett %	Fett kg	Eiweiß %	Eiweiß kg
OST1	166.844	8.347	4,07	340	3,43	287
OST2	177.339	8.354	4,09	341	3,41	285
WEST1	316.697	8.272	4,17	345	3,43	284
WEST2	293.029	7.957	4,23	335	3,42	272
Deutschland	3.527.915	7.636	4,15	317	3,44	263

Die Zahl der jährlich nachkommengeprüften Bullen liegt in den vier Partnerverbänden zwischen 50 und 130 je Verband und Jahr (NOG, 2007). Seit 1998 wird neben den eigenen konventionellen Zuchtprogrammen auch ein gemeinsames Zuchtprogramm mit dem Ziel, zukünftig 50 % der zu prüfenden Bullen daraus bereitzustellen, durchgeführt.

Derzeit gehen jährlich 150 Testbullen aus dem gemeinsamen Jungrinderspülprogramm hervor, dem ein Selektionsverhältnis von 1:10 zugrunde liegt (von 2000 Jungrindern auf der Färsenvorschlagsliste qualifizieren sich 200).

2.2. Zuchtprogramme

Zuchtprogramme verfolgen das Ziel, den Zuchtfortschritt in der Population unter Berücksichtigung ökonomischer Gesichtspunkte zu maximieren. Laut SWALVE (2002) gehören zu den theoretischen Aspekten eines Zuchtprogrammes die Zuchtzieldefinition, die Schätzung genetischer Parameter, die Auswahl der Merkmale und die Vorausschätzung des genetischen Fortschritts. Zum praktischen Teil zählt er die Durchführung der Leistungsprüfung, die Zuchtwertschätzung, die Selektion und die Zuchtorganisation. Begrenzende Faktoren für den Erfolg eines Zuchtprogrammes sind die Generationsintervalle auf den einzelnen Pfaden der Bullenväter-, Kuhväter-, Bullenmütter- und Kuhmütterselektion (RENDEL und ROBERTSON, 1950), wobei die langen Generationsintervalle der Väter besonders ins Gewicht fallen. Da bei den meisten Merkmalen im Zuchtziel nicht auf eine Eigenleistung des Bullen zurückgegriffen werden kann, müssen Nachkommenleistungen herangezogen werden. LANGHOLZ (1973) beschäftigte sich mit der Optimierung der Nachkommenprüfung und untersuchte unter anderem die Zahl der Töchter je Prüfbulle und den Testanteil in der Population. Außerdem überprüfte er die Abhängigkeit des Selektionserfolges von verschiedenen Selektionsintensitäten und der Populationsgröße.

2.2.1. Verbesserte Zuchtprogramme

Ursprünglich für Länder mit schwieriger Infrastruktur entwickelte HINKS (1978) ein Nukleusherdensystem mit offenem Nukleus. Dies besteht zum einen aus *Zulieferherden*, die die Kühe für die *Testherden* produzieren. In den Testherden findet die Leistungsprüfung der Testbullen-töchter statt, die danach zurück in die Zulieferherden oder in den *Nukleus* wechseln. Im Nukleus werden Eliteanpaarungen vorgenommen. Vorteile sind in einem höheren Zuchtfortschritt, dem Ausschluss von Sonderbehandlungen und in der verbesserten Logistik zu sehen. Verglichen mit der Population ist die Selektionsbasis jedoch sehr beschränkt und die Selektionsintensität gering. Darüber hinaus bestehen Hygienerisiken und Inzuchtprobleme.

Die intensive Nutzung von Embryotransfer (ET) in Verbindung mit Nukleusherden im Rahmen eines MOET- (Multiple Ovulation and Embryo Transfer) Nukleuszuchtprogramms wurde von NICHOLAS und SMITH (1983) diskutiert. Die Selektion von Kühen

anhand ihrer Ahnen- und Geschwisterinformationen bereits kurz nach Eintritt in die Geschlechtsreife (Jugendschema) führt zu einer drastischen Senkung des Generationsintervalls. Durch die Zucht innerhalb einzelner Nukleuserden wird eine genaue Leistungserfassung ermöglicht. Diese Prinzipien verfolgen in Deutschland die Osnabrücker Herdbuch-Genossenschaft (OHG), die Nord-Ost-Genetic (NOG) und der Sächsische Rinderzuchtverband (SRV). Während ihrer ersten Laktation werden Kühe bei der OHG für den ET ausgewählt und kommen nach der zweiten Abkalbung auf die Teststation. Beim Färsentest-Programm der OHG findet bereits in der ersten Laktation ein Stations-test der Bullenmütter-Kandidaten statt. Die NOG nutzt ein Jungrinderspülprogramm mit anschließender stationärer Bullenmütterprüfung. Von 200 geprüften Bullenmüttern werden 30 zudem einer Zweitnutzung für ET/IVP (In vitro-Produktion) unterzogen. Im TESSA-Zuchtprogramm des SRV werden jährlich 30 bis 50 Bullenmütter, sowohl Jungrinder als auch Kühe, aus Betrieben und der Teststation rekrutiert. Diese werden für den integrierten ET mit gezielter Anpaarung ausgewählt und durchlaufen anschließend eine Eigenleistungsprüfung auf Station.

2.2.2. Testherdenprogramme

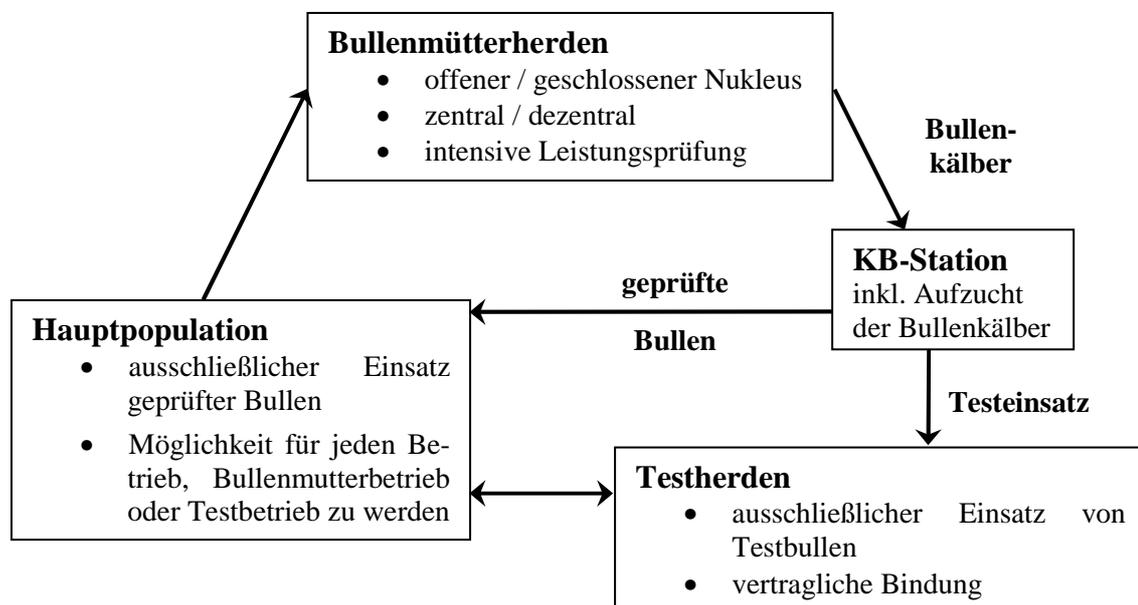


Abbildung 1: Testherden-Zuchtprogramm von Swalve (1989)

SWALVE (1989) kombinierte die Ansätze von HINKS (1978) und NICHOLAS und SMITH (1983) zu einem intensiven Testherden-Zuchtprogramm. Das von ihm vorgeschlagene Modell (siehe Abbildung 1) basiert auf dem Erwachsenenschema. Damit soll eine genaue Prüfung während der ersten Laktation ermöglicht werden, auf die beim zeitsparen-

den Jugendschema verzichtet wird. Zusätzlich können ET-Nachkommen mit einer Prüfung aller drei Laktationen in das Selektionsschema einbezogen werden. Das Generationsintervall ist im Vergleich zum konventionellen Zuchtprogramm deutlich niedriger. Der entweder offene oder geschlossene Nukleus teilt sich auf mehrere Bullenmütterherden mit intensiver Leistungsprüfung auf. In vertraglich gebundenen Testherden kommen Testbullen und in der Hauptpopulation geprüfte Bullen zum Einsatz.

Ein modernes Zuchtprogramm (siehe Abbildung 2) schließt laut SWALVE (2004) neben einer Bullenmütterteststation und Testherden auch die Nutzung effizienzsteigernder Biotechniken und die markergestützte Selektion (MAS) ein.

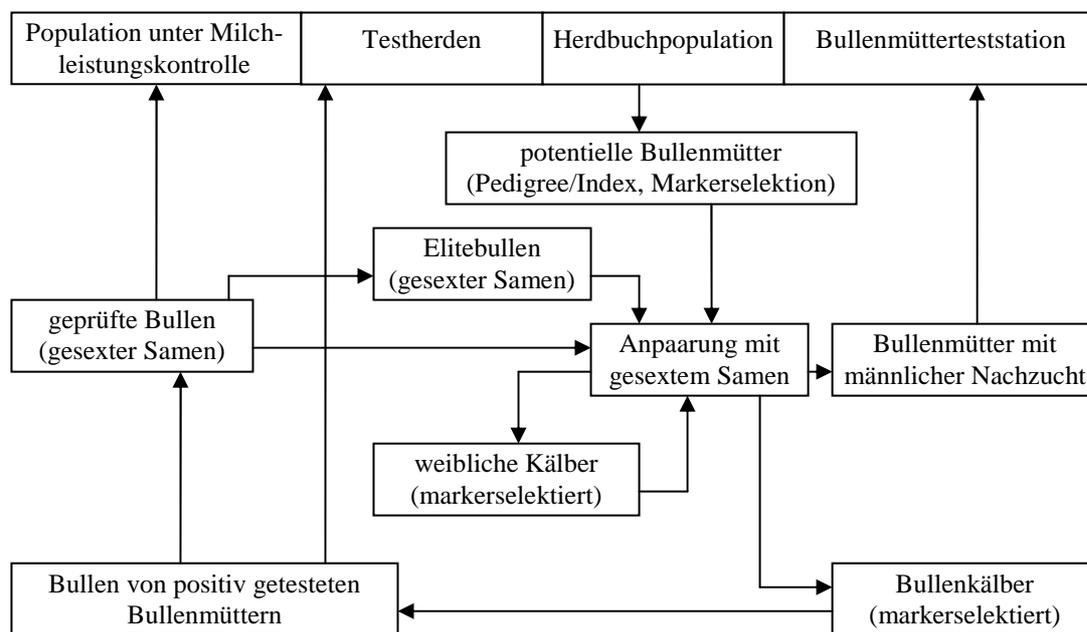


Abbildung 2: Schema zu einem modernem Zuchtprogramm (SWALVE, 2004)

Der Einsatz heute verfügbarer Instrumente der Biotechnologie richtet sich nach deren züchterischer Verwendbarkeit und Praxisreife. Relevante Entwicklungen der letzten Jahre beschreiben unter anderem SWALVE und KÖNIG (2007). Der Komplex des Embryotransfers (ET) beinhaltet Techniken zur Gewinnung unbefruchteter Eizellen, deren In vitro-Reifung und -Befruchtung sowie die Embryonengewinnung. Der ET, dessen Erfolgsraten nicht im gewünschten Ausmaß gesteigert werden konnten, dient hauptsächlich der Sicherstellung männlicher Kälber. Die Vorzüge des Sperma-Sexings werden in der Erhöhung der weiblichen Remontierung gesehen, die die hohen Abgangsra-ten und schlechte Fruchtbarkeit in den heutigen Beständen kompensieren könnte. Durch ein verändertes Geschlechterverhältnis kann die Effektivität sowohl von Testprogrammen, die auf künstlicher Besamung beruhen, als auch von Techniken im Bereich des Embryotransfers erhöht werden. Begrenzende Faktoren der beim Sperma-Sexing ver-

wendeten Durchflusszytometrie sind die Sortiergeschwindigkeiten der Geräte und die Konzeptionsrate bei der Kuh. Die Klonierung kann im Rahmen eines Zuchtprogramms für Holstein-Kühe die Spermaausbeute guter Bullen erhöhen und so die Sicherheit der Zuchtwertschätzung verbessern.

SWALVE und KÖNIG (2007) fassen Aspekte zusammen, die eine Notwendigkeit von Testherdensystemen deutlich machen. Den Zuchtorganisationen dürfte eine gestraffte Nachkommenprüfung entgegenkommen, da sie zukünftig die alleinigen Träger der anfallenden Kosten sein werden. Sie werden zudem bestrebt sein, beim Testeinsatz von Jungbullen Umwelten so auszuwählen, dass hohe Varianzen geschätzter Zuchtwerte erzielt werden können. Bei der Umsetzung neuer molekulargenetischer Kenntnisse sind exakt erfasste Leistungsdaten und Genotypisierungen nötig, die wiederum in Nukleus- und Testherden mit hoher Genauigkeit und Effizienz erhoben werden können. Letztendlich ist es auch die Möglichkeit der zentralen Steuerung der Zuchtplanung, die diese Strukturen so erstrebenswert machen.

Gegenüber einer Bullenmütter-Prüfung kann durch die Nachkommenprüfung in Testherden keine Steigerung des genetischen Fortschritts im Zuchtprogramm erreicht werden. ALPERS (1996) ermittelte einen Anstieg um $0,03 \sigma_A$ (additiv-genetische Standardabweichung) pro Jahr für Bullenmütter-Herden. Bei der Stationsprüfung von Bullenmüttern erhöht sich der genetische Fortschritt um $0,01 \sigma_A$. KÖNIG (2001) empfiehlt, die Prüfung von Bullenmüttern schon angesichts der hohen Kosten, die durch Bau und Unterhaltung einer Station anfallen, in vertraglich gebundenen Testherden zu organisieren. Wenn es sich um Nachkommen aus Embryonenimporten handelt, schlägt er vor, dass sich der Betrieb nur zur Abgabe der männlichen Kälber und zur Aufzucht von weiblichen Tieren verpflichten muss. Die Kosten für Biotechnikmaßnahmen und 180-Tage-Test trägt der Zuchtverband.

Internationale Beispiele für Testherdenprogramme finden sich in Neuseeland und in den USA. Das „Sire Proving Scheme“ (SPS) in Neuseeland (LIC, 2007) ist eines der größten Testherden-Programme weltweit. 300 Bullen (150 Holstein-Friesian, 90 Jersey und 60 KiwiCross™) werden pro Saison getestet. Dafür müssen 130.000 Kühe unter Vertrag genommen werden, um 70 Töchter zu produzieren. Die Töchter jedes Bullen sind auf 50 der 400 SPS-Herden verteilt, die jeweils mindestens 80 melkende Kühe aufweisen müssen.

„Alta Advantage“ ist das Nachkommenprüfprogramm von ALTA GENETICS (2007) in den USA. 1999 beschlossen sie, den Testeinsatz auf weniger Herden zu beschränken, die einen kommerziellen Charakter haben und einen exakten und unverzerrten Testeinsatz garantieren können. Somit wurde die Zahl der Testherden von 3000 auf 170 redu-

ziert. Zur Abstammungssicherung und für eine maximale Genauigkeit der Zuchtwerte wird bei allen Töchtern aus dem Testeinsatz ein DNA-Test durchgeführt.

In Deutschland gibt es mittlerweile ähnliche Entwicklungen. Ein ostdeutscher Verband, der auch Gegenstand dieser Arbeit ist, (KRÜGER und GÜLDENPFENNIG, 2007) hat sein System auf der Grundlage von 209 Testbetrieben, die durchschnittlich 290 Kühe mit einer mittleren Leistung von 8980 kg haben, um 22 Testherden erweitert. Dies sind ebenfalls Herdbuch-Betriebe, die aber durchschnittliche Bestandsgrößen von 721 Kühen mit 9793 kg Milchleistung aufweisen. Über die üblichen Leistungsdaten (Fruchtbarkeit, Kalbeverlauf, Leistung und Exterieur) hinaus erfassen diese Betriebe auch Informationen zu Gewicht (Kälber und Jungrinder), Erkrankungen, Abgangsursachen, Melkbarkeit, Tagen nicht verkehrsfähiger Milch und BCS (Body Condition Score).

2.2.2.1. Organisation

ALPERS (1996) legt dar, dass eine Bindung der Herden über einen Vertrag erforderlich sei. Darin würden sich die Betriebe zur ausschließlichen Verwendung von Testbullensperma verpflichten, wobei bei sehr großen Betrieben auch Zugeständnisse gemacht werden könnten. Mindestens 50 % der Besamungen müssten allerdings durch Testbullensperma gedeckt werden, um andere Teilnehmer des Testprogramms nicht zu benachteiligen. Darüber hinaus würden die Betriebe dazu angehalten 305-Tage-Leistungen zu ermelken und über eine tägliche Milchmengenerfassung hinaus zusätzliche Merkmale zu erfassen. Das Testherdenprogramm würde zentral überwacht, damit eine gleichmäßige Verteilung der Bullen über die Herden sichergestellt wäre, und die Betriebe die nötige Motivation erhielten. Hierfür müssten zusätzliche Anreize geschaffen werden, wie etwa günstige Spermepreise und Laktationsprämien.

SCHOMAKER (2001) setzte sich mit der EDV-Anbindung und der Datenerhebung unter Nutzung vorhandener Herdenmanagementprogramme auseinander. Seiner Meinung nach wären die Prüfung von Datenbeständen und der Datenfluss allerdings einfacher mit internetbasierten Programmen wie netrind (VIT, 2007) durchführbar, die wiederum Schulungen zur Datenerfassung erfordern würden. Erweiterungen dieses Systems sind die elektronische Tierkennzeichnung mittels RFID (Radio Frequency Identification) mit Auslesemöglichkeiten in verschiedenen Stallbereichen sowie der Pocket-PC, der dem Landwirt auch im Stall die gesammelten Informationen zur Verfügung stellt. Auch eine unter anderem vom Landeskontrollverband in Sachsen bereitgestellte Internetplattform, trans.lkv.net (LKV SACHSEN, 2007), soll den Anwender bei der Überwachung von Geschehnissen bezüglich der Fruchtbarkeit, Tiergesundheit und Leistung unterstützen. Die hierzu angebotene automatisierte Übertragung von Melkprozessordaten sowie Daten aus

dem Herdenmanagementsystem in eine Datenbank zum Fitness-Monitoring kann einer genauen Zuchtwertschätzung für funktionale Merkmale dienlich sein.

2.2.2.2. Kriterien zur Qualifikation

ALPERS (1996) stellte auch zu Kriterien, die einen Testbetrieb als solchen qualifizieren, Überlegungen an. Demnach sei bei der Auswahl auf eine ausreichende Größe der Betriebe zu achten, um die Remontierung sicherzustellen. Da Testbullentöchter erwartungsgemäß stärker in ihrer Leistung variieren, müssten die Betriebe aus Rentabilitätsgründen schlechte Tiere problemlos aussondern können. Desweiteren wäre ein Vorgehen nach Versuchsplan in kleinen Betrieben schwieriger, da eine ausreichende Zahl an Vergleichstieren fehlen würde. Das Leistungsniveau sollte sich über dem Populationsdurchschnitt bewegen, da genetische Unterschiede zwischen Tieren besonders in höheren Produktionsstufen zutage treten. Das kann bei kleinen Betrieben unter Umständen nicht gewährleistet sein. Bei der Erfassung zusätzlicher Merkmale ist für ihn eine hohe Qualität der betrieblichen Dokumentation unabdingbar, die auch vollständige Abstammungsaufzeichnungen einschließt.

Um Genotyp-Umwelt-Interaktionen (siehe 2.3.2) zu vermeiden, müssen für die Population repräsentative Betriebe ausgewählt werden. Damit ist gewährleistet, dass die Zuchtwerte eines Bullen sich im Wiedereinsatz bestätigen. Ist das nicht der Fall, müssen die Selektionskriterien des Systems überdacht werden.

KEHR et al. (2007) prüften 95 sächsische Herdbuchbetriebe, die anhand einer Checkliste für potentielle Testbetriebe ausgewählt worden waren, auf ihre Eignung und Bereitschaft zur vertraglichen Bindung. Auf diese Weise wurden 13 Betriebe zur Teilnahme gewonnen. Diese Betriebe besitzen zwischen 80 und 1800 aktive Kühe mit 305-Tage-Leistungen zwischen 8000 und mehr als 10000 kg Milch. Kriterien für die Auswahl waren die Möglichkeit zum reibungslosen Datentransfer, tägliche Milchmengenerfassung sowie eine Kopplung zwischen Melkprozessor und Herdenmanagementprogramm. Weitere Anforderungen waren unter anderem eine Betriebsgröße von mehr als 50 Kühen beziehungsweise mindestens 20 Test-Erstbesamungen pro Jahr, eine durchschnittliche Eiweißleistung von 210 kg in der ersten Laktation, die Unterstützung der zusätzlichen Datenerhebung anhand spezieller Diagnoseschlüssel und die Zusammenarbeit mit Tierarzt und Zuchtverband. Dies wiederum beinhaltet, dass eine zufällige Anpaarung ohne Vorselektion, ein maximaler Zeitraum zur Versamung des Spermas von zwei Monaten nach dessen Ausgabe, höchstens 20 % Schwund bei Testbullentöchtern sowie weniger als 30 % Abgänge bis zum 240. Laktationstag gewährleistet sein muss.

2.2.2.3. Kalkulation des Umfangs

Von BIRKMANN (1989) liegt ein Programm zur Kalkulation des Testeinsatzes von Jungbullen in Milchrinderpopulationen vor. Es wurde auch von ALPERS (1996) zum Vergleich des genetischen Fortschritts für Zuchtprogramme mit Bullenmütterprüfung und Testherden genutzt. Dabei geht er davon aus, dass von 100 mehrfach in der Population eingesetzten Altbullen jährlich 10 % durch stationseigene Testbullen ersetzt werden sollten. Das entspräche einer Remontierungsrate von 20 %, wenn 50 Bullen pro Jahr getestet würden. Zur Berechnung der Anzahl benötigter Herden für die Nachkommenprüfung werden die Wiederfindungsrate WFR (Anzahl nötiger Erstbesamungen von Testbullen je später wieder gefundener Töchter mit Leistung), die Töchteranzahl je Bulle, die Zahl der Testbullen sowie die durchschnittliche Herdengröße herangezogen.

$$\text{Anzahl Herden} = (\text{WFR} * \text{Töchterzahl je Bulle} * \text{Anzahl Testbullen}) / \text{Ø Herdengröße}$$

Bei einer zugrunde gelegten Wiederfindungsrate von 5:1, je 100 Töchter von 50 Testbullen und eine durchschnittliche Herdengröße von 250 würden 100 Herden benötigt. Würden eine Herdengröße von 1000 Tieren und 80 Töchter pro Bulle unterstellt, käme man mit 20 Herden aus. Durch eine Einbeziehung funktionaler Merkmale mit geringen Heritabilitäten im Zuchtziel wären jedoch höhere Töchterzahlen erforderlich. Außerdem ist eine Übertragbarkeit dieser Werte nicht ohne weiteres gegeben, wenn in den Testbetrieben geprüfte Bullen und Testbullen anderer Zuchtorganisationen eingesetzt werden. DEKKERS et al. (1996) gingen bei ihrer Kalkulation von der Maximierung des Zuchtfortschritts, der maximalen Anzahl vermarktungsfähiger Bullen, der Rendite bei Spermaverkäufen und den Kosten des Testeinsatzes aus. Die optimale Größe einer Töchtergruppe schwankt unter diesen Gesichtspunkten zwischen 20 und 105 Tieren für ein Merkmal mit mittlerer Heritabilität (0,25), dabei werden Veränderungen ökonomischer Parameter und die Wettbewerbsfähigkeit gegenüber anderen Zuchtprogrammen im Auge behalten. KUHN und FREEMAN (1995) untersuchten den Einfluss der Sonderbehandlung (SB) von Bullenmüttern auf die Zuchtwertschätzung. Demnach dürften bei einer Bullenmutter mit SB 20 bis 30 Töchter des Bullen keine SB erhalten, um unverzerrte Zuchtwerte zu erhalten.

SCHOMAKER (2001) fand einen Anstieg der Genauigkeit des Mastitisindex von $r_{TI} = 0,55$ auf $r_{TI} = 0,90$, wenn bei 70 Töchtern eines Bullen neben Zellzahlinformationen auch Erkrankungsaufzeichnungen vorliegen. Für 30 Töchter liegt die Genauigkeit des Index noch bei $r_{TI} = 0,82$.

KÖNIG (2001) führte Modellkalkulationen zum optimalen Testanteil in der Population des TopQ-Verbandes durch. Um ihren Marktanteil zu steigern, müssten Zuchtverbände mehr Bullen testen, besonders im Hinblick auf die geringe Heritabilität funktionaler Merkmale. Desweiteren müssten sie die Anzahl der Nachkommen erhöhen und höhere Anforderungen an den Pedigreezuchtwert stellen. Dabei empfiehlt er, sich auf wenige besonders herausragende Bullenväter zu konzentrieren und intensiver unter Kuhvätern zu selektieren, wenn möglich, unter Wiedereinsatzbullen anderer deutscher Zuchtorganisationen. Zur Maximierung des Zuchtfortschrittes müssten für die beabsichtigten 310 Testbullen bei einer Populationsgröße von 758.177 schwarzbunten MLP-Kühen und einem realistischen Testanteil von 20 % 500 Erstbesamungen angestrebt werden, wenn die Remontierungsrate unter den Kuhvätern von 20 auf 10 % gesenkt würde.

Die Auswirkungen und Einflüsse bei einer Einbeziehung von funktionalen Merkmalen in den österreichischen Gesamtzuchtwert untersuchten WILLAM et al. (2002). Eine Erhöhung der Töchterleistungen pro Bulle von 60 auf 100 bewirkte einen kleinen Anstieg des monetären Zuchtfortschritts für die Rasse Simmental. Die positiven Effekte bei Brown Swiss waren beachtlich. HARDER et al. (2004) untersuchten den monetären Zuchtfortschritt unter ökologischen Aspekten, das bedeutet eine höhere Gewichtung von funktionalen Merkmalen im Gesamtindex. Das Optimum lag bei einer Testkapazität von 50 % und 30 Testbullen pro Jahr mit je 99 Töchtern.

2.2.3. Erfassung von funktionalen Merkmalen in Testherden

Testherden sind für die züchterische Bearbeitung funktionaler Merkmale von Vorteil, da dort eine verbesserte Erfassung möglich ist. Abgesehen davon wäre eine flächendeckende Leistungsprüfung für funktionale Merkmale zu kostenintensiv und zeitaufwändig. SWALVE (2006) rät zudem, sich auf einfach zu erfassende Merkmale zu beschränken. Diese sollen im physiologischen Sinne nahe am eigentlichen Zielmerkmal sein. Die allgemeine Krankheitsresistenz von Tieren soll beschrieben werden, ohne dass Krankheiten pauschal zu großen Komplexen zusammengefasst werden. Zu seinen Empfehlungen gehören Erregerbestimmungen für den Merkmalskomplex Eutergesundheit, Hormon- und Pedometerdaten zur Beurteilung der Brunstaktivität, genaue Erfassung der Geburtsgewichte und -verläufe, Klauenschnittbefunde, Fressverhalten, Behandlungen bei Krankheiten und definierte Bedingungen für die Exterieurklassifizierung der Testbüllentöchter. Ein vollautomatisiertes und mit Informationen aus dem Herdenmanagementprogramm gekoppeltes System aus Dänemark (HERD NAVIGATOR, 2008) ermöglicht zum Beispiel die Analyse des Progesterongehalts, des Enzyms LDH (Lactatdehydrogenase) sowie des Gehalts an Harnstoff und Ketonkörpern während des Melkens.

Mit Hilfe von Rechenalgorithmen kann so der Brunsteintritt in Frage kommender Tiere sowie die Eutergesundheit und Stoffwechselstabilität im Bestand überwacht werden. RENSING (2005) beschreibt die Herausforderung, Standards für die Erfassung und Verarbeitung der Daten zu definieren. Weder die Software-Hersteller, noch die Kontrollverbände sind bereit, in diesen Bereich zu investieren. Daher scheint die Motivierung der landwirtschaftlichen Unternehmen, indem man sie mit Auswertungen zu den gesammelten und für die Zuchtwertschätzung bereitgestellten Daten versorgt, die sie für Managementzwecke nutzen können, am erfolgversprechendsten. Ein Merkmal, das bereits zum Ausgleich von Fütterungsdefiziten herangezogen wird, aber noch nicht in die Zuchtwertschätzung einfließt, ist die an jedem Testtag erhobene Harnstoffkonzentration in der Milch. Bewegungsnoten zur Beurteilung des Fundaments und der Body Condition Score (BCS) als Indikator für Fruchtbarkeitsprobleme sollten bei der Exterieurbenotung berücksichtigt werden. Daten, die bereits existieren, aber nicht in die Zuchtwertschätzung eingehen, sind Klauenuntersuchungen von Testbullen. Um diese Daten nutzbar zu machen, sind jedoch standardisierte Verfahren nötig. Weitere Diagnosen oder Behandlungen liegen von Tierärzten, Besamungstechnikern oder Klauenschneidern vor. Darüber hinaus wird in Herdenmanagementprogrammen eine Fülle von Daten gespeichert, wie z.B. Krankheitsdaten, Brunstbeobachtung, Gruppeneinteilung, Milchflussdaten und Abgangsinformationen. Durch umfassendere Informationen zur Herdenumwelt verspricht sich RENSING (2005) positive Auswirkungen auf die bei funktionalen Merkmalen sehr geringe Heritabilität. Letztendlich sollten mehr als die bisher berücksichtigten genetischen Beziehungen zwischen Merkmalen in Form von Hilfsmerkmalen genutzt werden. Das Optimum wäre ein Mehrmerkmalsmodell, das alle Informationen gleichzeitig verarbeitet.

Dem Bereich der Funktionalität mit den Zielmerkmalen Mastitisanfälligkeit (TEU) sowie Klauen- und Gliedmaßenkrankungen (TFU) wird auch beim Stationsindex für Bullenmütter in der Prüfstation der NOG (LEISEN, 2007) eine große Bedeutung beigemessen.

$$\text{Stationsindex} = 0,40 \text{ TLE} + 0,25 \text{ TEU} + 0,25 \text{ TFU} + 0,10 \text{ TEX}$$

Zusätzliche Informationen sollen dazu die Merkmale Zellzahl, Zentralband und Eutertiefe sowie Sprunggelenk und Hinterbeinstellung liefern. Des Weiteren gehen die Teilmutterleistung (TLE) und Exterieur (TEX) mit entsprechender Gewichtung in den Gesamtindex ein, wobei die Merkmale Eiweißmenge und -gehalt sowie 17 Merkmale aus der linearen Beschreibung berücksichtigt werden.

Aktuelle wissenschaftliche Hintergründe und Zusammenhänge zwischen funktionalen Merkmalen untereinander sowie Beziehungen zu Produktionsmerkmalen sind in der Literaturübersicht in den folgenden Abschnitten zusammengestellt.

2.2.3.1. Eutergesundheit

Einer der häufigsten Abgangsgründe im Kuhbestand ist die Mastitis, eine Erkrankung des Euters, die durch Mängel bei der Milchgewinnung und Haltung gefördert wird und nur zu einem geringen Anteil erblich ist. Als aussagekräftiger Indikator dient die Zellzahl (SCS, transformierter Wert), die im Rahmen der Milchleistungsprüfung bestimmt wird. Die Auswertung der dabei erhobenen Proben kann kaum zur Reaktion auf Erkrankungen des Euters genutzt werden, da die Ergebnisse des Labors dafür zu spät eintreffen. Mittlerweile gibt es technische Lösungen, die die Online-Messung der Zellzahl im Automatischen Melksystem und damit die Erkennung subklinischer Fälle ermöglichen (DELAVAL, 2007). Dabei wird die Zellzahl direkt mittels Leuchtstoff-Technologie und Digitalkamera gemessen. PHILLIPSON et al. (1995) fanden heraus, dass eine Selektion auf Zellzahl effektiver ist als eine direkte Selektion auf klinische Mastitis. Das Auftreten einer klinischen Mastitis definierten die Autoren als das Ereignis, bei dem eine Behandlung erforderlich wurde oder der Abgang einer Kuh aufgrund einer Mastitiserkrankung 10 Tage vor bis 150 Tage nach der ersten Kalbung verzeichnet werden musste. Subklinische Mastitisfälle blieben unberücksichtigt, obwohl sie ähnlich schwerwiegende Folgen haben, aber nur durch die Untersuchung von Entzündungsfaktoren und Krankheitserregern aufgedeckt werden können. Bei der Ableitung der Genauigkeit wurden die in der nationalen Zuchtwertschätzung Schwedens für Mastitisresistenz verwendeten Heritabilitäten $h^2 = 0,09$ (SCS) und $h^2 = 0,02$ (klinische Mastitis) unterstellt. Eine kombinierte Selektion auf beide Merkmale brachte zusätzlich 20 % Effektivität. MRODE und SWANSON (1996) ermittelten anhand von Literaturrecherchen eine mittlere Heritabilität für SCS von 0,11. HINRICHS et al. (2005) schätzten mit einem linearen Testtagsmodell genetische Korrelationen von $r_g = 0,20$ bis $r_g = 0,34$ zwischen Mastitis und Milchleistungsmerkmalen und eine genetische Korrelation von $r_g = 0,84$ zwischen Mastitis und SCS. HERINGSTAD et al. (2006) stellten fest, dass die Zuchtwertschätzung basierend auf SCS nicht in der Lage ist, die besten Väter hinsichtlich klinischer Mastitis zu identifizieren.

HAGNESTAM et al. (2007) untersuchten den Einfluss klinischer Mastitis-Fälle in unterschiedlichen Laktationsstadien auf die Milchleistung. Ein Absinken der täglichen Milchmenge war zwei bis vier Wochen vor der Diagnose zu beobachten. Die größten Verluste gab es, wenn die klinische Mastitis bei Kühen in der ersten (in einer späteren)

Laktation in der sechsten (dritten) Woche auftrat. Aufgrund eines Mastitisfalls wurde die 305-Tageleistung um bis zu 9 % (11 %) reduziert.

NORBERG et al. (2006) untersuchen die elektrische Leitfähigkeit der Milch (Konzentration von Na⁺- und Cl⁻-Ionen) als Indikator für eine Mastitiserkrankung. Anhand der gefundenen Heritabilitäten zwischen 0,22 und 0,39 sowie der genetischen Korrelation zur Mastitis in Höhe von 0,75 schlussfolgerten sie, dass die züchterische Verbesserung der Mastitisresistenz durch eine Selektion auf niedrige Leistungsfähigkeit möglich ist.

SCHAFBERG et al. (2005) werteten bakteriologische Untersuchungen gleich nach der Kalbung aus und beschrieben dies als erfolgreiche Managementmaßnahme. Die geschätzten Heritabilitäten für das Auftreten einzelner Erreger konnten bei gemeinsamer Schätzung mit der Zellzahl auf etwa 10 % gesteigert werden. Durch den Einsatz von Bullen mit gutem RZS (Relativzuchtwert somatische Zellzahl) kam es zu einer Verringerung der positiven Befunde.

2.2.3.2. Fruchtbarkeit

Der Anteil tragender Tiere in einer Milchviehherde ist entscheidend für die Wirtschaftlichkeit der Milchproduktion. Dafür ist eine Brunsterkennungsrate von 60 bis 80 % anzustreben (ZIEGER, 2004), die in den Betrieben jedoch meistens darunter liegt. BECKER et al. (2005) verglichen verschiedene Methoden zur Brunsterkennung wie die Vaginalsonde, Heat-Watch[®], das DEC[™]-System, Pedometerdaten und die Milchprogesteronanalytik, die hohe Erfolgsraten erzielen und teilweise computergestützt ausgewertet werden können. Die visuelle Brunstbeobachtung können sie zwar nicht ersetzen, aber gerade für große Herden bringen sie Vorteile. Darüber hinaus sind die dabei objektiv ermittelten Daten auch züchterisch nutzbar. Auf einige viel versprechende Verfahren - vor allem aus dem Bereich der Progesteronmessung - soll im Folgenden näher eingegangen werden.

ROELOFS et al. (2005) fanden Übereinstimmungen von 51-87 % bei visueller Brunsterkennung und durch Pedometerdaten entdeckte Brunsten für verschiedene Zeiträume. Wenn ausschließlich Zeiträume betrachtet wurden, in denen nur ein Tier brünstig war, stieg die Erfolgsrate auf 95 %. Etwa 29 Stunden nach Beginn und 19 Stunden nach Beendigung der erhöhten Schrittaktivität fand die Ovulation statt.

Auch messbar sind Lautäußerungen beim Rind, von denen neben Informationen über Alter, Geschlecht und Dominanzverhalten auch das Stadium im Brunstzyklus abgeleitet werden kann. SCHÖN et al. (2007) wendeten eine Methode zur kontinuierlichen Messung von Lautäußerungen an und ermittelten einen Anstieg der Vokalisationsrate um 84

% (59 %) von Tag -2 (Tag -1) bis zum Tag 0 der Ovulation und danach ein Absinken um 79 %.

Auch der „Brunst Observer“ (ROBOR ELECTRONICS, 2008) benutzt ein neues Konzept zur Brunsterkennung. Im Stall installierte Überwachungskameras, die in einer bestimmten Höhe montiert sind, und die entsprechende Software liefern dem Landwirt in einer kurzen Zusammenfassung alle Aufsprungereignisse von Kühen im Laufe eines Tages.

Eine hohe Aussagekraft für die Bestimmung des Brunstzeitpunktes versprechen sich unter anderem XU et al. (1998) von Progesteronmessungen. Wenn die Progesteronkonzentration in der Milch von ungefähr 2 ng/ml auf unter 0,5 ng/ml abfällt, ist mit hoher Wahrscheinlichkeit von einer Brunst auszugehen. Anhand von Progesteronmessungen zweimal wöchentlich bestimmten VEERKAMP et al. (2000) den Beginn der Gelbkörperaktivität (CLA, commencement of luteal activity), also den Zeitraum nach der Kalbung bis zum Erreichen eines Progesterongehaltes von 3 ng je ml Milch. Die genetischen Korrelationen zwischen CLA ($h^2 = 0,16$) sowie Milch-, Fett- und Eiweißmenge waren alle positiv und somit unerwünscht ($r = 0,51$, $r = 0,65$ und $r = 0,48$), zur Energiebilanz bestand ein vorteilhafter Zusammenhang ($r = -0,60$).

PRYCE et al. (2001) untersuchten den Zusammenhang zwischen der Körperkondition (BCS, body condition score), die anhand einer Notenskala von 1 bis 5 bewertet wird, und der Fruchtbarkeitsleistung. Der stärkste Konditionsverlust der Kuh fand zwischen der ersten und zwölften Woche nach der Abkalbung statt, wobei die durchschnittliche BCS-Änderung ($h^2 = 0,09$) zwischen erster ($h^2 = 0,28$) und zehnter Woche ($h^2 = 0,27$) -0,28 Konditionspunkte betrug. Der Verlust an Kondition ist negativ (unvorteilhaft) korreliert mit Fruchtbarkeitskennzahlen (Zwischenkalbezeit, Tage bis zur ersten Brunst, Tage bis zur ersten Besamung), was bei hochleistenden Kühen stärker zum Tragen kommt. Eine höhere Korrelation zur Fruchtbarkeit als der Konditionsverlust, weist eine einzelne BCS-Messung in der Früh-laktation auf, die relativ einfach zu erfassen ist und daher zur Bestandsüberwachung und als indirektes Selektionskriterium für Fruchtbarkeit im Zuchtprogramm verwendet werden könnte.

ROYAL et al. (2002) schätzten genetische Korrelationen zwischen dem Logarithmus der Gelbkörperaktivität (\ln CLA) sowie der Zwischenkalbezeit und dem durchschnittlichen BCS (body condition score, Körperkonditionsbewertung). Anhand der gefundenen Werte ($r_g = 0,36$ und $r_g = -0,84$) empfahlen sie die Einbeziehung der CLA in einen Fruchtbarkeitsindex, um die Genauigkeit zu erhöhen. Im Hinblick auf BCS-Schwankungen im Laktationsverlauf sind die Tiere züchterisch wertvoll, die ein gesundes Maß an Gewichtszuwachs bzw. -verlust zeigen, eine angepasste Fütterung vorausgesetzt. BUCKLEY et al. (2003) stellten die Bedeutung des BCS und einiger Leistungskennzahlen als wichtige Hilfsmittel zur Identifizierung des Risikos verminderter Fruchtbarkeitsleistung her-

aus. Beispielsweise konnten sie Kühen mit einem BCS > 3,0 vor der Kalbung, die zur ersten Besamung 0,5 BCS-Noten verloren hatten, 42 Tage später eine niedrigere Trächtigkeitsrate nachweisen. Außerdem standen ein niedriges Durchhaltevermögen (Persistenz) sowie ein späterer Leistungspeak im Merkmal Milchmenge im Zusammenhang mit einer geringeren Wahrscheinlichkeit der Trächtigkeit nach der ersten Besamung.

PETERSSON et al. (2007) untersuchten die Gelbkörperaktivität 60 Tage nach der Kalbung. Diese war bei zweiwöchentlicher Messung negativ ($r = -0,87$) mit verlängerter Anovulation und positiv ($r = 0,68$) mit persistentem Gelbkörper im ersten Zyklus korreliert. Selektionsindex-Kalkulationen zeigten, dass schon monatliche Progesteronproben für eine hohe Genauigkeit ($r_{TI} = 0,80$ bei 50 Töchtern pro Bulle) von CLA-Zuchtwerten ausreichen würden.

2.2.3.3. Fundament

Fundamentprobleme gehören neben Euterkrankheiten und Fruchtbarkeitsstörungen zu den wichtigsten drei Abgangsursachen von Kühen in den Betrieben. In vielen Betrieben herrschen Defizite bei der Liegeboxengröße und -gestaltung. Weitere Ursachen könnten Fütterungsfehler und Stoffwechselstörungen sein. Zur Erfassung von Klauenerkrankungen beim routinemäßigen Klauenschnitt dienen Diagnoseschlüssel (DLG, 2004). SWALVE et al. (2005) werteten Klauenbefunde von etwa 13000 Kühen in circa 100 Betrieben aus, die mit einem von PIJL et al. (2003) entwickelten Computerprogramm während des Klauenschnitts erhoben wurden. Sie ermittelten 54 % krankhafte Befunde, was auch durch wiederholte Behandlungen erkrankter Kühe bedingt sein könnte. Für wichtige Klauenerkrankungen wie Klauenrehe, Klauenfäule und Rotation konnten Heritabilitäten von bis zu $h^2 = 0,12$ geschätzt werden, das sind relativ hohe Werte für Gesundheitsmerkmale. Ein klarer Zusammenhang bestand zwischen Krankheitsrisiko und Testtagsleistung (Milchmenge), wenn das Laktationsstadium im Schätzmodell unberücksichtigt blieb. Die meisten Krankheiten häufen sich um den 50. und 100. Laktationstag, dem Laktationspeak der Kuh, der verbunden ist mit großem metabolischen Stress. GARBARINO et al. (2004) beschäftigten sich mit der Beziehung zwischen Lahmheit und Zyklusproblemen und fanden heraus, dass das Risiko des verspäteten Zyklusbeginns um 71 % gesenkt werden könne, wenn Lahmheiten vorgebeugt würde. HASKELL et al. (2006) stellten mehr Lahmheiten in Betrieben ohne Weidegang und Einstreu fest. Allerdings könnte schon eine großzügigere Gestaltung von Laufställen gesündere Fundamente bewirken. Kenntnisse über genetische Zusammenhänge beim Sulfattransport in der Klaue (BRENIG et al., 2003) und Daten, die beim Klauenschnitt erhoben würden, könnten in künftige Selektionsentscheidungen einfließen.

2.2.3.4. Abkalbung

MEYER et al. (2001) untersuchten den Anstieg des Anteils totgeborener Kälber (bis 48 Stunden nach der Abkalbung) in einem Zeitraum zwischen 1985 und 1996 und die damit verbundenen Kosten. Schweregeburt hatte einen großen Einfluss, besonders bei Erstlaktierenden. Außerdem wirkte sich das Geschlecht des Kalbes, die Trächtigkeitsdauer und die Abkalbesaison auf die Totgeburtenrate aus. Der Anteil der totgeborenen Kälber bei Färsen stieg im Zeitraum von 11 Jahren um 3,7 % an. BICALHO et al. (2007) stellten tief greifende Verluste fest, die weit über den Wert des verlorenen Kalbes hinausgehen. Dies waren zum einen ein erhöhtes Risiko der Kuh, während der Laktation abzugehen und zum anderen eine um 88 Tage verlängerte Zwischentragezeit.

HANSEN et al. (2004) verzeichneten im Zeitraum zwischen 1985 bis 2002 einen Anstieg der Totgeburtenrate von 7,1 auf 9,0 %, welchen sie auf den zunehmenden Anteil von Holstein-Frisian-Genen in der dänischen Kuhpopulation auf 94 % zurückführen. Damit geht einher, dass Geburtsprobleme sowie die Größe des Kalbes tendenziell zunehmen. HEINRICHS et al. (2005) untersuchten Parameter, die im Zusammenhang mit der Kalbung von Holstein-Färsen in 18 pennsylvanischen Betrieben erhoben worden waren. Der verwendete Schlüssel zur Beurteilung des Kalbeverlaufs bestand aus drei Kategorien (1=ohne Hilfe, 2=mit leichtem Ziehen nachgeholfen, 3=kräftiges Ziehen nötig / mechanische Unterstützung / Kaiserschnitt). Mit zunehmenden Kalbeverlaufseinheiten des Kalbes stieg dessen Erstkalbealter (17 Tage je Einheit). Außerdem bestand eine positive Beziehung zwischen Kalbeverlauf und Körperkondition, die hingegen vom Erstkalbealter abhängt.

SCHAFBERG et al. (2006) werteten Aufzeichnungen eines mecklenburgischen Großbetriebes zum Kalbeverlauf aus, denen folgender Schlüssel zur Dokumentation des Todeszeitpunkts und wichtiger Umstände bei der Geburt zugrunde lag:

- 1 = Abort, Frühgeburt
- 2 = Totgeburt
- 3 = Kalb stirbt während Geburt, trotz Hilfe
- 4 = Totgeburt oder Tod während Geburt, ohne Beobachtung
- 5 = Tod innerhalb von 48 Stunden nach der Geburt
- 6 = lebende Missbildung
- 7 = Unfall
- 8 = sonstige Gründe oder keine Angaben

Anhand einiger Väter ist in der Tendenz eine negative Beziehung zwischen maternalem und paternalem Kalbeverlauf festzustellen. Der Bulle als Vater des Kalbes (paternale Komponente) nimmt dabei Einfluss auf die Totgeburtenrate über die Vererbung von Körperformmerkmalen wie die Beckenbreite, die eine Rolle bei Geburtsschwierigkeiten spielen kann. Der Grund für eine erhöhte maternale Totgeburtenrate, die größtenteils mittels unzureichender Geburtsüberwachung zu erklären ist, wird eher in einer schlechten Körperkondition gesehen.

2.2.3.5. Weitere Gesundheitsmerkmale

SIMIANER et al. (1991) fanden unerwünschte genetische Korrelationen ($r_g > 0,5$) zwischen der Milchleistung und drei Krankheitsmerkmalen (Mastitis, Ketose, Krankheit). Außerdem waren niedrige Inhaltsstoffe mit hohen Ketosehäufigkeiten ($r_g = -0,38$ bis $r_g = -0,65$) verbunden. Deshalb sollten Krankheitsanfälligkeiten im Zuchtprogramm nicht unberücksichtigt bleiben. KADARMIDEEN et al. (2000) schätzten Heritabilitäten für Gesundheitsmerkmale (Mastitis, Lahmheit, Milchfieber, Ketose und Tetanie) in Höhe von 0,004 bis 0,038. Wenn statt des linearen Tiermodells ein Schwellenwert-Vatermodell verwendet wurde, resultierten Werte von $h^2 = 0,012$ bis $h^2 = 0,126$. Genetische Korrelationen zwischen den Krankheitsmerkmalen und der Milchleistung reichten von $r_g = 0,07$ bis $r_g = 0,37$.

DISTL (2001) empfiehlt den Aufbau einer Datenbank für Gesundheitsmerkmale auch in Deutschland. An Datenmaterialien aus Bayern, Schweden und Israel hatte er eine hohe genetische Variabilität ermittelt, die effizient zur Zucht widerstandsfähiger Rassen genutzt werden könnte. Die Heritabilitäten für Krankheitsresistenz lagen zwischen $h^2 = 0,01$ bis $h^2 = 0,04$, die Schätzwerte für Fruchtbarkeitserkrankungen reichten von $h^2 = 0,10$ bis $h^2 = 0,19$.

ABDEL-AZIM et al. (2005) schlussfolgerten, dass allgemeine Immunität züchterisch zu beeinflussen ist, da eine Heritabilität von $h^2 = 0,202$ für infektiöse Krankheiten geschätzt werden konnte. LEBLANC et al. (2006) beschrieben die Fortschritte der Krankheitsvermeidung in den letzten 25 Jahren und gingen dabei unter anderem auf die Transitperiode (Vorbereitungsfütterung zur Vermeidung von Stoffwechselstörungen und Nachgeburtsproblemen nach der Kalbung), die Kälbergesundheit und Möglichkeiten zur Gesundheitsüberwachung ein. Zeitsparende und kostengünstige Stoffwechseluntersuchungen sind zur Kontrolle subklinischer Krankheiten mittlerweile sogar im Betrieb einsetzbar.

2.2.3.6. Körperkondition

Die Bewertung der Körperkondition dient der Kontrolle des Fütterungsregimes im Kuhbestand und der Beobachtung einzelner Kühe in den kritischen Phasen der Abkalbung und Früh lactation. Mit dem Body Condition Scoring (BCS) steht dem Landwirt ein Verfahren zur Verfügung, das zwar einer subjektiven Einschätzung unterliegt, aber gegenüber anderen Verfahren zur Beurteilung des Ernährungszustandes (Messung von Körpergewicht, Brustumfang, Rückenfettdicke u.a.) ohne weitere Hilfsmittel auskommt und zudem respektable Beziehungen zu Leistung und Fruchtbarkeit aufweist. Auf EDMONSON et al. (1989) geht ein Bewertungsschema für Holsteinkühe zurück, mit dem verschiedene Körperregionen auf einer 5-Punkte-Skala (0,25-Abstände) benotet werden. DECHOW et al. (2002) leiteten anhand der gefundenen genetischen Korrelationen zwischen dem BCS und der Milch- sowie Fruchtbarkeitsleistung ab, dass auf der einen Seite eine Selektion auf Leistung den Verlust von Körperkondition steigert ($r_g = 0,17$ bis $r_g = 0,50$). Ein größerer Konditionsverlust ging auf der anderen Seite mit einem längeren Intervall zwischen Kalbung und erster Besamung einher ($r_g = 0,29$ bis $r_g = 0,68$). BERRY et al. (2003) konnten bei ihrer Untersuchung verschiedener Selektionsziele feststellen, dass es möglich ist, bei konstanter Trächtigkeitsrate auf eine höhere Leistung zu züchten, wenn BCS oder Trächtigkeitsrate positive ökonomische Gewichte bekommen. Sie schätzten Heritabilitäten zwischen $h^2 = 0,29$ und $h^2 = 0,43$ für BCS in unterschiedlichen Laktationsphasen und genetische Beziehungen zur Milchleistung zwischen $r_g = -0,51$ und $r_g = -0,14$ bzw. Trächtigkeit nach 63 Tagen von $r_g = 0,29$ bis $r_g = 0,42$. WATHES et al. (2007) untersuchten den Einfluss von metabolischen Veränderungen, die mit der Mobilisierung von Körpergewebe in der frühen Laktationsphase zusammenhängen, auf die Fruchtbarkeitsleistung. So wirkten sich höhere Konzentrationen von Leptin im Blut und niedrigere Konzentrationen von nichtveresterten Fettsäuren und Harnstoff vor der Kalbung sowie nach der Kalbung geringere Anteile insulinähnlicher Wachstumsfaktoren (IGF1) in der zweiten Woche, mehr Harnstoff in der siebten Woche und höhere maximale Milchleistungen auf ein längeres Intervall bis zur Konzeption aus. Bei Erstlaktierenden hing ein längeres Konzeptionsintervall mit einer erhöhten Körperkondition vor der Kalbung, insgesamt mehr Harnstoff und einem größeren Konditionsverlust bis zur siebten Woche zusammen.

SCHRÖDER und STAUFENBIEL (2006) berichten über mehrere Methoden zur Untersuchung der Körperreserven. Zur präzisen Bestimmung der Energiebilanz sind Laborbedingungen (u.a. für Respirationmessungen) notwendig. Für den Stall kommen nur visuell und taktil anwendbare Methoden infrage. Darüber hinaus werden die Eignung metabolischer Messungen und die Erfassung von Lebendgewicht, Brustumfang und Haut-

dicke diskutiert. Besondere Beachtung wird Ultraschalluntersuchungen der Rückenfettdicke (RFD) geschenkt, mit denen Veränderungen der Körperkondition objektiv und präzise überwacht werden können. FIETZE (2004) ermittelte Korrelationen von $r = 0,68$ bis $r = 0,74$ für verschiedene Messzeitpunkte zwischen der BCS-Methode und der RFD-Messung. Zu Beginn der Laktation gingen höhere BCS- und RFD-Werte mit höheren Milchleistungen einher. Im weiteren Verlauf gaben die Kühe mit höherem Konditionsverlust mehr Milch. Eine hohe RFD-Abnahme im Laktationsverlauf wirkt sich dagegen negativ auf die Fruchtbarkeit aus. Beim BCS lässt sich diese Aussage nicht pauschal übertragen. Dort spielen Zeitpunkt und Fruchtbarkeitsmerkmal eine Rolle, zum Teil wirken sich BCS-Zunahmen positiv aus.

BROTHERSTONE et al. (2007) untersuchten Körpergewicht und Wachstumsrate in verschiedenen Stadien der Aufzucht, Trächtigkeit und Laktation. Beide Merkmale wiesen mittlere bis hohe Erbliehkeiten auf: $h^2 = 0,41$ bis $h^2 = 0,82$ und $h^2 > 0,68$. Es wurde ein signifikanter Einfluss des Wachstums schon während der Entwöhnung (\emptyset Alter: 49 Tage) auf Mastitisanfälligkeit und Fundamentprobleme gefunden. Ein nicht zu hohes Gewicht zur Kalbung trägt zu verminderten Fruchtbarkeitsproblemen bei. Körpergewicht ist nicht nur eine Frage der Kondition, sondern steht natürlich auch im Zusammenhang mit der Körpergröße. Zunehmende Körpergrößen bedeuten auf der einen Seite mehr Futteraufnahme, verbunden mit höherem Leistungsvermögen. Auf der anderen Seite gibt es Unterschiede in der Futtereffizienz sowie Kapazitätsgrenzen bei der Gestaltung der Melkstände und Liegeboxen. Eine Reihe von Ländern berücksichtigt die Körpergröße im nationalen Gesamtzuchtwert (MIGLIOR et al., 2005). In fünf von 15 betrachteten Ländern werden mit der Körpergröße verwandte Merkmale positiv gewichtet, aber vier weitere gewichten negativ. Neuseeland betont Körpergewicht am stärksten (-19%).

2.2.3.7. Futteraufnahme

BRITT et al. (2003) untersuchten die Futtermittelverwertung bei Milchkühen, die üblicherweise bei Fleischrindern, Schweinen und Geflügel als Maßstab für die Effizienz des eingesetzten Futters dient. Dabei sind hohe Werte anzustreben, die eher als Managementhilfe als zum Vergleich von Betrieben dienen sollen. In der angesprochenen Studie schwankten die Werte zwischen 1,11 und 1,67 für 34 Betriebsbesuche in 13 verschiedenen Betrieben und die Korrelation zur Milchleistung betrug $r = 0,707$. Einflussfaktoren waren Jahreszeit und Laktationstag sowie Rohprotein- und Rohfaseranteil. Ein Rückgang der Futtereffizienz mit zunehmendem Anteil wiederkäuergerechter Bestandteile in der Ration ist wahrscheinlich auf eine reduzierte Verdaulichkeit zurückzuführen.

HUTJENS (2005) stellte fest, dass die Futtermittelverwertung bei konstanter Rationszusammensetzung zwischen 1,1 und 2,0 schwanken kann. Im Laktationsverlauf ist ein Absinken der Futtermittelverwertung zu verzeichnen, auch Alter und Laktationsnummer zielen in die gleiche Richtung. Bei Frischlaktierenden ist ein niedriger Wert von $< 1,2$ erwünscht, da Werte $> 1,4$ auf eine übermäßige Mobilisierung von Körpermasse hindeuten. Zu geringe Werte weisen im Allgemeinen auf eine Unterversorgung mit einem bestimmten Stoff hin, Kühe mit hohen Werten sind im hohen Milchleistungsniveau zu sehr auf Körperreserven angewiesen.

Anhand von Messungen zu Futter- und Wasseraufnahme sowie Sozialverhalten vor der Kalbung wollten HUZZEY et al. (2007) Rückschlüsse auf Gebärmutterentzündungen ziehen. In 12 % der Fälle war die Erkrankung schwer, in 27 % der Fälle mittelschwer. Bei einer 10-minütigen Reduzierung der Fresszeit konnte ein um 1,72 gesteigertes Risiko nachgewiesen werden. Jedes Kilogramm weniger Futteraufnahme ging mit einem dreifach erhöhten Risiko einher, nach der Kalbung zu erkranken. Außerdem kündigte sich eine spätere Erkrankung durch verminderte Aggressivität beim Fressen an.

2.2.3.8. Exterieur

Das Exterieur einer Kuh ist von entscheidender Bedeutung für deren Funktionalität. Während der ersten Laktation wird die lineare Beschreibung vorgenommen, bei der 17 Merkmale erhoben werden und außerdem Noten für die Merkmalskomplexe Milchtyp, Körper, Fundament und Euter vergeben werden. Probleme bei der Exterieur-Zuchtwertschätzung bestehen hinsichtlich der zu geringen Anzahl an Vergleichstieren und der Tatsache, dass Exterieur nur ein Hilfsmerkmal ist. Weiterhin spielt zum Beispiel auch die Befangenheit, also eine teilweise subjektive Einstufung der Tiere durch die meist bei den Besamungsstationen angestellten Klassifizierer eine Rolle, die zudem weite Strecken zurücklegen müssen

Die funktionale Nutzungsdauer drückt aus, wie gut die Kuh in der Lage ist, einer unfreiwilligen Merzung (wegen mangelnder Fitness) zu entgehen. Bei der Zuchtwertschätzung erfolgt eine Korrektur auf freiwillige Merzung, die der Besitzer anhand des Leistungsniveaus vornimmt. Mit Hilfe der so genannten Lebensdaueranalyse schätzt das VIT (Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung, 2007) in Deutschland die Abweichung einer Kuh vom mittleren Ausfallrisiko der Herdengenossinnen. Noch lebende Tiere werden geringer gewichtet. Um dennoch eine ausreichende Genauigkeit sicherzustellen, werden die Lösungen aus der direkten Zuchtwertschätzung über einen Selektionsindex mit Zuchtwerten von zusätzlichen Informationsmerkmalen kombiniert. Dazu gehören

neben Zellzahl und maternaler Totgeburtenrate auch die Exterieurmerkmale Körpertiefe, Fundament und Eutertiefe, die mit der direkten Nutzungsdauer korreliert sind.

BÜNGER et al. (2001) schätzten moderate h^2 -Werte für die funktionale Länge des produktiven Lebens (LPL) von Kühen in Höhe von $h^2 = 0,18$ und fanden die stärksten Beziehungen zu Eutertiefe, Vordereuteraufhängung und Strichplatzierung vorn. Auch SWALVE (2007) berichtet über eine große Aussagefähigkeit der Eutermerkmale hinsichtlich der funktionalen Nutzungsdauer, die sich in einem Unterschied von fast 500 Tagen LPL zwischen extremen Benotungsklassen ausdrückt. Aus dem Komplex des Fundaments spielt neben der Hinterbeinwinkelung insbesondere die Trachtenhöhe eine Rolle, die einen Unterschied von 163 Tagen LPL bewirken kann. Aufgrund der Tatsache, dass sehr starke, breite und tiefe Kühe eher kürzere LPL haben, empfiehlt er, Stärke und Körpertiefe in Zukunft als Optimalmerkmale zu berücksichtigen. Die Korrektur für Milchleistung bewirkt, dass der Vorteil für große Kühe hinsichtlich der Langlebigkeit verschwindet.

Mit einer Varianzkomponentenschätzung für Exterieurmerkmale am gesamtdeutschen Datenmaterial stellten BETHGE et al. (2005) extreme Abweichungen einzelner Verbände fest. Die Ursachen für nach unten abweichende Schätzwerte sind vermutlich auf Probleme bei der Exterieurklassifizierung zurückzuführen. Dazu gehören die unzureichende Ausnutzung der Notenskala und allgemeine Unsicherheiten bei der linearen Beurteilung, bedingt durch Zeitdruck und erschwerte Arbeitsbedingungen der Klassifizierer.

NORMAN et al. (2007) werteten Beweggründe für die Merzung von Kühen und Einflüsse auf die Nutzungsdauer aus. Gegenüber Kühen, die in der ersten Laktation abgegangen waren, hatten Kühe mit insgesamt drei Laktationen die höchste Überlegenheit bei der Erstlaktationsleistung vorzuweisen. Bei Kühen mit vier und mehr Laktationen war der Abstand nicht ganz so hoch. Kühe mit mindestens zwei Laktationen hatten 1,4 bis 1,9 Punkte höhere Gesamtnoten für Exterieur in der ersten Laktation, als während der ersten Laktation gemerzte Kühe. Der bedeutendste Merzungsgrund in der ersten Laktation war die Milch- bzw. Eiweißleistung. Exterieur spielte eine untergeordnete Rolle und wurde noch hinter der Fettleistung und Zwischentragezeit angesiedelt.

2.2.4. Überregionaler Testeinsatz

In Deutschland findet seit dem Jahr 2001 ein überregionales Austauschprogramm zur besseren genetischen Verknüpfung zwischen den Verbandsgebieten und dadurch erhöhter Sicherheit der Zuchtwerte für Testbullen statt (DHV, 2005). Im Berichtsjahr 2004 lagen die Austauschquoten bei 88 und 79 % für schwarzbunte bzw. rotbunte Holstein-

Bullen, ein Jahr später allerdings nur noch bei 83 % und 42 % (DHV, 2006). Ein Antrag auf Einstellung des überregionalen Testbullenaustauschs wurde abgelehnt.

KÖNIG (2001) stellte Überlegungen dazu an, wie der Testeinsatz von Bullen international ausgerichtet werden könnte. Grenzüberschreitende Testprogramme verbessern die genetische Verknüpfung der Daten (connectedness) für die Zuchtwertschätzung. Bei gleicher Töchterzahl in wenigen Ländern werden die Gewichtungsfaktoren nur durch die genetischen Korrelationen zwischen den Ländern beeinflusst. Es könnten spezielle Testherden genutzt werden, die die landestypischen Produktionssysteme widerspiegeln. Paralleltests von Bullen könnten so gestaltet werden, dass 100 Töchter in Deutschland und 20 Töchter im Ausland getestet werden. Mit dieser Herangehensweise sind negative Auswirkungen auf den deutschen Interbull-Zuchtwert unwahrscheinlicher, als die Verbesserung eines guten deutschen Bullen im Ausland, was sich positiv auf die Vermarktungschancen auswirkt.

In den Regionen, die Gegenstand dieser Arbeit waren, findet ein überregionaler Testeinsatz von Jungbullen in jeweils einem östlichen und einem westlichen Partnerverband statt. BRÜGEMANN und SWALVE (2006) stellten anhand von Yield Deviations (für Umwelteinflüsse und Anpaarungsniveau korrigierte Töchterleistungen) nur geringfügige Differenzen innerhalb der beiden Ost-West-Kooperationen fest. Dazu wurden im Zeitraum zwischen 2002 und 2005 7.988 Töchter von 46 bzw. 94 Bullen in den jeweiligen Gebieten ausgewertet. Die etwas höheren Standardabweichungen der Yield Deviations in einem der beiden Ost-Verbände geben aber keinen Anlass, von dem überregionalen Testeinsatz (westdeutsche Kleinbetriebe und ostdeutsche Großbetriebe) abzurücken.

WEIGEL und ZWALD (2002) beschäftigten sich unter anderem mit Milchleistungsdaten von 562 Bullen, die zwischen 1992 und 1994 international geprüft worden waren. Von den 10 untersuchten Ländern, die 1999 an der INTERBULL (International Bull Evaluation Service)-Zuchtwertschätzung teilnahmen, waren die USA, Kanada, die Niederlande, Frankreich und Deutschland am aktivsten bezüglich des Testens im Ausland. Die bevorzugten Länder für den Testeinsatz waren Deutschland, Neuseeland, Australien, Frankreich und die Niederlande. Für jedes Land wurden mittlere Genauigkeiten für die geschätzten Zuchtwerte berechnet. Wenn nur im eigenen Land oder nur in einem ausländischen Staat getestet wurde, lagen diese bei $r_{TI} = 0,89$ bzw. $r_{TI} = 0,71$. Bei einem Testeinsatz in mehreren ausländischen Staaten mit oder ohne Test im eigenen Land wurden Genauigkeiten von $r_{TI} = 0,90$ bzw. $r_{TI} = 0,78$ erzielt. Der Genauigkeitszuwachs stieg mit sinkenden genetischen Korrelationen zwischen eigenem Land und Ausland.

Tabelle 2: Zahl der Bullen, Herden und Töchter, Genauigkeit der Zuchtwerte, Alter der Bullen und Anteil der Bullen, die in den Zweiteinsatz gehen (nach POWELL et al., 2003)

Land	Bullen insg.	Herden \bar{x}	Töchter \bar{x}	Genauig- keit %	Alter zur ZWS (Monate)	Anteil Zweitein- satz (%)*
Australien	158	42	76	80	70	4,4
Kanada	1295	61	70	86	69	4,5
Dänemark	1055	80	92	88	67	4,5
Frankreich	1796	76	79	87	77	8,1
Deutschland	2258	78	108	90	71	14,7
Italien	872	54	70	85	73	7,0
Neuseeland	419	k.A.	104	90	65	9,8
Schweden	279	k.A.	144	91	75	5,0
Niederlande	1152	111	127	92	67	5,6
USA	4393	39	54	80	66	7,5

*3-5 Jahre nach erster Zuchtwertschätzung, mind. 200 Töchter

POWELL et al. (2003) stellten verschiedene Charakteristika zu den jeweiligen Testeinsätzen der INTERBULL-Länder zwischen 1995 und 2003 zusammen (siehe Tabelle 2). Die mittlere Zahl der Herden und Töchter reichte von 39 bis 111 bzw. von 54 bis 144. Länder mit höheren Anforderungen für die offizielle Zuchtwertschätzung wiesen im Allgemeinen mehr Herden und Töchter sowie ältere Bullen zum Schätztermin auf.

2.3. Einflüsse auf die Nachkommenprüfung

Der Zuchtwert eines Bullen für ein bestimmtes Merkmal dient sowohl Züchtern als Orientierung bei der Auswahl von geeigneten Besamungsbullen für ihre Herde, als auch den Zuchtorganisationen für Selektionsentscheidungen zur Erstellung der nächsten Bullenjahrgänge. Die Zuchtwertschätzung nach der BLUP-Methode (best linear unbiased prediction, HENDERSON, u.a. 1975) erfolgt unter Einbeziehung von Verwandtschaftsinformationen anhand von Nachkommenleistungen, die zum einen im Rahmen der Milchleistungsprüfung (Milchmenge, Fett- und Eiweißgehalt, z. T. auch Daten zum Milchfluss, somatische Zellzahl) erfasst werden. Daneben liegen noch Lebens- und Reproduktionsdaten und zum anderen meist von den Zuchtverbänden erhobene Daten der linearen Exterieurbeschreibung vor.

Damit die Zuchtwertschätzung zuverlässig und unverzerrt abläuft, muss die Bedingung des zufälligen Testeinsatzes der Testbullen in der Zuchtpopulation erfüllt sein. Aufgabe der KB (Künstliche Besamung)-Stationen ist es, einen zeitgleichen Einsatz des Spermas verschiedener Testbullen und die Verteilung der Töchter über alle Umweltklassen, außerdem eine möglichst gute Verknüpfung mit Töchtern geprüfter Vererber sicherzustellen (ADR, 2005). Die Zuchtverbände bedienen sich dabei verschiedener Vergünstigungen, um z. B. mit Hilfe des so genannten „Zweitkalbskuhbeschlusses“ einen bestimmten Testanteil in der Population zu erreichen.

2.3.1. Heterogene Varianzen

DODENHOFF (1995) fasste zusammen, dass es im Laufe der Zeit verschiedene Ansätze dazu gab, unter welchen Umweltbedingungen Selektion stattfinden sollte. So befürwortete LUSH (1945) eine Selektion unter den Umweltbedingungen, unter denen die Tiere selbst oder ihre Nachkommen Leistung erbringen sollten. Laut HAMMOND (1947) treten genetische Unterschiede zwischen Tieren am deutlichsten hervor, wenn unter möglichst optimalen Umweltbedingungen selektiert wird. FALCONER (1952) betrachtete Leistungsausprägungen in verschiedenen Umwelten als unterschiedliche Merkmale. Durch einen Vergleich von direkten und korrelierten Selektionserfolgen sollte die optimale Umwelt für die Selektion bestimmt werden. ROBERTSON et al. (1960) fragten sich, ob Heritabilitätsunterschiede zwischen Umwelten bestehen und dadurch die Rangierungen von Bullen beeinflusst werden. Nach VAN VLECK (1963) sollte zugunsten einer höheren Genauigkeit der Zuchtwertschätzung im niedrigen Leistungsniveau kein Testeinsatz stattfinden, da dort die geringsten genetischen Varianzen und Heritabilitäten zu finden sind. Hinweise auf Genotyp-Umwelt-Interaktionen (GUI) wurden dagegen nicht gefunden,

obwohl die unterschiedlichen genetischen Varianzen zwischen Produktionsniveaus auch eine Form von GUI darstellen.

Eine Annahme der meisten in der Zuchtwertschätzung verwendeten BLUP-Verfahren ist die homogene Varianzstruktur zwischen Prüfumwelten. In vielen Studien sind aber heterogene Varianzen oder Heritabilitäten für Produktionsmerkmale bei Milchkühen in bestimmten Herdenklassen und anderen fixen Effektstufen nachgewiesen worden. HILL et al. (1983) nahmen zum Beispiel eine Gruppierung von Herden nach mittleren Milchleistungen, Standardabweichungen der Leistung und Variationskoeffizienten vor. Sie beobachteten einen Anstieg der Varianzen und Heritabilitäten von niedrigen zu höheren Klassen, besonders, wenn nach Intraherdenvarianz eingeteilt worden war. In der Analyse von LOFGREN et al. (1985) führten steigende Herdenmittel nicht, aber steigende Herden-Standardabweichungen wohl zu einer leichten Erhöhung der Heritabilitäten bei Holsteinkühen. Bei Jerseys war ein deutlicher Anstieg zu verzeichnen, auch die Heritabilitäten waren höher. SHORT et al. (1990) teilten ihre Daten nach Herden-Jahres-Standardabweichung der Milchleistung ein und ermittelten die höchsten Vater- und Restvarianzen in der hohen Klasse der Standardabweichung. Die höchsten Heritabilitäten fanden sie aber in der mittleren Klasse sowie in der frühesten Zeitperiode.

2.3.1.1. Ursachen heterogener Varianzen

Als mögliche Ursachen für heterogene Varianzen sehen SHORT et al. (1990) Unterschiede in Wissen, Können und Ressourcen der Betriebsleiter, um das Potential der Kühe ausschöpfen zu können. Nicht nur an die Leistung, sondern auch ans Laktationsstadium angepasste Fütterungsgruppen können dazu führen, dass die genetische Varianz besser exprimiert wird. PADILLA und KEOWN (1990) sehen in optimierter Haltung, Fütterung und Gesundheitsprophylaxe einen Grund für hohe Variabilität. VISSCHER (1991) diskutiert in diesem Zusammenhang über Genotyp-Umwelt-Interaktionen, gemeinsame Umwelteffekte auf Halbgeschwister und Sonderbehandlung. Außerdem können Management (Fütterung und Haltung) und Zuchtstrategie eine Rolle spielen. Weitere Aspekte sind Herdengröße, Melksystem und TMR-Fütterung (WEIGEL et al., 1993). SWALVE und DÖPKE (1994) führen erhöhte Intraherdenvarianzen unter anderem auf Sonderbehandlung potentieller Bullenmütter, extrem niedrigleistende Tiere in der Herde, das Melken von Trägartieren, Zukauf von Spitzentieren und den Einsatz von Testbullen zurück.

2.3.1.2. Auswirkungen heterogener Varianzverhältnisse

Das Außerachtlassen heterogener Varianzstrukturen kann in BLUP-Zuchtwertschätzungen zu Verzerrungen führen, die sich zum einen auf die Zuchtwerte der Tiere und zum anderen auf die Anteile selektierter Tiere aus Umwelten mit über- oder unterdurchschnittlichen Varianzen auswirken. EVERETT et al. (1982) ermittelten, dass 0,2 % der zur Selektion bevorzugten Kühe aus Niedrig-Varianz-Herden stammen, 6 bis 7 % kommen aus Hoch-Varianz-Herden. Laut einer Untersuchung von POWELL et al. (1983) bringen die höherleistenden Herden wesentlich mehr Elitekühe hervor, da hohe Durchschnittsleistungen offenbar mit hohen Standardabweichungen einhergehen. Die größere potentielle Selektion von Kühen aus diesen Herden, deren Abweichung möglicherweise zu viel Gewicht im Kuhindex erhält, wäre aber bei vergleichbaren durchschnittlichen Vaterzuchtwerten in anderen Herden durch die höheren Heritabilitäten gerechtfertigt. In einem Selektionsbeispiel von HILL (1984) werden aus der variableren Umwelt umso mehr Tiere selektiert, je größer die Varianzunterschiede und die Selektionsintensität sind. Wenn die Standardabweichung der variableren Population 50 % größer als die der weniger variablen ist, dann werden bei 10 % Selektionsintensität 95 % der Tiere aus dieser selektiert.

Laut VINSON (1987) sind keine Verzerrungen in der Bullen-Zuchtwertschätzung zu erwarten, wenn eine gleichmäßige Verteilung der Töchter über Herdenvarianzklassen sichergestellt wird und somit die stärkere Beeinflussung des Zuchtwertes durch die höhere Gewichtung der Leistungen von Töchtern in variableren Herden vernachlässigt werden kann. Da Kühe und deren Mütter die meiste Zeit ihres produktiven Lebens in derselben Herde unter konstanten Varianzverhältnissen verbringen, sind die Auswirkungen auf die Kuh-Zuchtwertschätzung und damit die Auswahl potentieller Bullenmütter dramatischer, hier ist sogar mit Akkumulationen über die Jahre zu rechnen. Wenn die höhere Variabilität nicht auf eine größere additiv-genetische Varianz zurückzuführen ist, muss mit einer reduzierten Effizienz der Selektion gerechnet werden. Nach GARRICK und VAN VLECK (1987) findet eine effiziente Selektion unter Annahme von Homogenität statt, wenn die Heritabilität in der variableren Umwelt am höchsten ist. DONG und MAO (1990) sahen in der Einteilung der Daten nach Herde-Jahr-Varianz die effektivste Methode, um heterogene Schätzwerte für Varianzkomponenten und Heritabilität zu produzieren. MEINERT und PEARSON (1988) stellten fest, dass in Herden mit hohen Standardabweichungen für Milchleistung, hohen durchschnittlichen Fettmengen, jüngeren Kühen und dem Einsatz vieler junger Väter sowie einem höheren Anteil künstlich besamter Kühe ein schnellerer Zuchtfortschritt stattfindet.

DODENHOFF und SWALVE (1998) ermittelten heterogene Varianzen und Heritabilitäten in verschiedenen Regionen Norddeutschlands, für die im Routineverfahren der deutschen Zuchtwertschätzung nicht korrigiert wird. Sie fanden heraus, dass mehr Kühe aus Subregionen mit höheren Heritabilitäten selektiert werden, wenn das von ihnen entwickelte Korrekturverfahren nicht angewendet wurde. VAN TASSELL et al. (1999) bildeten vier gleich große Gruppen basierend auf Standardabweichungen der 305-Tage-Milchleistung innerhalb eines Herdenjahres. Die mittleren Heritabilitäten über alle Rassen stiegen mit zunehmender Standardabweichung in den Quartilen an. Daraufhin wurde die in der nationalen Zuchtwertschätzung (USA) verwendete Heritabilität von $h^2 = 0,25$ auf $h^2 = 0,30$ angehoben. SWALVE und DIETL (2001) berichten über Unterschiede in den Varianzverhältnissen zwischen einzelnen Regionen Deutschlands, die durch eine Vorstandardisierung der Daten für die nationale Zuchtwertschätzung nicht behoben werden. Dies wirkt sich auf die Varianz geschätzter Zuchtwerte und somit auch auf den Erfolg von Zuchtorganisationen aus.

2.3.1.3. Berücksichtigung in der Zuchtwertschätzung

In der deutschen Zuchtwertschätzung des VIT werden die Rohdaten innerhalb der korrigierten Herdentesttage vorstandardisiert (REENTS et al., 1998), indem die mittlere Streuung auf das Produktionsniveau bezogen und die Anzahl der Testtage gewichtet wird. Damit soll verhindert werden, dass sonderbehandelte Kühe mit großen Leistungsabweichungen vom Herdendurchschnitt in nationalen Toplisten überrepräsentiert sind und somit Zuchtwerte von ausländischen Testbullen unverzerrt geschätzt werden können. Wenn in Großbetrieben aufgrund der teilweise beträchtlichen Leistungsspanne hohe Intraherdenvarianzen vorkommen, sind dadurch große Stauchungen in der Zuchtwertschätzung möglich.

GRÜNHAGEN (1998) empfahl, bei der Ableitung der Korrekturfaktoren unbedingt darauf zu achten, dass der Teil der Varianz der auf zufälligen Effekten beruht, nicht unberücksichtigt bleibt. Er korrigierte heterogene Varianzen innerhalb einer Herde mit Hilfe der Clusteranalyse. Dies führte bei Kühen zu größeren Rangverschiebungen als bei Bullen, und mehr Betriebe konnten Kühe unter den TOP500 platzieren.

Neben Methoden zur Vorkorrektur der Daten auf der Basis phänotypischer Varianzen, wurden auch logarithmische Transformationen angewendet, die aber zur Überschätzung von Kühen in schlechten Herden führen können (BOLDMAN und FREEMAN, 1990).

Andere Methoden zur Korrektur heterogener Varianzen greifen während der Zuchtwertschätzung direkt im Modell an. Die Methode, die MEUWISSEN et al. (1996) zur Beschreibung der Varianzheterogenität vorschlagen, berücksichtigt Kovarianzen zwischen

Beobachtungen während der Modellierung der Daten. Dazu wird ein multiplikatives Modell verwendet, das simultan Zuchtwerte und Heterogenitätsfaktoren schätzt.

MARK (2004) wertete Fragebögen zu verschiedenen Zuchtwertschätzmethoden von 31 INTERBULL-Mitgliedsländern aus. Sechs Länder nehmen eine simultane Korrektur von heterogenen Varianzen vor, die durch nichtgenetische Faktoren verursacht worden sind. Vier Länder wenden die „Meuwissen-Methode“ an, die durch eine autokorrelative Struktur ergänzt worden ist. Während die Mehrzahl der Länder nur heterogene Rest- oder phänotypische Varianzen berücksichtigt, korrigieren die USA heterogene genetische und Restvarianzen (WIGGANS und VAN RADEN, 1991). Dies bewirkt erhöhte Standardabweichungen für Bullen, die in Regionen mit niedrigen Varianzen getestet worden waren, und weniger Elitekühe, die aus Herden mit hohen Varianzen stammen. Insgesamt 20 der betrachteten Länder wenden Vorkorrekturen an, weitere 11 Länder benutzen Korrekturen sowohl für Mittelwerte als auch Varianzen.

2.3.2. Genotyp-Umwelt-Interaktionen zwischen Ländern, Regionen und Produktionsbedingungen

Eine Ursache für heterogene Varianzen können Genotyp-Umwelt-Wechselwirkungen (GUI) sein, die sich darin äußern, dass verschiedene Genotypen unterschiedlich auf Veränderungen der Umwelt reagieren (FALCONER, 1984). Wenn GUI in der Zuchtwertschätzung nicht berücksichtigt werden, kann das zu verzerrten Zuchtwerten und uneffektiver Selektion führen. Prozeduren zur Berücksichtigung von heterogenen Varianzen und Skaleneffekten unterdrücken diese Interaktion. Die verschiedenen Ansätze zur Analyse von GUI sind Modelle mit Interaktionsterm aus genetischen und Umwelteffekten, genetische Korrelationen zwischen Umwelten, die als verschiedene Merkmale definiert wurden und auch das Reaktionsnorm-Konzept. Eine Reaktionsnorm ist die umweltbedingte Empfindlichkeit eines Genotyps in verschiedenen Umwelten.

MARK (2004) führte niedrige genetische Korrelationen zwischen Ländern auf Abweichungen bei Merkmalsdefinitionen, Datenqualität und Schätzprozeduren sowie Genotyp-Umwelt-Interaktionen zurück. Weitere Faktoren sind möglicherweise schwache genetische Verknüpfungen und fehlerhafte Abstammungsinformationen. Während die genetischen Korrelationen für Milchleistung im Mittel bei $r_g = 0,88$ lagen, erreichten die Länder nur $r_g = 0,59$ für das Merkmal Nutzungsdauer, das einerseits unterschiedlich definiert ist und andererseits verschiedenen Merzungsstrategien unterliegt. Die sieben Länder, die für alle Merkmale Zuchtwerte schätzen, erzielten durchschnittliche Werte von $r_g = 0,92$ und $r_g = 0,71$ für Milchleistung und Nutzungsdauer, was für eine gute Verknüpfung spricht.

WINDIG et al. (2005) untersuchten Zusammenhänge zwischen Milchmenge und Fruchtbarkeitskennzahlen in verschiedenen Umwelten. Die Rastzeit (Zeitraum zwischen Kalbung und erster Besamung) wies in Betrieben mit hoher Intensität, mit hoher Fruchtbarkeit und in kleinen Betrieben die höchste Korrelation zur Milchleistung auf. CALUS et al. (2005) fanden bei Kühen minimale genetische Korrelationen von $r_g = 0,65$ für Überlebensdaten zwischen Herden mit unterschiedlichem durchschnittlichen Kalbealter. Sie empfehlen umweltspezifische Zuchtwerte zu schätzen, die für individuelle Selektionsindices genutzt werden sollten. BRYANT et al. (2007) wiederum schlussfolgerten anhand der Korrelation $r_g = 0,9$ zwischen Herden mit Unterschieden zwischen Fett-Eiweißleistung und Hitzebelastung, dass es in Neuseeland keine derart vielfältigen Umweltbedingungen gibt, dass verschiedene Zuchtprogramme gerechtfertigt wären. NAUTA et al. (2006) beschäftigten sich mit ökologisch wirtschaftenden Betrieben und fanden dort höhere Heritabilitäten für Milch-, Fett- und Eiweißmenge sowie SCS (logarithmierte Zellzahl) als bei konventionell wirtschaftenden Betrieben. Die genetischen Korrelationen zwischen Umstellungsbetrieben und Biobetrieben sowie zwischen Biobetrieben und konventionellen Betrieben lagen bei $r_g = 0,79$ bzw. $r_g = 0,80$.

KÖNIG et al. (2005) untersuchten genetische Korrelationen zwischen Regionen in Ost- und Westdeutschland. Diese befanden sich in einem Bereich zwischen $r_g = 0,90$ und $r_g = 0,95$, sanken aber auf $r_g = 0,79$, wenn die ostdeutschen Daten nur noch große Herden beinhalteten. Daneben fassten sie Studien über GUI zusammen und schlussfolgerten, dass genetische Korrelationen zwischen Herdenklassen oder Regionen tendenziell höher sind, als die zwischen Ländern. Bei der internationalen Zuchtwertschätzung (MACE), die einer besseren Vergleichbarkeit der Zuchtwerte von Bullen mit Töchtern in verschiedenen Ländern dienen soll, werden die Leistungen jedes Mitgliedsstaates als extra Merkmal betrachtet (SCHAEFFER, 1994). WEIGEL und REKAYA (2000) schlugen eine internationale Zuchtwertschätzung mit einem Herden-Cluster-Modell vor. Dazu wurden Herden unabhängig von Ländergrenzen (borderless clustering) nach 13 Kriterien zur Charakterisierung des Produktionssystems zu fünf Clustern zusammengefasst, zwischen denen genetische Korrelationen von $r_g = 0,81$ bis $r_g = 0,97$ bestehen. MALTECCA et al. (2004) verglichen verschiedene MACE-Methoden anhand der Anzahl gemeinsamer Bullen in den Toplisten und der Rangkorrelationen der Bullenzuchtwerte. Wichtiger als die Wahl der richtigen Methode erscheinen Ihnen aber andere Faktoren wie Datenqualität und Abstammungssicherheit für die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung.

2.3.3. Unbekannte und falsche Abstammung

Fehlende oder falsche Informationen im Pedigree der Tiere können die Zuchtwertschätzung beeinflussen. HARDER et al. (2005) zeigte, dass fehlende väterliche Abstammung einen negativen Einfluss auf die Varianz von Bullen-Zuchtwerten und den Zuchtfortschritt hat. LUTAAYA et al. (1999) untersuchten die Unterschätzung des Inzuchtniveaus mit verschiedenen Algorithmen bei unvollständigen Aufzeichnungen zur Abstammung. Mit der Verwendung von genetischen Gruppen in BLUP-Zuchtwertschätzungen soll Selektion bei fehlenden Abstammungsinformationen berücksichtigt werden können. WESTELL et al. (1988) vereinfachten dazu die Aufstellung der Mixed-Model-Gleichungen (MMG).

Heutzutage werden zur Abstammungsidentifikation DNA-Marker verwendet. Diese Methode kann gegenüber der traditionellen Bluttypisierung nicht invasiv, genauer und an eingelagertem Gewebe oder auch Sperma durchgeführt werden. VISSCHER et al. (2002) konnten in Großbritannien mit Hilfe von Haaruntersuchungen 8,8 % und anhand von Milchproben 13,1 % Abstammungsfehler schätzen. Damit wäre ein Rückgang im Zuchtfortschritt um 2 bis 3 % verbunden. BANOS et al. (2001) untersuchten Auswirkungen falschen Väterinformationen, die bei Kühen in den USA 11 % betragen. Dazu gehörte neben einem Rückgang des genetischen Trends um 11-15 % auch eine Reduzierung der genetischen Korrelation um $r_g = 0,04$ bis $r_g = 0,06$ zwischen Ländern, die an einer länderübergreifenden Zuchtwertschätzung (MACE) teilnehmen. WELLER et al. (2004) lehnten bei 11,7 % der untersuchten Kühe in Israel die Vaterschaft ab. In 20 % der Fälle könnten falsche Aufzeichnungen aufgrund mehrfacher Besamung mit verschiedenen Bullen die Ursache sein. Qualitätskontrollen bei der Besamung würden die Fehlerrate um 8 % senken, der Zuchtfortschritt würde um 1 % steigen.

3. Datenmaterial

Bei den vom Rechenzentrum für Tierzucht in Verden (VIT) überstellten Daten handelte es sich um Milchleistungsdaten von Holstein-Kühen. Diese stammen aus vier norddeutschen Zuchtverbandsgebieten mit einem gemeinsamen Zuchtprogramm, welche sich auf das Neue und Alte Bundesgebiet verteilen (OST1 und OST2 sowie WEST1 und WEST2). Die Dateien enthielten Testtagsgemelke aus rund fünf Millionen Laktationen der Kalbejahrgänge 1992 bis 2004 und rund zweieinhalb Millionen Zuchtwerte vom Schätztermin Februar 2004. Zu jedem Testtag wurden die in der Milchleistungsprüfung (MLP) angewendeten Verfahren mitgeliefert. Außerdem gab es Informationen zu Abstammung und Verbandszugehörigkeit sowie allgemeinen Lebensdaten. Für Väteranalysen wurde zudem eine Zuchtwertdatei vom VIT benutzt. Die Datenaufbereitung und -analyse erfolgte mit SAS (SAS Institute, 2000).

3.1. Großbetriebe

3.1.1. Auswahl der 100 größten Betriebe

Die 100 größten Betriebe wurden anhand einer Liste mit Erstlaktierenden aus den Kalbejahren 1997 bis 2002 ausgewählt, um einerseits eine annähernd aktuelle und repräsentative Aussage über die Bestandsgröße treffen zu können. Andererseits sollten in der Aufgabe befindliche Betriebe möglichst außer Acht gelassen werden. Unter den 100 Betrieben befanden sich letzten Endes trotzdem zwei Betriebe, die bereits nicht mehr produzierten. Sinkende Kuhzahlen waren darüber hinaus bei vielen zu verzeichnen. Die Auswahl der Betriebe erfolgte über eine elfstellige Nummer, die auch zwei Stellen für die Abrechnungseinheit (AE) beinhaltet. Dadurch konnte bei mehreren Abrechnungseinheiten pro Herde auf einen zusätzlichen Betriebseffekt verzichtet werden. Unter den 100 Betrieben gab es nur 19, von denen nur eine AE existiert. Die meisten Betriebe besitzen zwei AE, zu einem Betrieb gehören neun verschiedene AE. Zwei Betriebe besitzen sogar je zwei Partnerbetriebe mit mehr als 1000 Laktationen, in manchen der Partnerbetriebe gab es allerdings nur eine Kuh in 12 Kalbejahren. Insgesamt stellen die 100 Betriebe mit 651.154 Laktationen, 339.245 Kühen und 5.217.411 Testtagen etwa 25 % des Gesamtbestandes. Dieser Anteil ist lediglich ein Näherungswert, denn er bezieht sich auf die beiden Ost-Verbände (OST1 und OST2) im Datenmaterial, aus denen 97 der 100 Betriebe stammen. Drei weitere Betriebe tauchen nur unter den 100 größten Betrieben auf, weil sie Sitz und MLP-Zugehörigkeit in einem dritten ostdeutschen Bun-

desland innerhaben, obwohl sie Mitglieder des westdeutschen Verbandes WEST1 sind. Der Verband OST2 platziert 53 Betriebe mit durchschnittlich 6.832 Laktationen unter den Top100 nach Größe.

Tabelle 3: Anzahl und Anteil der Laktationen beider Ost-Verbände

	OST1		OST2	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
insgesamt	1.197.728	46,2 %	1.392.712	53,8 %
100 Großbetriebe	267.353	42,5 %	362.077	57,5 %

Tabelle 3 lässt erkennen, dass OST1 mit weniger Laktationen im Gesamtmaterial (46,2 % vs. 53,8 %) relativ dazu auch weniger Laktationen in die Auswertung der 100 Großbetriebe einbringt. Die 44 OST1-Betriebe weisen im Durchschnitt 6.076 Laktationen auf. Die Bestandsgröße aller MLP-Betriebe ist allerdings im Verbandsgebiet von OST1 höher, als bei OST2 (243 vs. 211).

3.1.2. Betriebswechsler und Rotbunte

Die Datenbereinigung der Testtagsdaten beschränkte sich auf die Eliminierung von Betriebswechslern und Rotbunt-Herden. Auf eine Eliminierung von Ausreißern, deren Leistung an einem Laktationstag außerhalb bestimmter Grenzen lag, wurde bewusst verzichtet, damit sich verfälschte Daten aufgrund von schlechter Dokumentation im Betrieb oder an anderer Stelle auf die Schätzung der Heritabilität auswirken.

Tabelle 4: Anzahl der Kühe im Rohmaterial der Verbände

Betrieb	Anzahl Kühe auf der Liste (ohne Betriebswechsler)	endgültiger Datensatz (n=339.245)	
		Anzahl Kühe	Ø Bestandsgröße
1	6.235 (6.230)	15.083	2.432
2	5.650 (5.623)	11.826	1.990
...
77	1.101 (718)	1.442	233
91	1.020 (291)	1.115	316
100	987 (987)	2.043	347

Da die Schätzung auf einzelne Betriebe begrenzt bleiben sollte, wurden Laktationen, bei denen ein Betriebswechsel stattgefunden hatte, aus dem Datenmaterial gelöscht. Diese Überlegung sollte eine Beeinträchtigung der Ergebnisse durch verschiedene Formen von Selektion ausschließen. Der in Tabelle 4 aufgeführte tatsächliche Kuhbestand inklusive aller Laktationen und Kalbejahrgänge ist bereits um Betriebswechsler (BW) reduziert. Damit bringt der größte Betrieb 15.083 Kühe mit maximal drei Laktationen in die Schätzung ein, der kleinste 2.043. Auf den Listenplätzen 77 und 91 stehen zwei Betriebe, von denen aufgrund ihres 31 % bzw. 36 % hohen Betriebswechsleranteils (auf Laktationen bezogen 13 % bzw. 55 %) tatsächlich nur 1.442 bzw. 1.006 Kühe im Datenmaterial verbleiben.

Betriebe mit einem Anteil von mehr als 20 % Rotbunten Holsteins wurden bei der Vorauswahl der größten Herden aus dem Datenmaterial ausgeschlossen, da die dort verfolgte Zuchtstrategie nicht in den Rahmen dieser Auswertung passt. Rotbunte Herden sind mit dieser Hürde am ehesten zu fassen. Einzelne Rotbunte Kühe, die durch zufällige „Ausmendelung“ entstanden sind, sind davon nicht betroffen.

3.1.3. Unterschiede in den Leistungsniveaus

Die durchschnittliche Laktationsleistung für Milchmenge im Betrieb sollte nur als Hilfsparameter dienen und war nicht die zu untersuchende Variable. Sie wurde wie die anderen ausgewählten betrieblichen Kennzahlen ergänzend zur mittleren sowie zur dritten Testtagsleistung in Beziehung zur Heritabilität der Testtagsleistung gesetzt. Eine Testtagsleistung wird im Rahmen der Milchleistungsprüfung größtenteils in monatlichen Abständen erfasst. Abgesehen von tagesformabhängigen Schwankungen, kann es aufgrund von Brunsterscheinungen oder Erkrankungen, unter anderem den größtenteils subklinisch verlaufenden Mastitiden, zur Verminderung von Milchmenge und Inhaltsstoffen kommen. So ist bei der Berechnung der 305-Tage-Leistung anhand von Testtagsleistungen durch Interpolationen eine Abweichung vom tatsächlichen Leistungsvermögen möglich. Hier steht aber weniger die einzelne Kuh, sondern vielmehr der Betrieb im Vordergrund. Daher wurde ein „Datenverlust“ von rund 40 % toleriert, der aufgrund von Grenzen für Melktage und Anzahl der Testtage sowie weiteren Beschränkungen verzeichnet werden musste. Trotzdem ergaben sich zwischen Mittelwerten aus den Testtagsleistungen pro Kuh ($n=296.803$) und 305-Tage-Leistungen ($n=178.645$) für die erste Laktation Korrelationen zwischen $0,952^{***}$ (hoch signifikant) und $0,993^{***}$ in den Betrieben. Währenddessen wies zum Beispiel die dritte Testtagsleistung, die an anderer Stelle benutzt wurde, in den Betrieben Beziehungen von nur $0,774^{***}$ bis $0,942^{***}$ zur 305-Tage-Leistung auf.

Leistungsunterschiede zwischen Verbänden an einzelnen Laktationstagen

Die Kurvenverläufe der durchschnittlichen Milchleistungen und Fettgehalte je Laktationstag (siehe Abbildung 3) geben einen sehr starken negativen Zusammenhang von $r = -0,922$ (Milchleistung und Eiweißgehalt: $r = -0,964$, siehe Abbildung A 5) wider, der sich sonst bei der Betrachtung einzelner Probemelken teilweise aufhebt. Die höchsten Milchleistungen gehen wie erwartet zeitnah mit den niedrigsten Fettgehalten (25,9 kg und 3,97 %) einher, wobei die Extremwerte im Laktationsverlauf zwei Wochen auseinander liegen. Die höchste Milchleistung wird am 50. Laktationstag (DIM), der niedrigste Fettprozentwert nach 64 DIM erreicht.

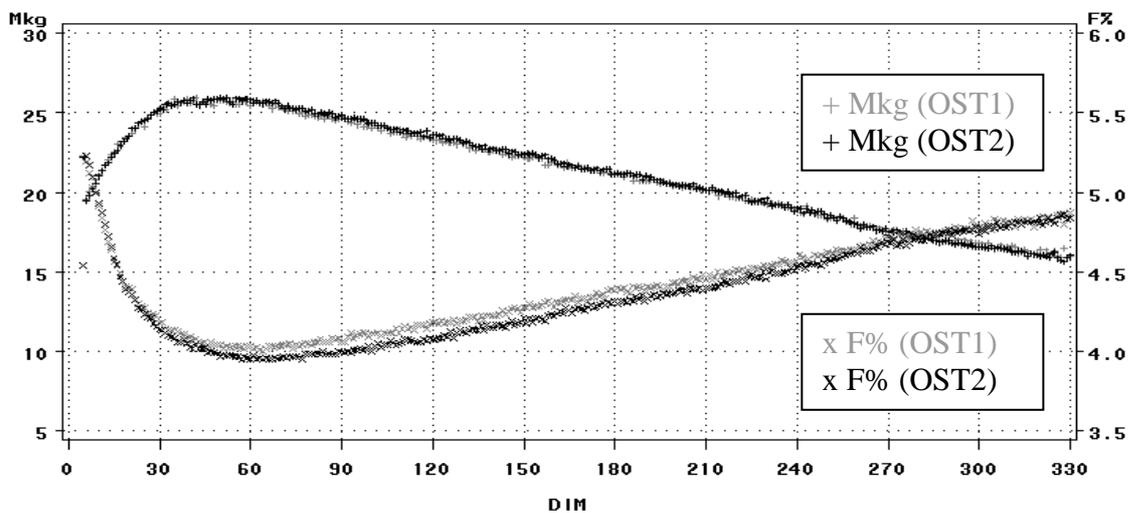


Abbildung 3: Mittlere Testtagsleistungen für Milch-kg und Fett-% über alle Betriebe an einzelnen Laktationstagen

Im Gegensatz zu den Zahlen aktueller Statistiken in Kapitel 2.1 ist eine leichte Überlegenheit des Verbandes OST1 gegenüber OST2 im Merkmal Fettgehalt zu sehen (Differenzierung nach Kalbejahrgang siehe Tabelle 5), die durch Anwendung des t-Tests bestätigt werden kann (0,05 % bei $p < 0,05$). Die drei WEST1-Betriebe unter den größten Betrieben im Datenmaterial wurden außer Acht gelassen, da sie im Gebiet eines dritten ostdeutschen Zuchtverbandes liegen.

Tabelle 5: Durchschnittliche Differenz zwischen den OST1- und OST2-Betrieben im Merkmal Fettgehalt im Laktationsverlauf je Kalbejahrgang

	'92	'93	'94	'95	'96	'97	'98	'99	'00	'01	'02	'03
F%	0,15 ***	0,08 ***	0,06 *	0,08 ***	0,16 ***	0,04 n.s.	0,04 n.s.	0,06 **	0,01 n.s.	0,00 n.s.	-0,05 *	0,06 *

n.s. = nicht signifikant, $p < 0,05 = *$, $p < 0,01 = **$, $p < 0,001 = ***$

Im Gesamtmaterial ist der Vorteil von OST1 beim Fettgehalt geringer, dort ist darüber hinaus eine leichte Differenz zugunsten des Verbandes OST1 im Merkmal Milchleistung zu erkennen (siehe Abbildung A 6).

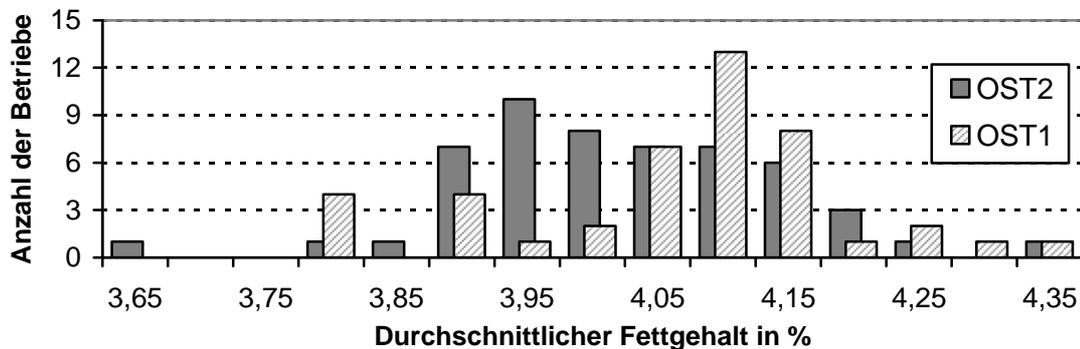


Abbildung 4: Verteilung der durchschnittlichen Fett-%-Werte am 3. Testtag in den Betrieben nach Verbänden

Im Durchschnitt aller Testtagsleistungen fanden sich Unterschiede zwischen den 53 OST2- und 44 OST1-Betrieben für das Merkmal Fett-%. Dies spiegelte sich einerseits in Spearman-Korrelationen (Verwendung der Rangkorrelation, da nur zwei Stufen des Merkmals Verband) zwischen dem Verband und einer Reihe von mittleren Testtagsleistungen für den Fettgehalt von bis zu $r = 0,21^*$ wider. Andererseits fand sich zum Beispiel bei der dritten Testtagsleistung der ersten Laktation im Merkmal Fettgehalt, das normalverteilte Residuen und homogene Varianzen für beide Verbände aufweist, ein Unterschied in Höhe von 0,045 % zugunsten des OST1. Dieser Unterschied ist nicht signifikant, bestätigt aber in der Tendenz die Differenz im Laktationsverlauf. Anhand der Häufigkeitsverteilung (siehe Abbildung 4) lässt sich ableiten, dass nicht nur einzelne OST1-Betriebe für die höheren Mittelwerte verantwortlich sind und dass deutlich mehr OST2-Betriebe einen mittleren Fettgehalt von weniger als 4 % am dritten Testtag aufweisen.

Leistungsunterschiede zwischen Betrieben an einzelnen Testtagen

Um eine ausreichende Klassenbesetzung zu gewährleisten, erfolgte die Untersuchung des Zusammenhangs zwischen Milchmenge und Inhaltsstoffen innerhalb der Betriebe (siehe Tabelle A 2) verbandsunabhängig auf Basis der Probemelken sowie der daraus berechneten 305-Tage-Leistung. Die niedrigste Korrelation in Höhe von $r = -0,679^{***}$ zwischen Milchmenge und Fettgehalt in der ersten Laktation wird in einem Betrieb bei Betrachtung der 305-Tage-Leistung erzielt. Bei den einzelnen Testtagsleistungen beträgt die niedrigste Korrelation $r = -0,623^{***}$, ein Betrieb erreicht nur $r = -0,287^{**}$. Die Berechnung der Korrelation über die Betriebe hinweg unter Verwendung der mittleren

Milchleistungen und Fettgehalte ergibt Werte von $r = -0,57^{***}$ (dritte Testtagsleistung), $r = -0,61^{***}$ (alle Testtagsleistungen) und $r = -0,69^{***}$ (305-Tage-Leistung).

Die Differenzen zwischen den Leistungsniveaus der einzelnen Betriebe (siehe Tabelle 6) können je nach Betrachtungsweise bis zu 15 kg Milch (Testtagsbasis) oder rund 4500 kg Milch (305-Tage-Leistung) betragen. In den Merkmalen Fett- und Eiweißmenge sind Unterschiede von bis zu 0,6 kg zu finden und bei Fett- und Eiweißgehalt weichen die Betriebe um maximal 0,9 % voneinander ab. Während die schlechtesten Betriebe verhältnismäßig nah am Mittelwert (z.B. 22 kg, 25 kg und 25 kg bei allen Testtagsleistungen und 6650 kg, 7494 kg und 7576 kg bei den 305-Tage-Leistungen der ersten, zweiten und dritten Laktation) liegen, gibt es Betriebe, die ziemlich stark nach oben hin abweichen.

Tabelle 6: Bandbreite der durchschnittlichen Testtags- (3. Testtag oder 1.-12. Testtag einer Kuh) und Laktationsleistungen (305-Tage) für Milch-, Fett- und Eiweißmenge sowie Fett- und Eiweißgehalt in den 100 Betrieben

		Milch-kg		Fett-kg		Eiweiß-kg		Fett-%		Eiweiß-%	
		Min.	Max.	Min.	Max.	Min.	Max.	Min.	Max.	Min.	Max.
3. TT	1. Lakt.	21	32	0,8	1,2	0,7	1,1	3,7	4,4	3,2	3,5
	2. Lakt.	24	38	1,0	1,4	0,8	1,3	3,7	4,5	3,2	3,6
	3. Lakt.	25	40	1,0	1,5	0,8	1,3	3,7	4,6	3,2	3,6
Ø	1. Lakt.	19	29	0,8	1,2	0,6	1,0	3,9	4,7	3,4	3,7
	2. Lakt.	21	35	0,9	1,4	0,7	1,2	3,9	4,7	3,4	3,8
	3. Lakt.	21	35	0,9	1,5	0,7	1,2	4,0	4,8	3,4	3,7
305-Tage	1. Lakt.	5141	9080	235	347	179	303	3,8	4,7	3,3	3,6
	2. Lakt.	5798	10246	257	400	202	344	3,8	4,7	3,4	3,8
	3. Lakt.	5893	10440	266	418	206	350	3,9	4,8	3,3	3,7

3.1.4. Unterschiede in den Zuchtwertniveaus

Ein Blick auf das Zuchtwertniveau in den Betrieben (Abbildung 5) verdeutlicht die sehr großen Unterschiede von bis zu 883 Milch-kg zwischen dem Betrieb mit höchstem (Nr. 21) und dem Betrieb mit niedrigstem Zuchtwertniveau (Nr. 48). Diese beiden Betriebe weisen auch die höchste Kuh-RZM-Differenz in Höhe von 17 Punkten auf. Interessanterweise sind jene Betriebe zwei so genannte Abrechnungseinheiten ein- und desselben Betriebes, die in dieser Arbeit des Öfteren in Erscheinung treten. Etwa die Hälfte der Betriebe ($n = 48$ bzw. 50) befinden sich oberhalb des Mittelwertes ($-108,5 \pm 145,5$ kg bzw. $89,5 \pm 2,5$ Kuh-RZM-Punkte), nur 17 bzw. 1 Betrieb(e) sind im positiven Bereich anzutreffen.

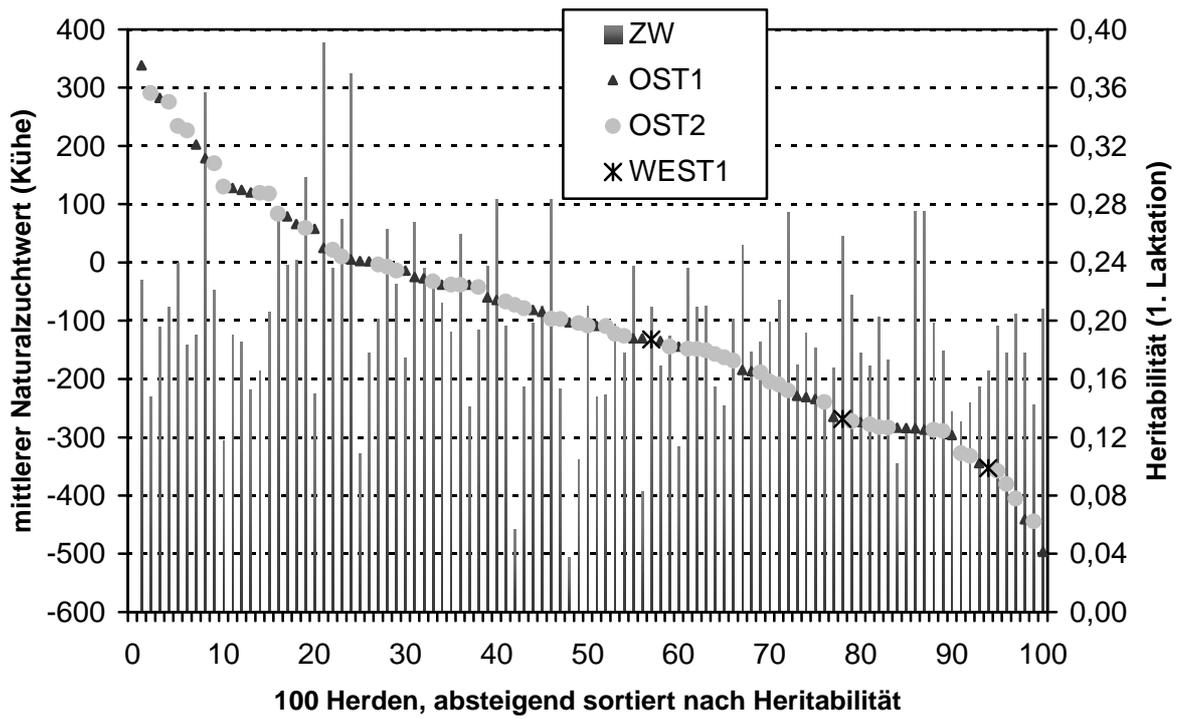


Abbildung 5: Mittlere Zuchtwerte für die Milchleistung (ZW) in den Betrieben und Heritabilität für die nach Heritabilität sortierten Betriebe (Zeichen zeigen unterschiedliche Herkunftsregionen der Betriebe)

3.2. Stratifikation nach Herdengröße und -leistung

Da die Betriebe der Zuchtverbände WEST1 und WEST2 nicht über ausreichend Datensätze für eine Varianzkomponentenschätzung verfügen, wurden zum einen Herdengrößenklassen anhand von Erstlaktierenden des Kalbejahres 2001 ohne Betriebswechsler und Herden mit mehr als 20 % Rotbuntanteil gebildet. Darüber hinaus wurden diese Kühe nach ihrer dritten Testtagsleistung im Merkmal Milchmenge in Herdenleistungsklassen eingeteilt.

Tabelle 7: Zuordnung der Betriebe in Größen- und Leistungsklassen (mit Erstlaktierenden des Kalbejahres 2001)

Klasse	Herdengröße (Anzahl Kühe)	3. Testtagsleistung (Milch-kg)
1	≤ 5	≤ 22
2	6-10	23-24
3	11-15	25-26
4	16-20	27-28
5	21-25	≥ 29
6	26-30	
7	≥ 31	

Aus Tabelle 7 kann entnommen werden, dass es sieben verschiedene Klassen für die Herdengröße und fünf verschiedene Klassen für das Leistungsniveau innerhalb der Herden gab. Für den Verband WEST1 resultierte eine Rasterkombination bestehend aus 35 Subzellen. Beim Zuchtverband WEST2 mussten aufgrund zu geringer Subzellenbesetzung in den kleinen Herden die Herdengrößenklassen 1 und 2 kombiniert werden, was zu einer Reduzierung auf insgesamt 30 Subzellen führte. Nachdem die restlichen Kalbejahrgänge und Testtagsleistungen hinzugespielt worden waren, beinhaltete der Datensatz von Zuchtverband WEST1 für die erste Laktation 861.889 Holsteinkühe aus 5.291 Herden. Dem Zuchtverband WEST2 wurden insgesamt 255.527 Kühe aus 1.091 Herden zugeordnet. Die Besetzung der einzelnen Subzellen ist anhand der Anzahl Kühe und Betriebe in Tabelle 8 dokumentiert.

Tabelle 8: Anzahl Kühe und Betriebe (fettgedruckt) in den einzelnen Subzellen der Rasterkombination aus Herdengröße und Herdenleistung für Zuchtverband WEST1 (I) und WEST2 (II)

Herdenleistung		≤ 22 kg		23-24 kg		25-26 kg		27-28 kg		≥ 29 kg	
		I	II	I	II	I	II	I	II	I	II
Herdengröße	≤ 5	326 19906	52 5463	148 9342	35 3617	154 10217	31 3569	118 8336	35 4191	147 10203	43 5439
	6-10	284 26760		231 23832		308 32348		222 22631		218 24390	
	11-15	185 24966	40 6932	210 30857	41 6747	240 36572	50 8350	231 35998	45 7975	226 35462	53 9710
	16-20	88 15306	26 4994	117 21463	28 5497	180 34357	55 11843	201 39382	47 10095	203 41570	47 10438
	21-25	59 13580	15 3462	77 17260	18 4483	126 28892	44 11277	133 30712	39 9898	133 32730	40 9964
	26-30	32 8173	18 4804	46 12646	16 4854	60 16257	27 7570	96 26574	29 8570	61 16761	30 9365
	≥ 31	45 14445	20 6390	56 19058	30 12440	116 41987	45 19214	104 37282	41 17347	109 41634	51 21029

4. Modellaufbau

4.1. Varianzkomponentenschätzung

Das verwendete Tiermodell hat in Matrixnotation folgende Gestalt:

$$Y = Xb + Z_p p + Z_a a + e$$

Y = Vektor der phänotypischen Beobachtungswerte

b = Vektor der fixen Effekte

p = Vektor der zufälligen permanenten Umwelteffekte

a = Vektor der zufälligen additiv-genetischen Tiereffekte

e = Vektor der zufälligen Resteffekte

X, Z_p, Z_a = Designmatrix der fixen bzw. zufälligen Effekte

Die Erwartungswerte sind E(y) = Xb und E(p) = E(a) = E(e) = 0.

Die Kovarianzmatrizen der zufälligen Effekte sind folgendermaßen definiert:

$$\text{Var}(p) = P = I_p \otimes U_0,$$

$$\text{Var}(a) = G = A \otimes G_0 \text{ und}$$

$$\text{Var}(e) = R = I_e \otimes R_0,$$

wobei P₀, G₀ und R₀ Varianz-Kovarianzmatrizen, I_p und I_e Einheitsmatrizen entsprechend der Anzahl der Effekte, A die Verwandtschaftsmatrix und \otimes das Kroneckerprodukt darstellen. Die zugehörigen Mixed-Model-Gleichungen (MMG) lauten:

$$\begin{pmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_p & X'R^{-1}Z_a \\ Z_p'R^{-1}X & Z_p'R^{-1}Z_p + P^{-1} & Z_p'R^{-1}Z_a \\ Z_a'R^{-1}X & Z_a'R^{-1}Z_p & Z_a'R^{-1}Z_a + G^{-1} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{b} \\ \hat{p} \\ \hat{a} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'R^{-1}y \\ Z_p'R^{-1}y \\ Z_a'R^{-1}y \end{pmatrix}$$

Die Varianzkomponentenschätzung wurde unter Verwendung der REML-Methode (PATTERSON und THOMPSON, 1971) mit dem Programm VCE5.1 (KOVAC et al., 2002) vorgenommen. Ein vorausgehender PEST-Lauf (GROENEVELD et al., 1990) diente der Überprüfung und Umcodierung der Daten. Die Gestaltung der Modelle für die auszuwertenden Merkmale und Laktationen wird im folgenden Abschnitt beschrieben.

Die Heritabilität wurde wie folgt berechnet:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2} \quad \text{oder} \quad h^2 = \frac{4\sigma_s^2}{\sigma_s^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2}$$

- σ_a^2 = additiv-genetische Varianz des Tieres
- σ_s^2 = additiv-genetische Varianz des Vaters
- σ_{pe}^2 = permanente Umweltvarianz
- σ_e^2 = Restvarianz

4.1.1. Großbetriebe

Die Modelle, die bei der Schätzung der Heritabilität in den größten 100 Betrieben Anwendung fanden, sind in Tabelle 9 erläutert. Dies waren zum Teil univariate mit Leistungen der ersten Laktation, meistens aber multivariate Testtagsmodelle für die erste, zweite und dritte Laktation mit der Annahme eines konstanten Zuchtwertes im Laktationsverlauf. THOMPSON und MEYER (1986) stellten heraus, dass die Mehrmerkmals- gegenüber der Einmerkmals-Zuchtwertschätzung erstens durch Informationen von korrelierten Merkmalen genauere Zuchtwerte schätzt. Zweitens resultiert aus Verknüpfungen über Kovarianzen eine bessere Datenstruktur und drittens können selektionsbedingte Verzerrungen besser berücksichtigt werden. Diese Aspekte werden bei REENTS (1992) näher erläutert.

Tabelle 9: Merkmale und Effekte in den verschiedenen Modellen für jeweils alle 100 Betriebe

Modell	Merkmal	multi- variater?	fixe Effekte	fixe Kovariablen	zufällige Effekte
M1	M ₁ , M ₂ , M ₃	X	tt, js	ka, X ₁ -X ₄	a, pe, e
M2	M ₁ , M ₂ , M ₃		tt, js	ka, X ₁ -X ₄	a, pe, e
M2a	M _{1_Betr1} , M _{1_Betr2}	X	tt, js	ka, X ₁ -X ₄	a, pe, e
M3	M ₁		htt, js	ka, X ₁ -X ₄	a, pe, e
M4	F ₁ , F ₂ , F ₃	X	tt, js	ka, X ₁ -X ₄	a, pe, e
M5	E ₁ , E ₂ , E ₃	X	tt, js	ka, X ₁ -X ₄	a, pe, e
M6	F% ₁ , F% ₂ , F% ₃	X	tt, js	ka, X ₁ -X ₄	a, pe, e
M7	E% ₁ , E% ₂ , E% ₃	X	tt, js	ka, X ₁ -X ₄	a, pe, e
M8	M ₁ , F% ₁ , E% ₁	X	tt, js	ka, X ₁ -X ₄	a, pe, e
M9	M ₁ , M ₂ , M ₃	X	tt, js	ka, X ₁ -X ₄	s, pe, e
M10	M ₁ , M ₂ , M ₃	X	tt	ka, X ₁ -X ₄	a, pe, e
M11	M ₁ , M ₂ , M ₃	X	ttmlf, js	ka, X ₁ -X ₄	a, pe, e
M12	M ₁		ttmlf, js	ka, X ₁ -X ₄	a, pe, e
M13	M ₁ , M ₂ , M ₃	X	tt, js, betr	ka, X ₁ -X ₄	a, pe, e

Hierbei sind:

$M_1 - M_3$:	Testtagsleistungen für 1.-3. Laktation im Merkmal Milch-Kilogramm
$E_1 - E_3$:	Testtagsleistungen für 1.-3. Laktation im Merkmal Eiweiß-Kilogramm
$E\%_1 - E\%_3$:	Testtagsleistungen für 1.-3. Laktation im Merkmal Eiweiß-%
$F_1 - F_3$:	Testtagsleistungen für 1.-3. Laktation im Merkmal Fett-Kilogramm
$F\%_1 - F\%_3$:	Testtagsleistungen für 1.-3. Laktation im Merkmal Fett-%
Betr1, Betr2:	Milchleistungen von 2 Betrieben als unterschiedliche Merkmale im multivariaten Fall zur Identifikation von Genotyp-Umwelt-Interaktionen
tt:	fixer Testtagseffekt
ttmf:	fixer Testtags-Melkfrequenzeffekt (tierindividuell), nur bei schleichender Umstellung im Betrieb und gleichzeitigem Melken von Kühen mit unterschiedlichen Melkfrequenzen relevant
js:	fixer Jahr-Saison-Effekt (vier Saisons für jedes Jahr) der Kalbung
htt:	fixer Herden-Testtagseffekt bei gemeinsamer Schätzung aller 100 Datensätze
ka:	fixe Kovariable Kalbealter
$X_1 - X_4$:	$X_1 = \text{DIM}/c$, wobei c eine Konstante mit dem Wert 305 ist, $X_2 = (\text{DIM}/c)^2$, $X_3 = \log(c/\text{DIM})$ und $X_4 = (\log(c/\text{DIM}))^2$ (nach ALI und SCHAEFFER, 1987)
a, s:	zufälliger Tiereffekt (animal) bzw. Vatareffekt (sire)
pe:	Effekt der zufälligen permanenten Umwelt der Kuh während ihrer Laktation
e:	Resteffekt des Tieres.

Die Laktationskurve wird mit Hilfe von fixen Regressionskoeffizienten (ALI und SCHAEFFER, 1987) modelliert. Bei diesem Modellansatz sind genetische Korrelationen unabhängig vom zeitlichen Abstand der Beobachtungen, aber gleich dem Quotienten aus additiv-genetischer und permanenter umweltbedingter Varianz bezogen auf die phänotypische Gesamtvarianz im Modell. Die Kovariablen X_3 und X_4 haben nur für einen Teil der Betriebe einen Einfluss im Modell.

Verschiedene Arten von Testtagsmodellen wurden von SWALVE (1995, 1998 und 2000) erläutert. In der Routinezuchtwertschätzung werden mittlerweile Random-Regression-Testtagsmodelle verwendet, die Kovarianzen zwischen den einzelnen Testtagsleistungen einer Kuh berücksichtigen und so individuelle Laktationskurven schätzen. Für die vorliegende Untersuchung fiel die Entscheidung auf ein Fixed-Regression-Testtagsmodell, da die Schätzung für 100 Betriebe so besser handhabbar ist und weniger Rechenzeit beansprucht. Außerdem wurde nicht eine Fülle von Parametern, sondern

ein prägnanter Parameter zur Charakterisierung der einzelnen Betriebe benötigt. Die multivariate Schätzung ergab in unserem Fall eine Heritabilität pro Laktation, wovon in den meisten Fällen bei der Suche nach Beziehungen zu Betriebsfaktoren die für die erste Laktation verwendet wurde.

EMMERLING (2001) setzte sich mit der veränderten Betrachtungsweise der eingehenden Leistungsinformationen auseinander, die nach dem Wechsel vom Abschnitts- zum Testtagsmodell eine neue Definition der Umweltfaktoren verlangt. Für Umwelteinflüsse wird auf Basis von Testtagen genauer korrigiert als durch Zusammenfassung von Kalbungen innerhalb bestimmter Zeitgefährtengruppen. Die Verwendung von Herde-Jahr-Saison-Klassen hatte zu Diskussionen bezüglich der Modellanpassung bei nur wenige Stunden auseinander liegenden, aber in verschiedene Subzellen (VAN VLECK, 1987) eingeteilten Kalbungen, geführt. Der für das Abschnittsmodell typische Kalbejahr-Saison-Effekt ist trotzdem im vorliegenden Testtagsmodell enthalten, da ein signifikanter Einfluss nachgewiesen werden konnte

Die Anzahl effektiver Töchter innerhalb der Subzellen kann je nach Herdenstruktur in Testtagsmodellen stark reduziert sein. Aber die Genauigkeiten der Zuchtwerte waren bei GRÜNHAGEN und SWALVE (1997) trotz schlecht besetzter Testtage (11,4 % mit nur einer Beobachtung) nur etwas geringer als bei einem Datensatz mit mindestens vier Beobachtungen je Testtag.

Um die maximal verfügbare Verwandtschaft nutzen zu können, wurden zu den Leistungstieren in den 100 Dateien aus einer umfangreichen Pedigree-Datei jeweils direkte Vorfahren herausgesucht (WENSCH-DORENDORF, 2004), die bis zum Geburtsjahrgang 1960 zurückreichen.

4.1.2. Rasterkombination aus Herdengröße und -leistung

Die Varianzkomponentenschätzung für westdeutsche Betriebe fand nicht auf Betriebsbasis, sondern für mehrere Betriebe gleichzeitig statt. Deshalb wurde im univariaten Modell M2 der Testtagseffekt in einen Herden-Testtagseffekt umgewandelt, da Kühe aus unterschiedlichen Betrieben nicht zur selben Zeitgefährtengruppe gehören können. Die Varianzkomponentenschätzung wurde nur für die erste Laktation vorgenommen, da die Rechenkapazität begrenzt war.

4.2. Modellselektion

Um feststellen zu können, ob der Kalbejahr-Saison-Effekt (js) im Modell zur Varianzkomponentenschätzung (siehe Abschnitt 4.1.1) berechtigt ist, wurde in der Prozedur SAS Proc MIXED erstens mit einem F-Test dessen Signifikanz überprüft. Zweitens wurden die AIC-Werte (AKAIKE, 1973) mit der allgemeinen Berechnungsformel

$$AIC = -2\log(L) + 2K$$

verglichen, um Auskunft über die Modellanpassung zu erhalten. L steht für die Likelihood-Funktion des verwendeten Modells und K ist die Zahl der zu schätzenden Parameter. Für das Modell mit js-Effekt wurde in Anlehnung an Modell M1 für die Varianzkomponentenschätzung mit VCE das SAS-Modell MIXED1 verwendet. Für das Modell M10 ohne js-Effekt geschah dies mit dem SAS-Modell MIXED2. Die SAS-Modelle unterscheiden sich darin zu den entsprechenden VCE-Modellen, dass auf eine Einbeziehung der Verwandtschaft und auf die zweite und dritte Laktation aus Rechenkapazitätsgründen verzichtet werden musste. Des Weiteren gab es im SAS-Modell keinen permanenten Umwelteffekt der Kuh (Erläuterung der Variablenbezeichnungen im Abschnitt 4.1.1).

MIXED1:

$$y_{ijk} = js_i + tt_j + b_0ka_{ijk} + \sum_{l=1}^4 b_l X_{lijk} + a_k + e_{ijk}$$

MIXED2:

$$y_{jk} = tt_j + b_0ka_{jk} + \sum_{l=1}^4 b_l X_{ljk} + a_k + e_{jk}$$

Das Merkmal y_{ijk} war die Milch-Kilogramm-Testtagsleistung in Kalbejahr-Saison i und am Testtag j von Kuh k ; e_{ijk} repräsentiert zufällige Resteffekte. Das Kalbealter ka wurde als Kovariable definiert. Die Kovariablen $X_1 - X_4$ dienen der Beschreibung der Laktationskurve und wurden wie folgt berechnet: $X_1 = DIM/305$, $X_2 = (DIM/305)^2$, $X_3 = \log(305/DIM)$ und $X_4 = (\log(305/DIM))^2$ (nach ALI und SCHAEFFER, 1987); b ist ein fixer Regressionskoeffizient. Im Modell MIXED3, das an Modell M11 angelehnt worden ist, wurde der Testtageseffekt (tt) durch einen Melkfrequenz-Testtageseffekt ($mftt$) ersetzt.

MIXED3:

$$y_{ijk} = js_i + mftt_j + b_0ka_{ijk} + \sum_{l=1}^4 b_l X_{lijk} + a_k + e_{ijk}$$

Auf eine Abbildung der F-Werte für alle 100 Betriebe wurde hier verzichtet. Sie bewegen sich zwischen 6,9 und 42,3 für den tt-Effekt im Modell MIXED1, der zudem für die überwiegende Mehrheit der Betriebe (bis auf 2) signifikant mit $p < 0,001$ ist. Auch der js-Effekt ist bei allen 100 Datensätzen hochsignifikant und verbunden mit F-Werten zwischen 1,3 und 35,8. Beim Melkfrequenz-Testtagseffekt (mftt) verhält es sich hinsichtlich der Signifikanz im Modell genauso, die F-Werte schwanken von 6,9 bis 56,9.

Tabelle 10 soll einen Überblick geben, in welchen Bereichen die AIC-Werte von Betrieb zu Betrieb schwanken. Das Modell mit js-Effekt (MIXED1) ist dem reduzierten Modell (MIXED2) in allen 100 Fällen überlegen, da die AIC-Werte leicht geringer sind. Dagegen ist das Modell mit Melkfrequenz-Testtagseffekt (mftt) bei denjenigen Datensätzen mit verschiedenen Melkfrequenzen an einem Testtag (43 von 98 Betrieben) besser angepasst, als das dem Modell M1 zur Varianzkomponentenschätzung entlehnte Modell MIXED1. Weitere Untersuchungen zur Modellgüte sind im Abschnitt 5.1.4.10 zu finden.

Tabelle 10: Mittelwert (\bar{x}), Standardabweichung (Std.), Minimum (Min.) und Maximum (Max.) für die AIC-Werte aller 100 Datensätze

Modell	\bar{x}	Std.	Min.	Max.
MIXED1	120046	51194	20302	296016
MIXED2	120465	51320	20379	296667
MIXED3	119778	50995	20302	295734

* bei den beiden größten Betrieben scheiterte die SAS-Rechnung aufgrund mangelnder Speicherkapazität

5. Ergebnisse

5.1. Großbetriebe

Es wurden die 100 größten Betriebe im Verbandsgebiet ausgewählt. Die geschätzten Heritabilitäten sollen ergänzend zur Rekrutierung von Testherden nach bestimmten Gesichtspunkten wie Leistungsniveau, Herdengröße oder gesicherte Abstammung der Betriebe genutzt werden, und nicht alleiniges Auswahlkriterium darstellen. Die Untersuchung der Zusammenhänge zwischen diesen betrieblichen Kennzahlen und den gefundenen Schätzwerten ist Gegenstand dieser Arbeit.

5.1.1. Heritabilität

Die mit Modell M1 in den großen Herden geschätzte Heritabilität für die Milch-Kilogramm-Testtagsleistung für die erste Laktation unterliegt bei Standardfehlern zwischen $s.e. h^2_1 = 0,01$ und $s.e. h^2_1 = 0,03$ (mit einer Ausnahme von $s.e. h^2_1 = 0,08$) einer enormen Schwankungsbreite von $h^2_1 = 0,04$ bis $h^2_1 = 0,38$ (siehe Abbildung 6). Bei 50 % der Betriebe wurden keine Standardfehler ausgegeben, da der Optimierungsalgorithmus nicht mit dem gewünschten Abbruchstatus konvergierte. Die Brauchbarkeit der Parameter auch für den Fall, dass keine Konvergenz vorlag, wird in 5.1.6.1 untermauert. Diese Situation trat häufiger bei geringeren Herdengrößen auf, wie anhand des signifikanten Unterschiedes zwischen den mittleren Tierzahlen in Höhe von 2732 bei den nicht-konvergierten und 4053 bei den konvergierten Schätzläufen mit Hilfe eines t-Tests festgemacht werden konnte.

Abbildung 6 zeigt die additiv-genetischen Varianzen für die 100 absteigend nach Heritabilität der ersten Laktation sortierten Betriebe. Die hier verwendete Rangierung wird auch im Folgenden weiterbenutzt. Anhand der unterschiedlichen Symbole für die einzelnen Verbände ist zu erkennen, dass sich die drei westdeutschen Betriebe (WEST1) und die Betriebe der beiden ostdeutschen Verbände (OST1 und OST2) gleichmäßig auf alle Bereiche verteilen. Die Heritabilität sinkt mit dem Rückgang der additiv-genetischen Varianz ($r = 0,83^{***}$) und dem geringfügigen bzw. deutlichen Anstieg der Restvarianz ($r = -0,33^{***}$) und permanenten Umweltvarianz ($r = -0,42^{***}$). Zur Gesamtvarianz ($r = -0,09$, nicht signifikant) kann kein Zusammenhang gefunden werden.

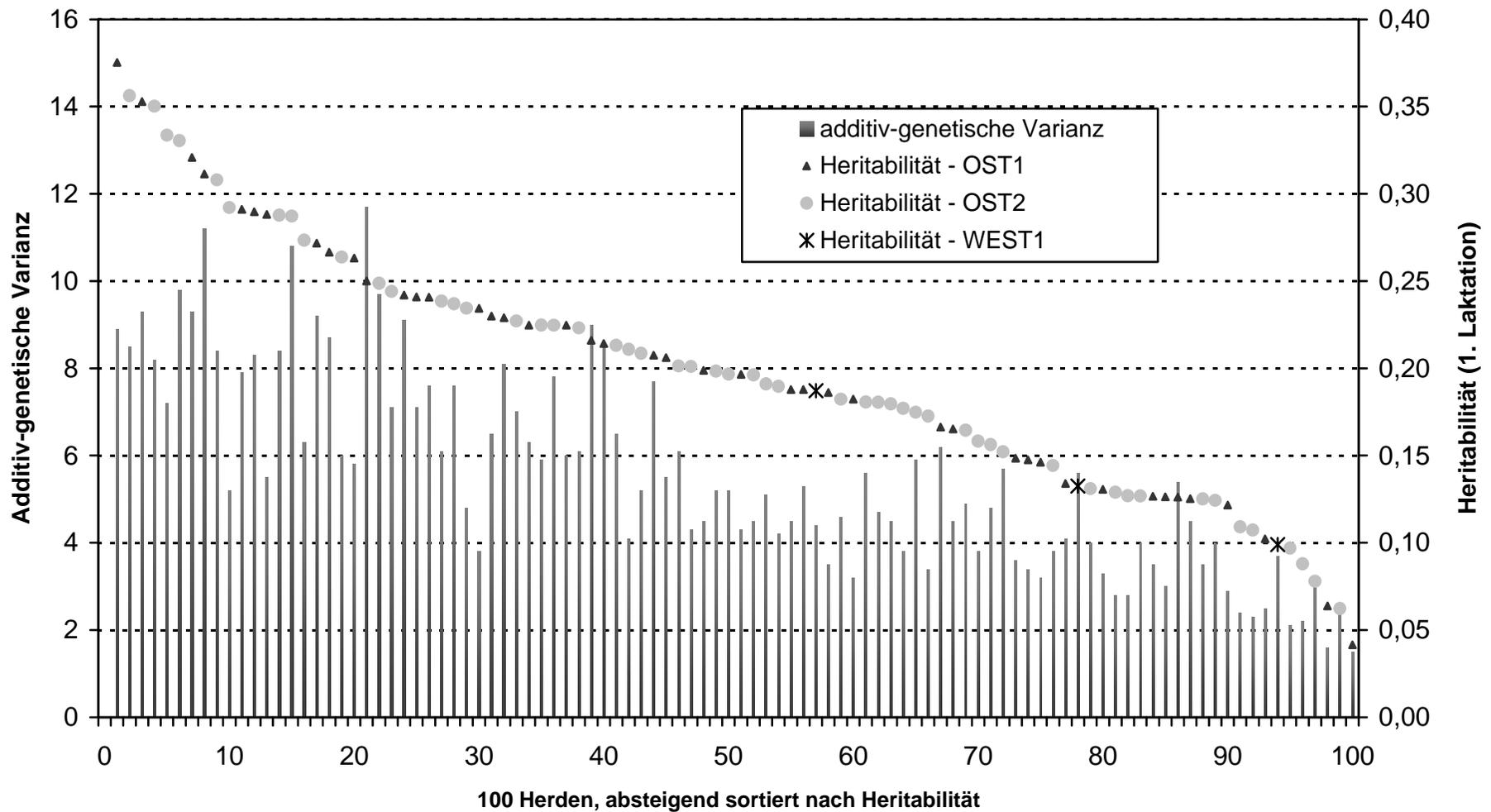
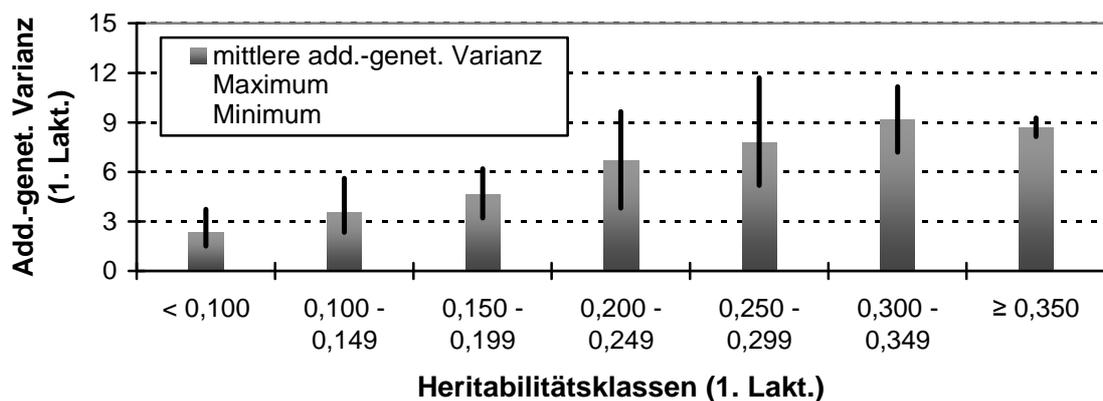


Abbildung 6: Additiv-genetische Varianz für die Milchleistung (Testtagsleistung, 1. Laktation, multivariates Modell M1) und Heritabilität für die nach Heritabilität sortierten Betriebe (Zeichen zeigen unterschiedliche Herkunftsregionen der Betriebe)

Für eine verbesserte Übersichtlichkeit wurden mittlere additiv-genetische Varianzen innerhalb definierter Heritabilitätsklassen abgebildet ($\sigma_{a_1}^2$ - $\sigma_{a_3}^2$ in h^2_{1-3} -Klassen, siehe Abbildung 7). Die zusätzliche Betrachtung der Spannweite erlaubt die Identifizierung der Heritabilitätsbereiche, in denen eine möglichst hohe Differenzierung zu finden ist. Klasse 7 mit Heritabilitäten über $h^2_1 = 0,350$ erreicht nur den zweithöchsten Mittelwert für additiv-genetische Varianzen nach Klasse 6. Dieses Absinken ist bei der univariaten Schätzung (Modell M2), die zum Vergleich durchgeführt worden war, jedoch nicht zu beobachten. Auf eine Abbildung der Ergebnisse wurde hier aber verzichtet, da damit vordergründig überprüft werden sollte, ob ebenso viele Schätzläufe wie im multivariaten Fall (50 von 100 Betrieben) nicht konvergieren. Tatsächlich gab es nur noch 1 Fall ohne Konvergenz (größter Betrieb), dafür auch etwas höhere Standardfehler ($s.e._{M2} = 0,025$ vs. $s.e._{M1} = 0,021$). Untersuchungen zu Konvergenzproblemen erfolgen im Abschnitt 5.1.6.1.



Klasse Nr.	1	2	3	4	5	6	7
n Betriebe	7	21	25	26	12	5	4

Abbildung 7: Spannweiten der additiv-genetischen Varianz in den einzelnen Heritabilitätsklassen (1. Laktation) und Besetzung der Klassen

Die Heritabilitäten der 100 Betriebe sind graphisch in Abbildung A 2 und Abbildung A 3 dargestellt. Beim Vergleich der Mittelwerte aus den Heritabilitäten der 100 Betriebe (Tabelle 11) wird deutlich, dass sich die Werte aus multi- und univariatem Modell für die erste Laktation sehr ähneln. Der Betrieb mit dem höchsten multivariaten h^2 -Wert erzielt bei der univariaten Schätzung einen noch höheren Wert, der Spitzenwert von $h^2_3 = 0,437$ in der dritten Laktation wird allerdings von einem Betrieb erreicht, der mit seiner Heritabilität für Milch-kg der ersten Laktation an 34. Stelle der Rangliste steht. Die zweite und dritte Laktation im multivariaten Modell sind im Mittel bei etwas niedrigeren Standardabweichungen den Schätzwerten aus den Einzelmodellen erkennbar überlegen.

Tabelle 11: Mittelwert (\bar{x}), Standardabweichung (Std.), Minimum (Min.) und Maximum (Max.) für die Parameter der 100 Betriebe (Schätzmodell M1)

Parameter	n	\bar{x}	Std.	Min.	Max.
\bar{x}_1 (Mkg)	100	21,8	2,0	18,6	29,4
\bar{x}_2 (Mkg)	100	24,6	2,4	20,8	34,5
\bar{x}_3 (Mkg)	100	24,9	2,5	20,7	35,3
h^2_1	100	0,199	0,071	0,041	0,375
h^2_2	100	0,172	0,060	0,020	0,381
h^2_3	100	0,158	0,062	0,034	0,330
h^2_1 (M2)	100	0,198	0,073	0,045	0,384
h^2_2 (M2)	100	0,158	0,061	0,010	0,302
h^2_3 (M2)	100	0,128	0,068	0,000	0,437
$\sigma^2_{a_1}$	100	5,6	2,3	1,5	11,7
$\sigma^2_{a_2}$	100	7,2	2,9	0,7	16,2
$\sigma^2_{a_3}$	100	7,5	3,1	1,6	16,4
$\sigma^2_{e_1}$	100	9,0	2,0	5,1	17,0
$\sigma^2_{e_2}$	100	14,7	3,4	7,8	28,5
$\sigma^2_{e_3}$	100	16,8	3,8	9,3	30,8
$\sigma^2_{pe_1}$	100	13,5	4,4	6,6	25,7
$\sigma^2_{pe_2}$	100	20,3	5,5	8,9	34,9
$\sigma^2_{pe_3}$	100	24,1	7,3	10,0	43,7
$\sigma^2_{p_1}$	100	28,1	6,4	16,3	46,8
$\sigma^2_{p_2}$	100	42,2	9,1	22,6	64,1
$\sigma^2_{p_3}$	100	48,4	10,7	24,9	75,7
s.e. h^2_1	50 ¹	0,021	0,010	0,010	0,076
s.e. h^2_2	50 ¹	0,022	0,010	0,010	0,073
s.e. h^2_3	50 ¹	0,026	0,008	0,011	0,053

¹nur bei 50 Schätzläufen Standardfehler verfügbar

Bei Verwendung des univariaten Modells (M3) mit fixem Herden-Testtagseffekt statt des Testtagseffekts beträgt die Heritabilität unter Einschluss aller Betriebe für die erste Laktation $h^2_1 = 0,205$ (s.e. $h^2_1 = 0,003$). Der Wert aus dem Gesamtlauf wurde bei der Überprüfung, ob sich die Einzelwerte im Konfidenzintervall bewegen, als wahrer Parameter herangezogen (siehe Kapitel 5.1.2).

Heritabilitäten für die Mengen und Gehalte der Milchinhaltsstoffe, die der Vollständigkeit halber geschätzt wurden (für die erste Laktation), sind in Abbildung A 4 dargestellt.

Die Rangierung der Betriebe wäre eine völlig andere, wenn man sich an Fett- und Eiweißgehalt (Modelle M6 und M7) orientieren würde. Dies spiegelt sich in den mit SAS berechneten Korrelationen von $r_{M^*F\%} = 0,50^{***}$ und $r_{M^*E\%} = 0,55^{***}$ zwischen den Heritabilitäten für Milchmenge und dem jeweiligen Gehaltsmerkmal für die erste Laktation wider. Auch die Mittelwerte ($h^2_{F\%} = 0,356$ und $h^2_{E\%} = 0,416$) unterscheiden sich stark von den Heritabilitäten für Milchmenge, wie bei Inhaltsstoffen zu erwarten war. Fett- und Eiweißmenge (Modelle M4 und M5) weisen niedrigere mittlere Heritabilitäten auf ($h^2_{Fkg} = 0,150$ und $h^2_{Ekg} = 0,151$), diese sind aber höher mit denen für Milchmenge korreliert ($r_{M^*F} = 0,87^{***}$ und $r_{M^*E} = 0,69^{***}$). Milchmenge und Inhaltsstoffe der ersten Laktation wurden zusätzlich in einem multivariaten Lauf verrechnet (Modell M8). Die geschätzten Heritabilitäten sind sehr hoch mit denen aus den Modellen M6 und M7 korreliert (um $r = 0,97^{***}$), obwohl der Mittelwert für Milchmenge etwas höher ($h^2_{Mkg} = 0,201$) und für Fett- und Eiweißgehalt leicht geringer ($h^2_{F\%} = 0,347$ und $h^2_{E\%} = 0,412$) ist.

5.1.2. Konfidenzintervalle

χ^2 -Test

Mit Hilfe von Konfidenzintervallen (KI) sollte überprüft werden, ob sich die gefundenen Werte im erwarteten Bereich bewegen. Dazu diene zum einen der χ^2 -Test, bei dem die Kühe innerhalb der 100 Betriebe als Stichproben aus der Grundgesamtheit betrachtet werden. Für jeden Betrieb wird getestet, ob das Verhältnis aus geschätzter Varianz s^2 (statt Varianz wurde die Heritabilität aus dem univariatem Modell M2 für die erste Laktation verwendet) und wahrer Varianz σ^2 (für alle 100 Betriebe mit univariatem Modell M3 geschätzte Heritabilität), multipliziert mit dem Stichprobenumfang n (Anzahl Kühe pro Betrieb) einer χ^2 -Verteilung folgt.

$$\text{Testgröße: } \chi^2 = \frac{(n-1)s^2}{\sigma^2}$$

$$\text{Ablehnungsbereich: } \chi^2 > \chi^2_{n-1; 1-\alpha/2} \quad \text{oder} \quad \chi^2 < \chi^2_{n-1; \alpha/2}$$

In 87 Fällen (siehe Abbildung 8) kommt es zu einer Ablehnung der Nullhypothese H_0 zugunsten der Alternativhypothese H_1 , weil sich die wahre Varianz nicht im 95 %-KI der geschätzten Varianz befindet. Damit liegt der wahre Wert $h^2_1 = 0,205$ bei relativ wenigen Betrieben innerhalb des KI, obwohl ein hoher Wert für das Konfidenzniveau

($P = 1 - \alpha = 0,95$) verwendet wurde. Diese Betriebe mit Heritabilitäten zwischen $h^2 = 0,194$ und $h^2 = 0,217$ befinden sich unter den 50 Betrieben mit den höchsten h^2 -Werten, wie auch das Auftreten breiterer KI in den höheren Heritabilitätsbereichen ($r = 0,85^{***}$) erwarten lässt. Ein negativer, aber geringerer Zusammenhang besteht zwischen der KI-Breite und den Kuhzahlen ($r = -0,39^{***}$).

Ein Test auf homogene Varianzen anhand von h^2 -Werten ist etwas ungewöhnlich. Aber auch die Bestimmung der KI anhand der einzelnen Varianzkomponenten führt nicht zu wesentlich mehr Betrieben, bei denen die Nullhypothese zutrifft (σ_a^2 : 10, σ_e^2 : 13, σ_{pe}^2 : 15, σ_p^2 : 15). Diese Betriebe stimmen zudem in den meisten Fällen nicht mit denen überein, deren KI mit Hilfe der Heritabilität als wahren Wert berechnet wurde (nur bei einem Betrieb sind vier Parameter im jeweiligen Konfidenzintervall enthalten).

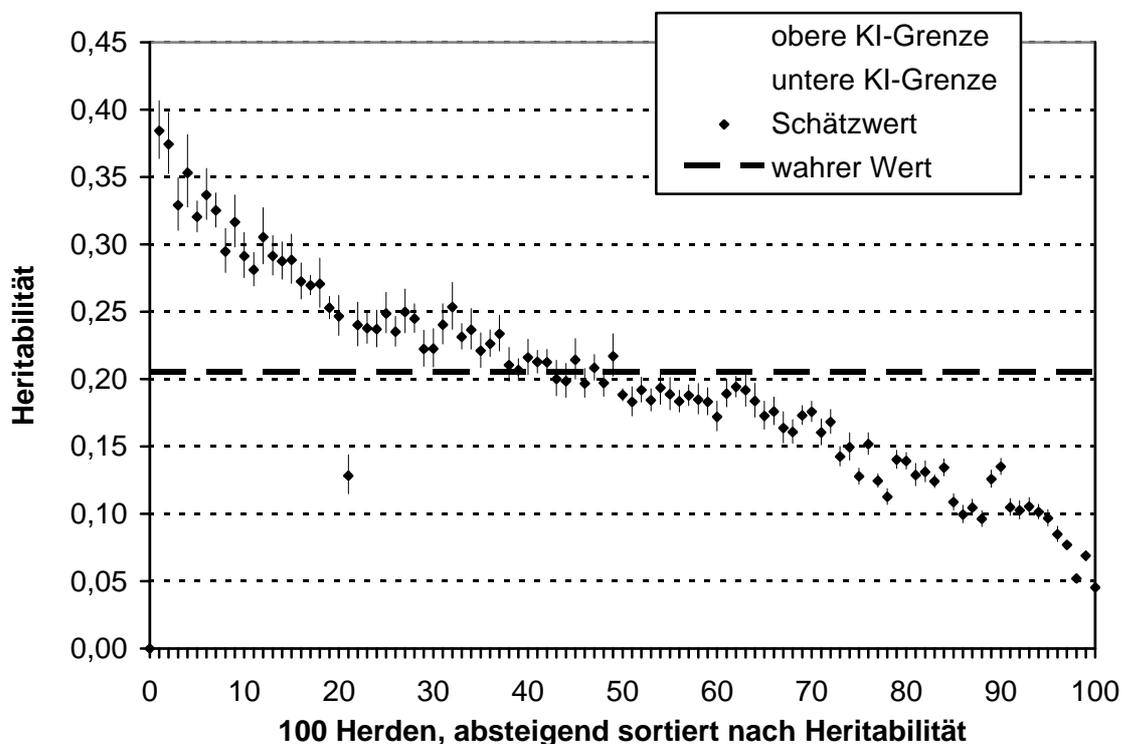


Abbildung 8: Konfidenzintervall für jeden h^2_1 -Schätzwert (univariates Modell M2), wahrer Wert aus der Schätzung über alle Betriebe (univariates Modell M3), Rangierung der Betriebe nach h^2_1 aus multivariater Schätzung (M1)

t-Test

Mit einem *t*-Test lässt sich überprüfen, ob der geschätzte Mittelwert \bar{x} einer Stichprobe von einem wahren Wert μ der Grundgesamtheit abweicht. Unter Verwendung der Heritabilität aus der Schätzung über alle Betriebe ($\mu = 0,205$) sowie dem Mittelwert aus den

t^2 -Werten der 100 Betriebe $\bar{x} = 0,198$ mit der Standardabweichung $s_{\bar{x}} = 0,073$ und dem Stichprobenumfang $n = 100$ lässt sich die Testgröße

$$t = \frac{(\bar{x} - \mu)}{s_{\bar{x}}} \sqrt{n}$$

bestimmen und das t-Quantil

$$|t| > t_{n-1; 1-\alpha/2}$$

aufsuchen. Im Ergebnis kann festgestellt werden, dass der Parameter μ im 95%-KI [0,183 ; 0,212] enthalten ist. Bei Wiederholung der Stichprobenziehung und Schätzung des Mittelwertes würde diese Aussage in 95 % der Fälle zutreffen (SPILKE, 2000). Diese Form der KI-Schätzung bestätigt also, dass die geschätzten Werte im erwarteten Bereich liegen.

5.1.3. Genetische, Umwelt- und phänotypische Korrelationen

Aus der Varianzkomponentenschätzung mit dem 3-Merkmalsmodell M1 ergeben sich additiv-genetische, permanente Umwelt- und phänotypische Korrelationen zwischen den Laktationen. Mittelwerte für die 100 Betriebe finden sich in Tabelle 12. Ein großes Augenmerk ist auf den jeweiligen Abstand zwischen Minimum und Maximum zu richten, der in den meisten Fällen erheblich ist.

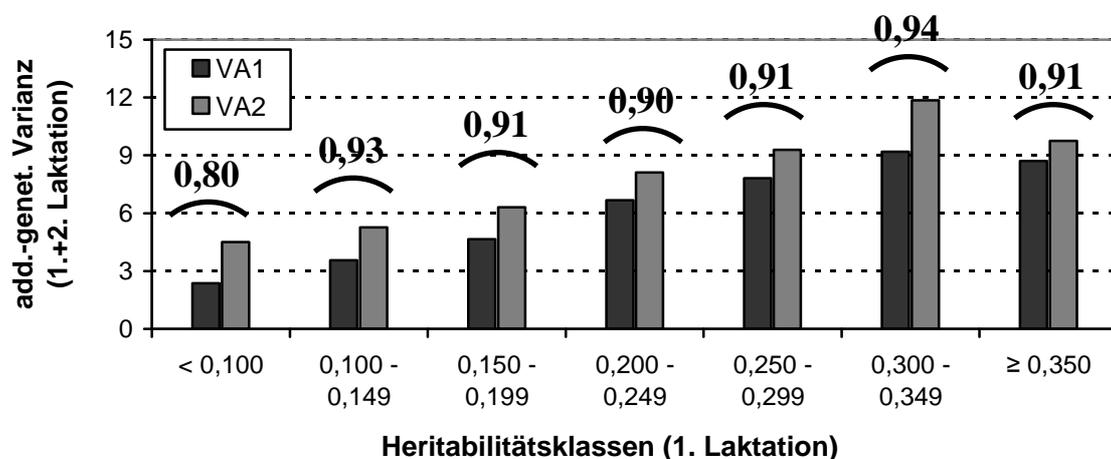
Tabelle 12: Mittelwert (\bar{x}), Standardabweichung (Std.), Minimum (Min.) und Maximum (Max.) der 100 Betriebe für die additiv-genetischen, permanenten Umwelt- und phänotypischen Korrelationen zwischen den Laktationen 1, 2 und 3

n=100 (alle Betriebe)		\bar{x}	Std.	Min.	Max.
additiv- genetische Korrelation	r_{g_12}	0,91	0,09	0,20	1,00
	r_{g_13}	0,83	0,13	0,40	1,00
	r_{g_23}	0,94	0,08	0,46	1,00
permanente Umwelt- Korrelation	r_{pe_12}	0,50	0,08	0,26	0,65
	r_{pe_13}	0,35	0,09	0,12	0,59
	r_{pe_23}	0,48	0,10	0,14	0,67
phänotypische Korrelation	r_{p_12}	0,42	0,05	0,29	0,57
	r_{p_13}	0,33	0,06	0,17	0,50
	r_{p_23}	0,40	0,06	0,24	0,52

5.1.3.1. Additiv-genetische Korrelationen

Genetische Korrelationen zwischen Testtagsleistungen verschiedener Laktationen geben Auskunft darüber, ob die Leistungen einer Kuh in späteren Laktationen eine hohe Wiederholbarkeit zur ersten Laktation aufweisen. Dieser Aspekt ist wichtig, wenn es darum geht, Bullen anhand von Erstlaktationsleistungen zu selektieren (SWALVE und VAN VLECK, 1987). Zwischen verschiedenen Merkmalskomplexen können antagonistische Beziehungen bestehen, die sich ungünstig bei der Selektion auf ein Merkmal auswirken. Durch die Integration von Hilfsmerkmalen in die Zuchtwertschätzung kann man sich andererseits hohe genetische Zusammenhänge zunutze machen.

In Abbildung 9 sind die additiv-genetischen Varianzen im Merkmal Milchleistung nur für die erste und zweite Laktation und die entsprechende additiv-genetische Korrelation zwischen erster und zweiter Laktation innerhalb der bereits in Abschnitt 5.1.1 gewählten Heritabilitätsklassen dargestellt. Da sich die Korrelationen immer auf zwei Laktationen desselben Betriebes beziehen, wurden für die additiv-genetischen Varianzen der zweiten Laktation und für die Korrelationen auch die Heritabilitätsklassen der ersten Laktation verwendet.



Heritabilitätsklassen (1. Laktation)							
Klasse Nr.	1	2	3	4	5	6	7
n Betriebe	7	21	25	26	12	5	4

Abbildung 9: Additiv-genetische Varianzen für die Milchleistung der 1. und 2. Laktation und entsprechende additiv-genetische Korrelationen innerhalb von Heritabilitätsklassen für die 1. Laktation, darunter Besetzung der Klassen

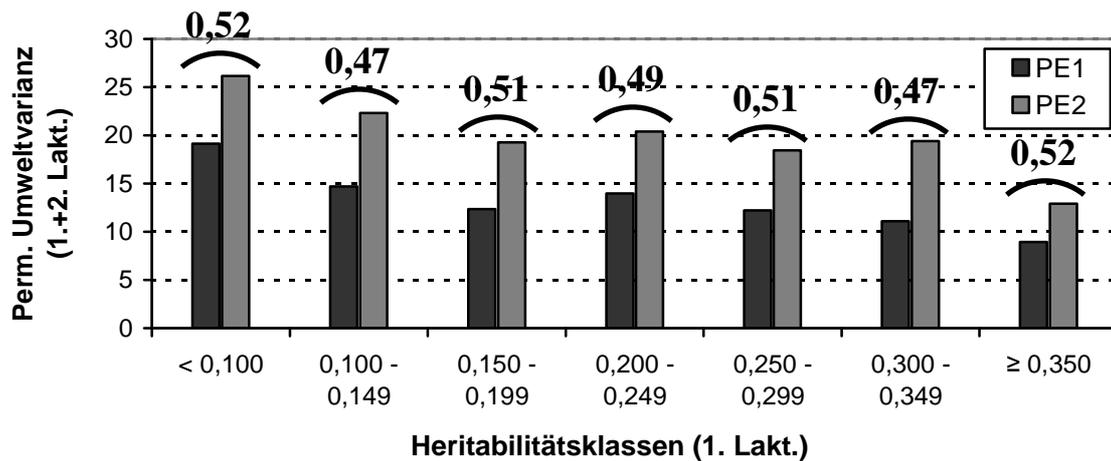
In 38 Fällen nahmen die Korrelationen zwischen den Laktationen Werte von $r_g > 0,99$ an. In 25 der vorkommenden Fälle wurde in den Schätzläufen keine Konvergenz im Iterationsprozess erzielt, daher wurden auch keine Standardfehler berechnet. Deswegen sollte mit Hilfe eines zweiten Durchgangs überprüft werden, ob sich die Mittelwerte, die aus den Korrelationen innerhalb der einzelnen Klassen gebildet worden waren, bei Ausschluss der Schätzwerte aus nicht konvergierten Schätzungen verändern. Die Vertei-

lung der Betriebe mit und ohne Standardfehler auf die Klassen hielt sich in beiden Laktationen in etwa die Waage. Bei den Korrelationen konnten nur in den Randklassen mit geringerer Besetzung deutliche Abweichungen gefunden werden. Demnach veränderte sich die mittlere Korrelation in der niedrigsten Klasse mit $h^2_1 < 0,100$ von $r_{g_{12}} = 0,80$ auf $r_{g_{12}} = 0,88$ und in der höchsten Klasse mit $h^2_1 \geq 0,350$ von $r_{g_{12}} = 0,91$ auf $r_{g_{12}} = 0,88$. Der Mittelwert über alle Klassen blieb gleich bei $r_{g_{12}} = 0,90$ und es zeigte sich, dass die Betriebe insgesamt mit $r_{g_{12}} = 0,90$ bei den konvergierten ($n = 50$) und $r_{g_{12}} = 0,91$ bei den nicht konvergierten Schätzläufen ($n = 50$) nahezu identisch sind. Dies findet sich auch in den beiden anderen Korrelationen bei Hinzunahme der dritten Laktation wieder. Dort ergeben sich leichte Differenzen, die zu einer Überlegenheit der nicht konvergierten Schätzungen in Höhe von $dr_{g_{13}} = 0,01$ und $dr_{g_{23}} = 0,04$ führen. Letztendlich hebt sich, mit Berücksichtigung der Ergebnisse aus dem zweiten Durchgang, die Klasse 6 heraus (siehe Abbildung 9). Dies kommt in den Beziehungen zwischen erster und dritter sowie zweiter und dritter Laktation auch für Klasse 5 zum Ausdruck (nicht abgebildet).

5.1.3.2. Korrelationen zwischen permanenten Umweltvarianzen

SEELAND und HENZE (2003) trafen anhand der geschätzten Umweltkorrelationen eine Aussage über die umweltbedingte Abhängigkeit von Merkmalen. Beim Vorliegen geringer Umweltkorrelationen könnte eine Konkurrenz zwischen zwei Merkmalskomplexen ausgeschlossen werden. Andererseits gäbe es die Möglichkeit, dass die „Konkurrenzthese“ im Allgemeinen zwar gelte, gleichzeitig aber die Konkurrenzsituation durch ein ausreichendes Nährstoffangebot weitgehend befriedigt wäre. Die Autoren beziehen sich mit der Umweltkorrelation auf den Resteffekt und schätzen keinen zusätzlichen permanenten Umwelteffekt. Deshalb kann nur ein vorsichtiger Vergleich zu unseren Korrelationen zwischen permanenten Umweltvarianzen gezogen werden, die sich wiederum aus der Unterteilung des zufälligen Tiereffektes in additiv-genetische und permanente Umwelteffekte ergeben, um einschätzen zu können inwieweit wiederholte Leistungen eines Tieres umwelt- oder genetisch bedingt sind.

Anhand der Klasseneinteilung sind keine Unterschiede in den permanenten Umweltkorrelationen für bestimmte Heritabilitätsbereiche festzustellen (siehe Abbildung 10). Erwartungsgemäß aber geht ein Rückgang der permanenten Umweltvarianzen mit steigenden Heritabilitäten der entsprechenden Laktationen einher (erste Laktation: $r = -0,42^{***}$ und 2. Laktation: $r = -0,50^{***}$).



Klasse Nr.	1	2	3	4	5	6	7
n Betriebe	7	21	25	26	12	5	4

Abbildung 10: Permanente Umweltvarianz für die Milchleistung der 1. und 2. Laktation und entsprechende permanente Umwelt-Korrelationen innerhalb von Heritabilitätsklassen für die 1. Laktation

5.1.3.3. Phänotypische Korrelationen

Die Wiederholbarkeit zweier aufeinander folgender Laktationen wurde mit Hilfe des phänotypischen Korrelationskoeffizienten folgendermaßen aus der phänotypischen Kovarianz ($\text{cov}(x,y)$) zwischen zwei Laktationen und den entsprechenden phänotypischen Varianzen σ_x^2 und σ_y^2 berechnet:

$$\omega_{xy}^2 = \frac{\text{cov}(x, y)}{\sqrt{\sigma_x^2 \cdot \sigma_y^2}}$$

Bei der Berechnung von Mittelwerten innerhalb der bereits für additiv-genetische Varianzen und Korrelationen zwischen Laktationen verwendeten Heritabilitätsklassen ist ein deutlicher Anstieg der Wiederholbarkeitskoeffizienten mit zunehmender Heritabilität zu erkennen (siehe Tabelle 13). Weiterhin sind zum Beispiel die Heritabilitäten der ersten und zweiten Laktation deutlich mit der Wiederholbarkeit zwischen diesen Laktationen korreliert ($r = 0,58^{***}$ bzw. $r = 0,62^{***}$), aber nicht mit den entsprechenden phänotypischen Varianzen.

Tabelle 13: Phänotypische Korrelation (ω^2) zweier aufeinander folgender Laktationen innerhalb von Heritabilitätsklassen

	1	2	3	4	5	6	7
ω^2_{12}	0,38	0,38	0,41	0,43	0,46	0,47	0,50
ω^2_{13}	0,31	0,29	0,32	0,33	0,36	0,38	0,41
ω^2_{23}	0,38	0,37	0,40	0,41	0,41	0,43	0,48

5.1.3.4. Korrelationen zwischen Milchmenge, Fett- und Eiweißgehalt

Die additiv-genetischen, permanenten Umwelt- und phänotypischen Korrelationen zwischen Milchmenge und Fettgehalt bzw. Eiweißgehalt sind im Durchschnitt der 100 Betriebe negativ (siehe Tabelle 14). Zwischen Fett- und Eiweißgehalt besteht jeweils ein deutlich positiver Zusammenhang. Besonders bei den permanenten Umweltkorrelationen gibt es jedoch große Unterschiede zwischen den Betrieben, sodass sich teilweise sogar das Vorzeichen ändert.

Tabelle 14: Mittelwert (\bar{x}), Standardabweichung (Std.), Minimum (Min.) und Maximum (Max.) über die 100 Betriebe für additiv-genetische, permanente Umwelt- und phänotypische Korrelationen zwischen den Testtagsleistungen für Milchmenge, Fett- und Eiweißgehalt der 1. Laktation

n=100 (alle Betriebe)		\bar{x}	Std.	Min.	Max.
additiv- genetische Korrelation	r_{g_mf}	-0,62	0,11	-0,95	-0,25
	r_{g_me}	-0,65	0,10	-0,89	-0,30
	r_{g_fe}	0,74	0,07	0,38	0,87
permanente Umwelt- Korrelation	r_{pe_mf}	-0,46	0,11	-0,66	-0,07
	r_{pe_me}	-0,45	0,13	-0,70	0,35
	r_{pe_fe}	0,52	0,13	0,15	0,78
phänotypische Korrelation	r_{p_mf}	-0,39	0,05	-0,51	-0,24
	r_{p_me}	-0,37	0,06	-0,50	-0,05
	r_{p_fe}	0,47	0,04	0,34	0,55

5.1.4. Zusammenhänge zwischen Varianzkomponenten und bestimmten Betriebscharakteristika

Um Ursachen unterschiedlicher genetischer Parameter in den einzelnen Herden identifizieren zu können, wurden die Heritabilitätsschätzwerte und additiv-genetischen Varianzen u. a. mit den Standardabweichungen der Kuhzuchtwerte, dem mittleren Erstkalbealter und dem prozentualen Anteil unbekannter Väter korreliert. Diese Methode zur Untersuchung des Zusammenhangs zwischen Phänotyp und Schätzwert ist ungewöhnlich, aber aufgrund der Menge an Schätzwerten ein sinnvoller Weg. Bis auf wenige Analysen wurden immer Pearson-Korrelationen verwendet. Minimale Differenzen im 1/10-Nachkommabereich zu den Schätzwerten der Spearman-Korrelation, auf die bei Abweichungen von der Normalverteilung zurückgegriffen wird, wurden hier vernachlässigt. Signifikant von 0 verschiedene Korrelationen wurden durch unterschiedliche ***-Zahlen gekennzeichnet ($p < 0,05 = *$, $p < 0,01 = **$, $p < 0,001 = ***$).

5.1.4.1. Herdengröße

Aussagen über Zusammenhänge zwischen Heritabilität und Herdengröße anhand einer Auswahl der 100 größten Herden aus der Population sind nur begrenzt möglich, bieten sich jedoch angesichts der großen Spannbreite von 1115 bis 15083 Tieren an.

Eine erste Analyse mit SAS wurde in Anlehnung an Boxplot-Auswertungen von DECHOW et al. (2007) durchgeführt. Dazu wurde ein Boxplot-Makro (FRIENDLY, 2005) verwendet. Der Boxplot eignet sich für Darstellungen von Werten in mehreren Gruppen und zeichnet sich durch die Lokalisierung von Ausreißern aus. Der Interquartilbereich in der Box (25 bis 75 % der Werte) ist ein Maß für die Streuung; daneben drückt der Median die Schiefe der Datenverteilung aus. Die Länge der vertikalen Linien (Whisker) beträgt maximal das 1,5-fache des Interquartilabstands und wird dabei durch einen Wert aus den Daten bestimmt. Bei Werten außerhalb dieses Bereichs handelt es sich um Ausreißer, die in unserem Fall (siehe Abbildung 11) nicht auftreten. Nur bei den Heritabilitäten aus dem univariaten Modell (M2) kam ein Ausreißer vor ($h^2_1 = 0,077$ in Klasse „4000-4999“). Bis auf die Klasse „2000-2999“ sind die fünf Größenklassen etwa gleich mit Betrieben besetzt (12, 43, 19, 13, 13). Weder hinsichtlich der Mittelwerte (+), noch der Streuung oder der Schwankungsbreiten sind Beziehungen zwischen Heritabilität und Herdengröße herzustellen. Dies wird durch nichtsignifikant von 0 verschiedene Korrelationen von $r < 0,10$ mit SAS Proc CORR bestätigt.

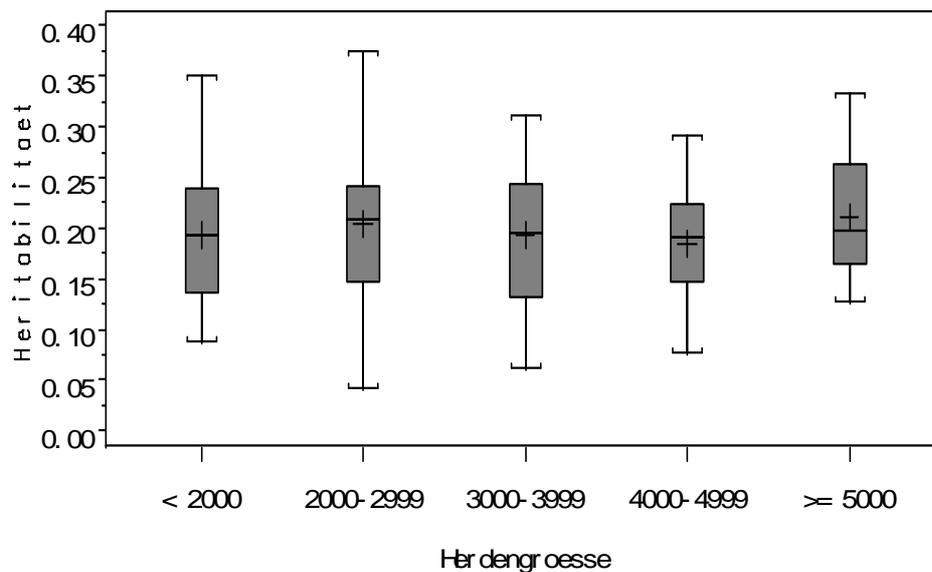


Abbildung 11: Boxplots für Heritabilitäten der 1. Laktation im Merkmal Milchleistung (Modell M1) in Klassen für verschiedene Herdengrößen (alle Kühe, die in die Heritabilitätsschätzung eingingen)

5.1.4.2. Laktationskombination

Im vorliegenden Datenmaterial wurden bis zu drei Laktationen pro Kuh im Wiederholbarkeitsmodell berücksichtigt. Darunter sind zum Beispiel auch Kühe, von denen zwar die zweite und/oder dritte, nicht aber die erste Laktation verfügbar ist. Zum einen ist dies durch den Datenschnitt bedingt, zum anderen könnten Betriebswechsler, die in Vorbereitung auf die Varianzkomponentenschätzung eliminiert wurden, die Ursache sein, oder auch mangelhafte Dokumentation im Betrieb.

Mit einem Anteil der ersten Laktation von 45,6 % an allen drei Laktationen sind die 100 Betriebe im Durchschnitt jünger als alle Kühe im Verbandsgebiet, die 42,5 % Erstlaktierende und entsprechend mehr Zweit- und Drittlaktierende aufweisen.

Die mittleren Anteile der möglichen Laktationskombinationen aus den 100 Betrieben sind in Abbildung 12 dargestellt, dort werden auch die zum Teil sehr großen Unterschiede zwischen den Betrieben ersichtlich. So reichen zum Beispiel die Anteile der Kühe, die nur die erste und dritte Laktation aufweisen, von 0 bis 2,1 % ($\bar{x} = 0,2$ %) in den Betrieben; Kühe mit allen drei Laktationen erreichen Anteile von 0,9 bis 48,4 % ($\bar{x} = 31,8$ %). Bei manchen Betrieben, die in der Graphik mit deutlichen „Zacken“ auftauchen, sind Laktationskombinationen, die im Durchschnitt weniger oft vertreten sind (1-3, 2, 2-3 und 3), überrepräsentiert. Dies bewirkt geringere Anteile der sonst häufigsten Kombinationen, in besonderem Maße bei 1-2 und 1-2-3.

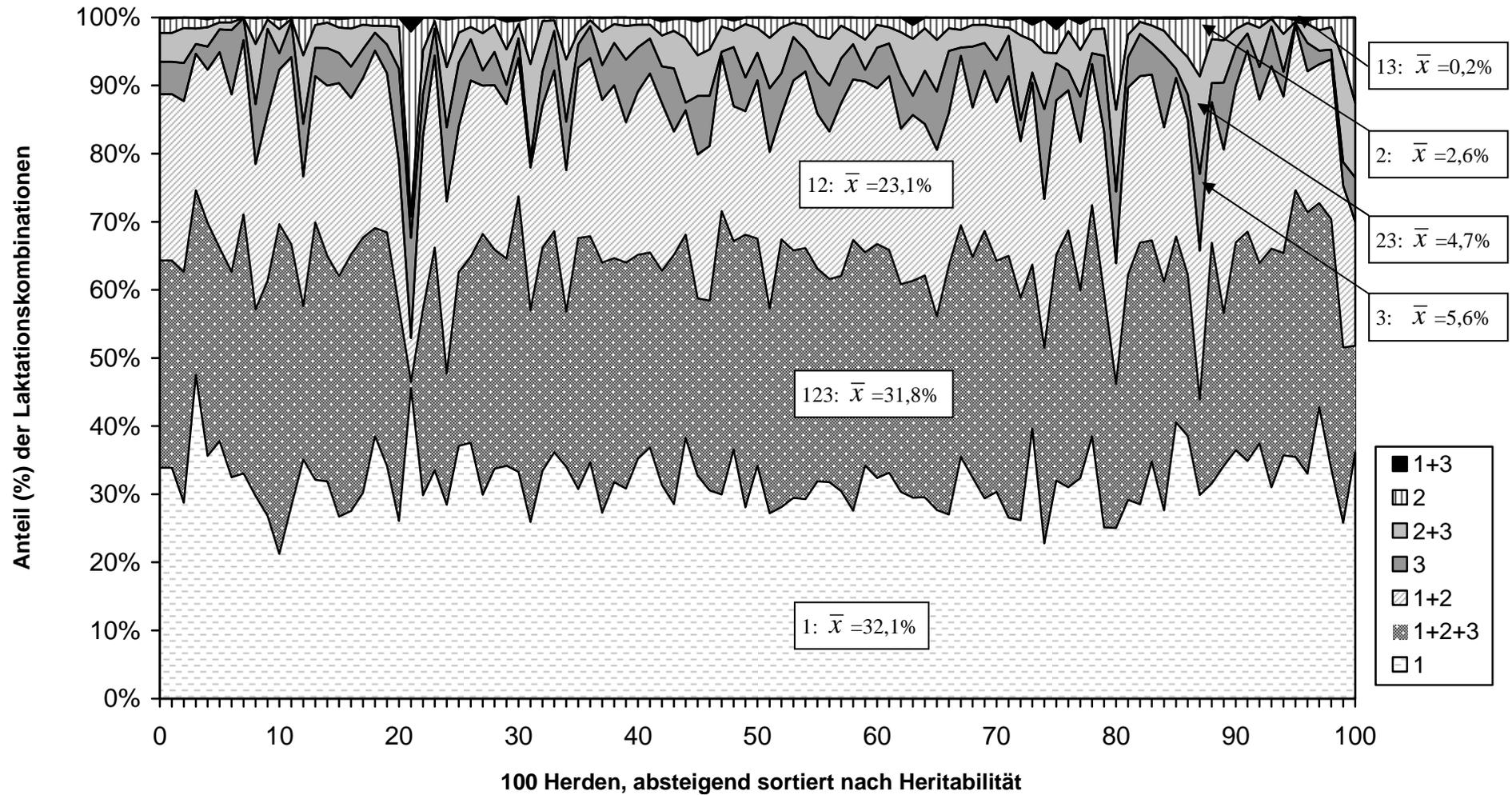


Abbildung 12: Verteilung der Kühe in den Betrieben und im Mittel auf die verschiedenen Laktationskombinationen

Im Betrieb Nr. 21 finden sich auffällige Laktationsanteile, die auf eine künstliche Bestandsstruktur hinweisen. Zwischen diesem und einem weiteren Betrieb, die beide als verschiedene Abrechnungseinheiten zu einem großen Betrieb gehören, haben im Laufe der Zeit viele Kühe hin- und hergewechselt. Deshalb haben nur 12 % der Kühe mehr als eine Laktation in Betrieb 21 verbracht, der Durchschnittswert über alle Betriebe liegt im Vergleich dazu bei fast 60 %. Im Zuge der Varianzkomponentenschätzung wurden für diesen Betrieb extrem nahe an 1 liegende additiv-genetische Korrelationen zwischen den Laktationen festgestellt, die höchstens ein Indiz dafür sind, dass aufgrund der geringen Verknüpfung zwischen den Laktationen unzuverlässige Kovarianzen geschätzt wurden, worauf auch die hohen Standardfehler hinweisen ($s.e.h^2_1 = 0,08$, $s.e.h^2_2 = 0,07$ und $s.e.h^2_3 = 0,04$). Im Ergebnis kann für diesen Betrieb eine hohe Ähnlichkeit zwischen den Heritabilitäten aus der univariaten Schätzung ($h^2_1 = 0,21$, $h^2_2 = 0,16$ und $h^2_3 = 0,10$) und der multivariaten Schätzung ($h^2_1 = 0,21$, $h^2_2 = 0,16$ und $h^2_3 = 0,11$) festgestellt werden.

Für die Gesamtheit der Betriebe konnte keine Beziehung zu den genetischen Korrelationen oder zur Heritabilität bzw. additiv-genetischen Varianz ausgemacht werden. Ein deutlich negativer Zusammenhang (bis zu $r = -0,48^{***}$) besteht jedoch zwischen dem Anteil der Kombination 1-2-3 und der Rest-, permanenten Umwelt- und Gesamtvarianz für die einzelnen Laktationen. Die Häufigkeit der Kombination 1-2-3 weist keine Beziehung zur Heritabilität in den Betrieben auf, sieht aber im Zusammenhang mit dem Anteil der Betriebswechsler ($r = -0,39^{***}$). Dessen positive Korrelation mit den Heritabilitäten für die Laktationen 1, 2 und 3 ($r = 0,20^*$, $r = 0,29^{**}$ und $r = 0,14$ n.s.) verschwindet, wenn zwei Betriebe mit > 30 % Betriebswechslern von der Korrelationsanalyse ausgeschlossen werden.

5.1.4.3. Leistungsniveau und -differenzierung

Zur Charakterisierung des Leistungsniveaus in jedem Betrieb wurden die auf 305 Tage standardisierte Laktationsleistung, der Durchschnitt aus den dritten Testtagsleistungen und der Durchschnitt aller Testtagsleistungen herangezogen. Die dritte Testtagsleistung ($\bar{x}_{Mkg1} = 24,7$ kg) ist als Vergleichswert für das Herdenniveau etwas hoch gegriffen, sie erlaubt dennoch eine gezielte Betrachtung von Tieren in einem ähnlichen Laktationsstadium ($\bar{x}_{DIM1} = 90 \pm 23$). Zu diesem Zeitpunkt ist die Phase der negativen Energiebilanz in der Früh-laktation, die mit der Mobilisation von Körpermasse und damit verbundenem erhöhten Krankheitsrisiko einhergeht, von den meisten Tieren schon überwunden.

Korrelation zwischen phänotypischer Leistung und Schätzwerten

Die Korrelationen zwischen additiv-genetischen Varianzen und den mittleren Milch-, Fett- und Eiweißleistungen für jeden einzelnen Testtag der ersten Laktation innerhalb der Betriebe (siehe Abbildung 13) sind wie erwartet nicht einheitlich, sondern folgen in etwa dem Kurvenverlauf der Leistungen während der Laktation. Bis auf Milchmenge * Heritabilität weisen alle anderen Merkmale in Kombination mit Heritabilität oder additiv-genetischer Varianz einen Peak am zweiten oder dritten Testtag in ihren „Korrelationskurven“ auf. Die Korrelation zwischen der Milchleistung am zweiten bis vierten Testtag und der additiv-genetischen Varianz überschreitet den Wert $r = 0,6$. Zwischen durchschnittlicher Testtagsleistung der ersten Laktation und Heritabilität der ersten Laktation liegt eine Korrelation von $r = 0,286^{**}$ vor. Insgesamt lässt sich an den gefundenen Korrelationen ableiten, dass die genetische Differenzierung zwischen Tieren im höheren Leistungsniveau besser möglich ist, wobei hohe Korrelationen zwischen phänotypischer Leistung und Varianzkomponenten nicht auf einer Kausalität beruhen.

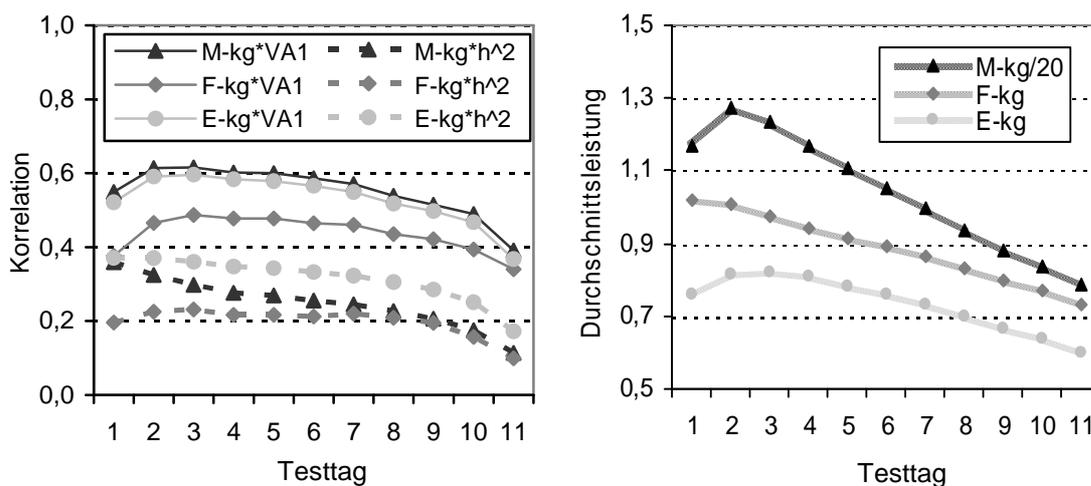


Abbildung 13: Korrelationen zwischen additiv-genetischen Varianzen bzw. Heritabilitäten und mittleren Testtagsleistungen für Milch-, Fett- und Eiweißmenge der 1. Laktation sowie nebenstehend die mittleren Leistungen

5.1.4.4. Zuchtwertniveau und -differenzierung

Die hier verwendeten Naturalzuchtwerte und Relativzuchtwerte für Kühe und deren Väter stammen aus der VIT-Zuchtwertschätzung vom Februar 2004, dem Zeitpunkt des Datenschnitts.

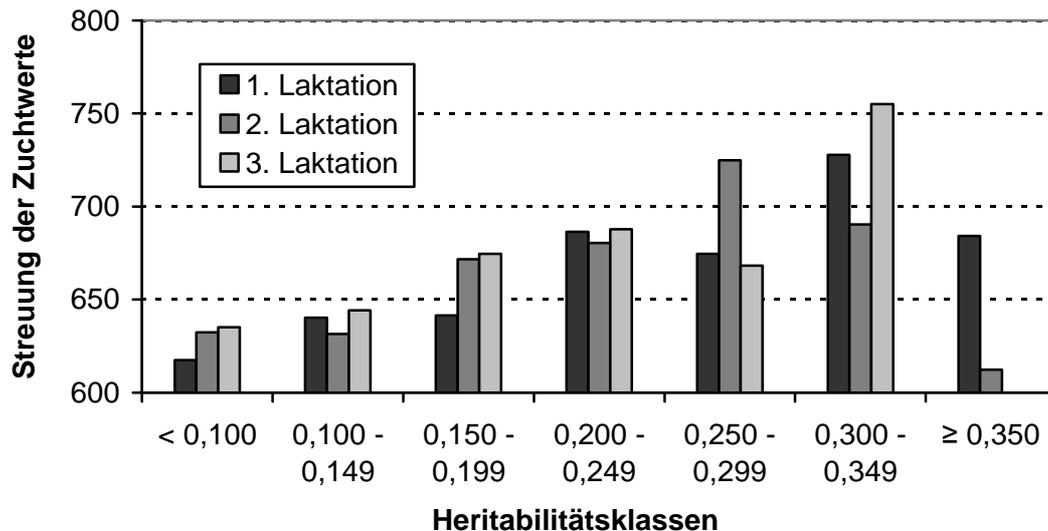
Korrelationen zwischen Zuchtwerten und Schätzwerten

In Tabelle 15 sind Korrelationen sowohl zwischen den genetischen Parametern ($\sigma^2_{a_{1-3}}$ und h^2_{1-3}) und dem Zuchtwertniveau als auch zwischen den genetischen Parametern und der Streuung von Zuchtwerten innerhalb der Betriebe aufgeführt. Die leicht positive Korrelation zwischen den Zuchtwerten der Kühe und den Heritabilitäten bzw. additiv-genetischen Varianzen für die drei Laktationen kann nicht als Beleg für eine Kausalität betrachtet werden, sondern ist vermutlich auf günstigere Verfahrensweisen bezüglich Züchtungsstrategie und Fütterungsmanagement in den Betrieben mit höheren Heritabilitäten zurückzuführen. Dieser Zusammenhang zeigt sich auch bei Verwendung des Zuchtwertniveaus der eingesetzten Väter ($471,6 \pm 144,2$ kg bzw. $101,6 \pm 2,9$ RZM-Punkte). In Betrieben mit hohen Heritabilitäten und hohen additiv-genetischen Varianzen erfolgt darüber hinaus eine bessere genetische Differenzierung der Kühe, wie anhand der deutlich positiven Beziehung zwischen den Schätzwerten und Standardabweichungen der Kuhzuchtwerte pro Betrieb zu erkennen ist. Bei den Standardabweichungen der Kuhzuchtwerte sind überhaupt die höchsten Korrelationen zu finden, die bis auf eine Ausnahme hochsignifikant sind. Da der Zuchtwert die Leistungsinformationen aus allen Laktationen der Kuh beinhaltet, gibt es mehr oder weniger starke Beziehungen zu den Schätzwerten der verschiedenen Laktationen. Mal ist der Zusammenhang bei Heritabilität und additiv-genetischer Varianz der zweiten Laktation am größten, mal sind die Schätzwerte der dritten Laktation unkorreliert. Dies hängt wiederum davon ab, ob es sich um Natural- oder Relativzuchtwerte der Kühe oder der Väter handelt.

Tabelle 15: Korrelationen zwischen mittleren Zuchtwerten (\bar{x}) bzw. Standardabweichung der Zuchtwerte (Std.) und genetischen Parametern (h^2 und σ^2_a) für die 100 Herden (Laktationen 1-3)

Korrelation		h^2_1	$\sigma^2_{a_1}$	h^2_2	$\sigma^2_{a_2}$	h^2_3	$\sigma^2_{a_3}$	
\bar{x}	Kuh	ZW _{Mkσ}	0,21*	0,50***	0,25*	0,56***	0,04	0,34***
		RZM	0,34***	0,54***	0,31***	0,51***	0,08	0,26**
	Vater	ZW _{Mkg}	0,13	0,33***	0,21*	0,41***	0,05	0,24*
		RZM	0,20*	0,36***	0,27**	0,41***	0,07	0,20*
Std.	Kuh	ZW _{Mkg}	0,39***	0,52***	0,37***	0,57***	0,34***	0,54***
		RZM	0,41***	0,52***	0,38***	0,53***	0,31**	0,49***
	Vater	ZW _{Mkg}	0,27**	0,19	0,20	0,17	0,27**	0,24*
		RZM	0,20*	0,15	0,21*	0,20*	0,27**	0,26**

$p < 0,05 = *$, $p < 0,01 = **$, $p < 0,001 = ***$



n Betr. (1. Lakt.)	7	21	25	26	12	5	4
n Betr. (2. Lakt.)	10	28	33	20	6	2	1
n Betr. (3. Lakt.)	11	44	20	17	5	3	0

Abbildung 14: Standardabweichung der Kuh-Zuchtwerte für Milch-kg von Betrieben innerhalb Klassen der Heritabilität für 1., 2. und 3. Laktation, Anzahl der Betriebe innerhalb der Klassen

Laut Abbildung 14 und unter der Berücksichtigung, dass die höchsten Korrelationen öfter bei den Schätzwerten der zweiten Laktation zu finden waren (Tabelle 15), ist wiederum Heritabilitätsklasse 5 diejenige, die optimale Eigenschaften besitzt. In diesem Fall bedeutet das, dass in Betrieben mit Heritabilitäten zwischen $h^2 = 0,25$ und $h^2 = 0,30$ die höchste genetische Differenzierung der Kühe zu finden ist.

5.1.4.5. Erstkalbealter

Die Werte für das Kalbealter in den Betrieben bewegen sich für die drei Laktationen in einem Bereich zwischen 20 - 40, 30 - 56 und 44 - 75 Monaten.

Die Betriebe unterscheiden sich um bis zu 6,7 Monate im mittleren Erstkalbealter ($28,6 \pm 1,4$). Maximal 7,1 Monate und 7,0 Monate Differenz weisen die Mittelwerte der Betriebe beim Kalbealter in der zweiten ($42,0 \pm 1,4$) und dritten Laktation ($55,2 \pm 1,5$) auf. Anhand Tabelle 16 kann eher ein Zusammenhang zwischen dem Kalbealter und der jeweiligen additiv-genetischen Varianz, als zur Heritabilität festgestellt werden.

Höhere Heritabilitäten und additiv-genetische Varianzen in Betrieben mit niedrigem Erstkalbealter lassen letztendlich darauf schließen, dass ein gehobenes Management praktiziert wird, das ebenso zur genetischen Differenzierung zwischen Tieren beiträgt.

Tabelle 16: Korrelationen zwischen Kalbealter und genetischen Parametern (h^2 und σ^2_a) für die 100 Herden (Laktationen 1-3)

	h^2_1	$\sigma^2_{a_1}$	h^2_2	$\sigma^2_{a_2}$	h^2_3	$\sigma^2_{a_3}$
1. Kalbealter	-0,17	-0,36***	-0,23*	-0,45***	-0,11	-0,31**
2. Kalbealter	-0,24*	-0,37***	-0,30**	-0,46***	-0,17	-0,33***
3. Kalbealter	-0,24*	-0,32**	-0,31**	-0,42***	-0,22*	-0,33***

$p < 0,05 = *$, $p < 0,01 = **$, $p < 0,001 = ***$

5.1.4.6. Unbekannte Abstammung

Verbandsunterschiede

Der Anteil unbekannter Väter liegt in den 44 OST1-Betrieben bei durchschnittlich 8,2 %. Die 53 OST2-Betriebe weisen fehlende väterliche Abstammungen in Höhe von 9,3 % auf. Die Werte reichen von 0,1 bis 45,0 % bei beiden Verbänden.

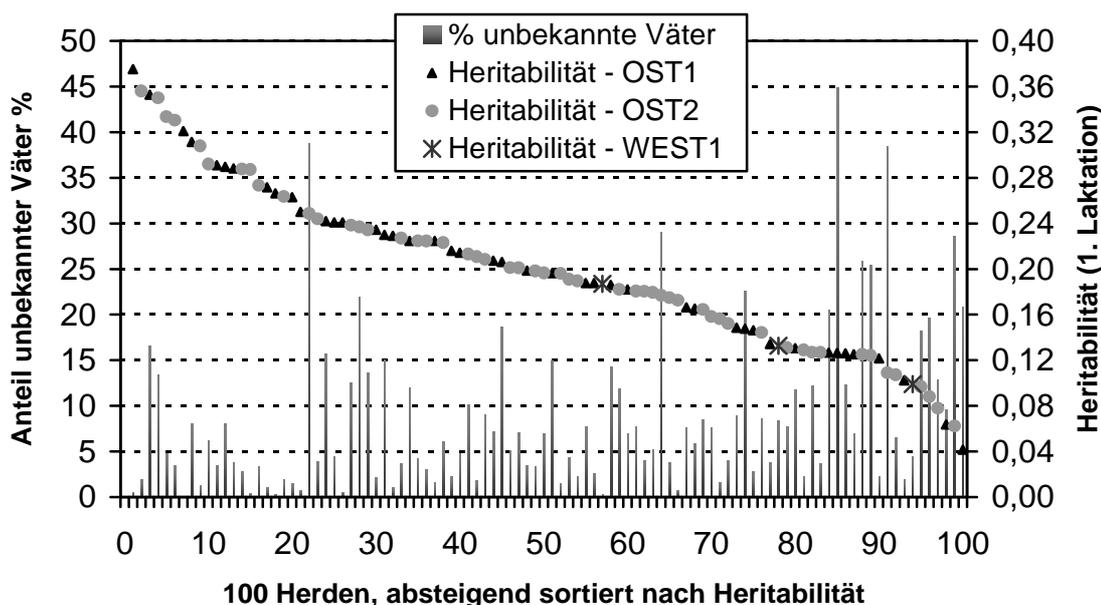


Abbildung 15: Anteil der Kühe mit unbekanntem Väter in den Betrieben und Heritabilität für die nach Heritabilität sortierten Betriebe (Zeichen zeigen unterschiedliche Herkunftsregionen der Betriebe)

Darüber hinaus ist der Mangel an Informationen zur mütterlichen Abstammung bei prozentualen Anteilen zwischen 0,1 und 39,3 % und einem durchschnittlichen Anteil unbekannter Mütter von 6,5 % (OST1) und 7,5 % (OST2) nicht zu vernachlässigen. Da es sich mit den fehlenden Aufzeichnungen zu den Müttern oft ähnlich verhält wie mit den unbekanntem Vätern ($r = 0,97***$), ist der hohe prozentuale Anteil unbekannter Väter

vielleicht eher auf schlechte Dokumentation in den Betrieben zurückzuführen, weniger auf einen hohen Deckbullenanteil.

Abbildung 15 lässt erahnen, dass der Verband OST2 hinsichtlich des Vorhandenseins väterlicher Abstammung mehr auffällige Betriebe unter den 100 größten Betrieben aufweist als OST1 (2 vs. 1 über 30 %, 7 vs. 4 über 20 %, 16 vs. 13 über 10 %, 29 vs. 23 über 5 %, 51 vs. 39 über 1 %), dennoch ist die Differenz aus den Durchschnittswerten der beiden Verbände von etwa 1 % nicht signifikant. Ähnliches gilt für fehlende Informationen zur mütterlichen Abstammung (nicht abgebildet).

Korrelation zwischen unbekannter Abstammung und Schätzwerten

Die Analyse des Zusammenhangs zwischen besagtem Betriebscharakteristikum und den gefundenen Schätzwerten ergibt, dass ein hoher prozentualer Anteil unbekannter Eltern von Kühen in der ersten Laktation die entsprechende Heritabilität und additiv-genetische Varianz negativ beeinflusst (siehe Tabelle 17). Die Korrelationen der Anteile in der zweiten und dritten Laktation mit den korrespondierenden Schätzwerten können nicht so hoch (darüber hinaus kaum signifikant) ausfallen, denn nur 55 % der Erstlaktierenden erreichen - unter anderem durch den Datenschnitt sowie den Wechsel zwischen Betrieben oder Abrechnungseinheiten bedingt - die zweite und/oder dritte Laktation.

Tabelle 17: Korrelationen zwischen prozentuaalem Anteil unbekannter Väter bzw. Mütter je Laktation und genetischen Parametern (h^2 und σ_a^2) für die 100 Herden (Laktationen 1-3)

	h^2			σ_a^2		
	1	2	3	1	2	3
% unbek. Väter	-0,34***	-0,19	-0,21*	-0,30**	-0,15	-0,17
% unbek. Mütter	-0,36***	-0,20*	-0,18	-0,31**	-0,15	-0,15

$p < 0,05 = *$, $p < 0,01 = **$, $p < 0,001 = ***$

5.1.4.7. Leistungssteigerung

Da gerade in den Betrieben der Neuen Bundesländer in den 90er Jahren eine enorme Milchleistungssteigerung stattgefunden hat, sollen hier eventuelle Auswirkungen auf die Schätzwerte untersucht werden. Der Kalbejahrgang 1992 wies eine mangelhafte Besetzung auf und einige Laktationen, die 2003 begonnen wurden, waren zum Zeitpunkt des Datenschnitts noch nicht beendet, deshalb erfolgte eine Beschränkung auf den Zeitraum zwischen 1993 und 2002.

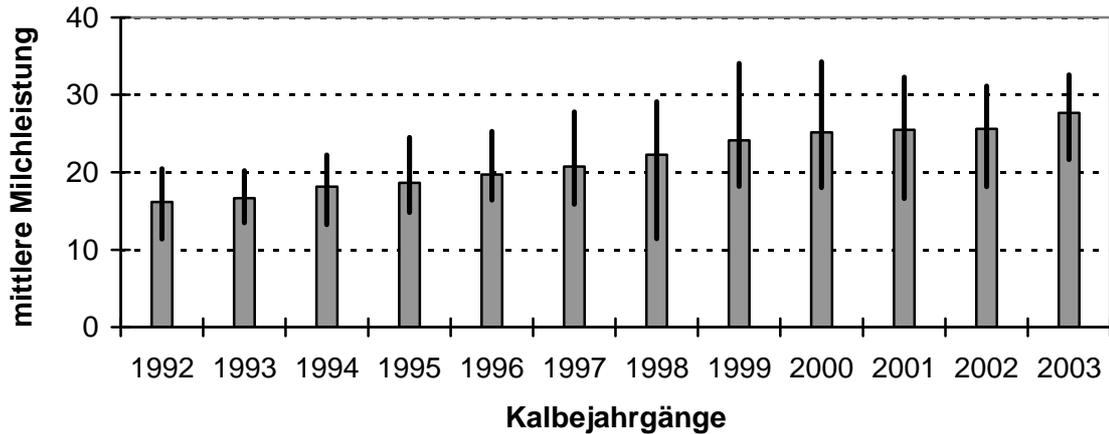


Abbildung 16: Mittelwerte und Spannweite der durchschnittlichen Milch-Testtagsleistung (in kg) in der ersten Laktation je Kalbejahrgang in den 100 Betrieben

Abbildung 16 verdeutlicht, dass die durchschnittliche Testtagsleistung für die erste Laktation im Merkmal Milchmenge innerhalb der ausgewerteten zehn Jahre um 54 % von 16,7 auf 25,6 kg gesteigert wurde (in der zweiten Laktation von 18,7 auf 29,4 kg und in der dritten Laktation von 19,7 auf 30,3 kg). Die Eiweißmenge erhöhte sich im gleichen Zeitraum um 51 % verbunden mit einem Rückgang des Eiweißgehaltes von 3,57 auf 3,49 %. Die Fettmenge stieg nur um 37 %, da der Fettgehalt sich im Laufe der Zeit von 4,63 auf 4,15 % reduzierte. Betrieb Nr. 87, der für das relativ geringe Minimum im Jahr 1998 im Vergleich zu den Vorgänger- und Folgejahrgängen verantwortlich ist, ist eine von zwei Abrechnungseinheiten ein- und desselben Betriebes, die beide zu den 100 größten Betrieben gehören. Zwischen diesen beiden Einheiten hat ein Austausch von Kühen stattgefunden, verbunden mit einem Leerstand des Betriebes Nr. 87 im Jahr 1999 (vielleicht Umbaumaßnahmen) und der völligen Auflösung des Kuhbestandes der dazugehörigen Abrechnungseinheit Nr. 67 im Jahr 2001. All diese Umstände, die zu einer bewussten Aussonderung und Reduktion des Kuhbestandes auf einzelne Kühe führen, beeinflussen mit Sicherheit auch die Varianzkomponentenschätzung.

Die Zehnjahresentwicklung der Milch-Kilogramm-Testtagsleistung wies keine Beziehung zur Heritabilität bzw. eine kaum nennenswerte Beziehung zur additiv-genetischen Varianz für die dritte Laktation auf ($r = 0,25^*$). Weitere Variablen zur Charakterisierung der Leistungsentwicklung, das heißt einzelne kurze Zeiträume innerhalb dieser Frist, standen nur sporadisch im Zusammenhang mit der additiv-genetischen Varianz. So wurde zum Beispiel im Merkmal Milch-Kilogramm-Testtagsleistung der ersten Laktation für die Differenz zwischen den Kalbejahren 1995 und 1996, die im Durchschnitt über 99 Betriebe (für einen Betrieb fehlten die Kalbejahrgänge) 1,1 kg betrug, eine Korrelation von $r = 0,23^*$ gefunden. Bei den Leistungssteigerungen zwischen zwei aufein-

ander folgenden Jahren ergaben sich ab dem Zeitraum 2000/2001 negative Werte, die einzige signifikante Korrelation allerdings nur von 2002 auf 2003 ($\bar{x} = 2,1$ kg, N = 97) in Höhe von $r = -0,20^*$. In der zweiten Laktation war nur die Differenz zwischen 1996 und 1997 ($\bar{x} = 1,3$ kg, N = 99) signifikant mit der additiv-genetischen Varianz korreliert ($r = 0,26^{**}$), in der dritten Laktation gab es keine entsprechenden Zusammenhänge.

5.1.4.8. Inzucht und Verwandtschaft

Der *Verwandtschaftskoeffizient*, der aus Kapazitätsgründen des verwendeten Programms (WENSCH-DORENDORF, 2006) nur für 81 Betriebe berechnet werden konnte, ist positiv mit den Heritabilitäten und additiv-genetischen Varianzen korreliert ($r = 0,29^{**}$ bzw. $r = 0,42^{***}$). Von hohen durchschnittlichen Verwandtschaftskoeffizienten bleibt die REML-Schätzung also nicht unbeeinflusst. Inzuchtkoeffizienten wurden nach einem Algorithmus von TIER (1990) berechnet (Tabelle 18). Der durchschnittlichen *Inzuchtkoeffizient aller Kühe* pro Betrieb befindet sich auf sehr geringem Niveau und wird durch zunehmende Verwandtschaft positiv beeinflusst ($r = 0,74^{***}$).

Tabelle 18: Anzahl (N), Mittelwert (\bar{x}), Standardabweichung (Std.), Minimum (Min.) und Maximum (Max.) für die durchschnittlichen Verwandtschafts- (V%) und Inzuchtkoeffizienten (I%) der 100 Betriebe

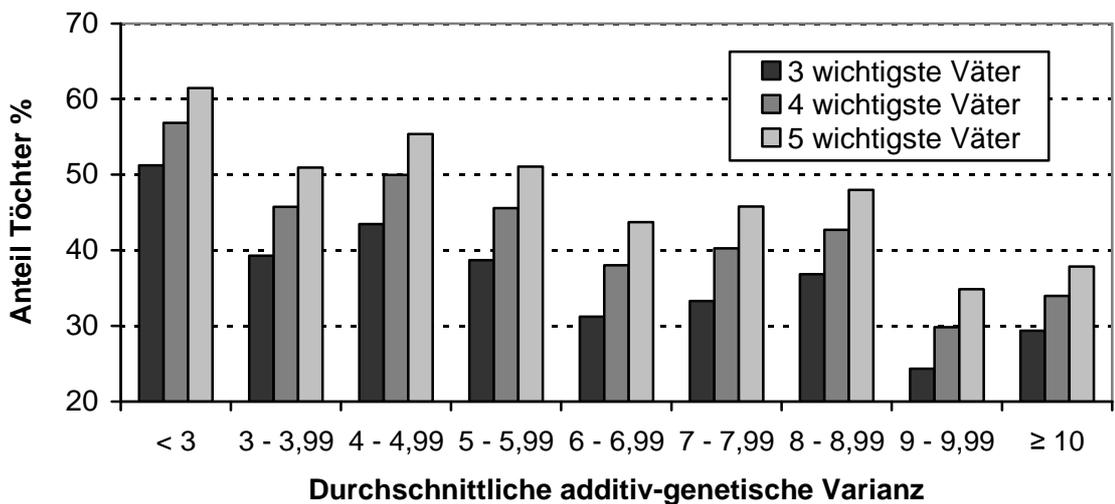
	V%		I%			%	Anzahl	
	alle Tiere	alle Tiere	Nichtbasistiere	Leistungstiere	ingez. Tiere	unbek. Väter	Tiere mit Leistung	Tiere im Ped.
N	81	100	100	100	100	100	100	100
\bar{x}	0,82	0,47	0,55	0,87	2,25	8,68	3292	12072
Std.	0,19	0,10	0,11	0,28	0,26	8,84	1950	5918
Min.	0,37	0,25	0,30	0,30	1,50	0,12	1115	4881
Max.	1,29	0,76	0,91	1,78	2,85	44,95	15083	38973

Da dieser Koeffizient negativ mit dem Anteil unbekannter Väter korreliert ist ($-0,35^{***}$), wurden noch Inzuchtkoeffizienten für *Nichtbasistiere* berechnet. In dem Fall werden auch Tiere mit unbekanntem Eltern ausgeschlossen, nicht allerdings die, bei denen nur ein Elternteil fehlt. Wenn nur *Leistungstiere* oder nur *ingezüchtete Tiere* (von VCE berechnet) betrachtet werden, steigen die mittleren Inzuchtkoeffizienten an.

Die hier berechneten Koeffizienten dienen als Grundlage zur Erklärung von Zusammenhängen zwischen Betrieben (siehe Kapitel 5.1.5).

5.1.4.9. Wichtige Väter und genetische Heterogenität der Herden

Mit dieser Untersuchung sollte aufgedeckt werden, ob ein Zusammenhang zwischen hohen additiv-genetischen Varianzen bzw. Heritabilitäten und dem Einsatz von vielen verschiedenen Bullen in den Betrieben besteht. Dazu wurden die *mittleren Töchteranteile der drei* (mTA3), *vier* (mTA4) und *fünf wichtigsten Väter* (mTA5) berechnet. Diese betragen im Durchschnitt über alle Betriebe 11,9 %, 14,6 % und 17,1 %. Für den gesamten Zeitraum lagen aber keine nennenswerten Beziehungen zu den Schätzwerten vor. Dagegen brachte die Differenzierung zwischen den Kalbejahrgängen mit Mittelwerten von bis zu 41,2 %, 47,7 % und 52,4 % (1996) vereinzelte Zusammenhänge zu Tage. Die höchsten Korrelationen zwischen den drei mittleren Töchteranteilen und der additiv-genetischen Varianz wurden für das Kalbejahr 1999 ermittelt (mTA3: $r = -0,32^{**}$, mTA4: $r = -0,30^{**}$ und mTA5: $r = -0,29^{**}$), zur Heritabilität wies nur mTA3 eine signifikante Beziehung auf ($r = -0,21^*$).



Klasse	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Betriebe	11	16	20	17	9	8	9	7	3

Abbildung 17: Mittlere Töchteranteile der wichtigsten 3, 4 und 5 Väter in den 100 Betrieben innerhalb Klassen für additiv-genetische Varianz für die Testtagmilchleistung (Kalbejahr 1999)

Abbildung 17 veranschaulicht anhand von Varianzklassen, dass die additiv-genetische Varianz mit sinkenden mittleren Töchterzahlen der wichtigsten Väter des Kalbejahrgangs 1999, also wachsender genetischer Heterogenität der Herde, ansteigt. Abhängige und unabhängige Achse sind aus Übersichtlichkeitsgründen vertauscht. Dass die prozentualen Anteile der wichtigsten Väter stark negativ mit der *Zahl der eingesetzten Väter* korreliert sind ($r = -0,75^{***}$ bis $r = -0,81^{***}$), ist nicht verwunderlich. Unerwartet hoch sind allerdings die Gesamtzahlen der Väter in den einzelnen Betrieben (siehe Tabelle 19), die in diesem Kalbejahrgang von 10 bis 211 reichen.

Eine gute Ausnutzung von Bullen, die durch die drei Variablen mTA3, mTA4 und mTA5 beschrieben worden ist, spiegelt sich auch in einem hohen *Verhältnis von Kühen zu Vätern* wider ($r = 0,62^{***}$ bis $r = 0,66^{***}$). Damit verbunden ist weiterhin ein niedrigerer *Prozentsatz an Vätern mit nur einer Tochter* im Betrieb ($r = -0,26^{**}$ bis $r = -0,30^{**}$). Die *Kühe mit unbekanntem Vater* finden sich sicher zum Teil in den 37,4 % Vätern mit nur einer Tochter wieder. Immerhin besteht zwischen dem Anteil an Vätern mit nur einer Tochter und dem Anteil unbekannter Väter eine schwach signifikante Beziehung ($r = 0,20^*$), die im Gesamtzeitraum etwas deutlicher wird ($r = 0,40^{***}$).

Tabelle 19: Anzahl (N), Mittelwert (\bar{x}), Standardabweichung (Std.), Minimum (Min.) und Maximum (Max.) für die Anzahl Väter, Kühe pro Vater, Anteil Väter mit nur 1 Tochter und Anteil unbekannter Väter im Kalbejahr 1999 ('99) sowie im gesamten Zeitraum (alle)

	Anzahl Väter		Kühe/Vater (%)		nur 1 Tochter (%)		unk. Väter (%)	
	'99	alle	'99	alle	'99	alle	'99	alle
N	98	100	98	100	98	100	98	100
\bar{x}	54,0	458,6	6,3	7,4	37,4	35,5	4,0	8,7
Std.	33,9	224,9	3,6	3,6	13,8	11,3	6,5	8,9
Min.	10	108	2,0	3,0	6,7	9,0	0	0,1
Max.	211	1441	20,8	27,2	69,7	58,6	43,4	45,0

5.1.4.10. Güte des Modells

Die Prüfung auf Normalverteilung der Resteffekte (residuals) zur Beurteilung der Modellanpassung, die mit SAS nur ohne Berücksichtigung der Verwandtschaft möglich war, führte in den meisten der stichprobenartig durchgeführten Fälle (kleinere Betriebe wegen begrenzter Rechenkapazität) zu einem negativen Ergebnis. Deswegen soll alternativ die Güte des verwendeten Modells betrachtet werden, die angibt, wie viel Prozent der Rohvarianz durch das Modell erklärt werden und bei deren Berechnung die geschätzte phänotypische Varianz (σ_p^2) und die Rohvarianz (σ_{proh}^2) aus den Testtagsleistungen verwendet werden.

$$\text{Güte} = 1 - \frac{\sigma_p^2}{\sigma_{proh}^2}$$

Die Güte des Modells für die erste Laktation (Modell M1) liegt zwischen 5,8 und 65,5 % (siehe Tabelle 20), also werden zwischen 94,2 und 34,5 % der Rohvarianz nicht

durch das Modell erklärt. In einem Fall erreicht die Güte einen Wert von -5,5 %, der nicht interpretiert werden kann. Je besser die Anpassung des Modells erfolgt, umso größer ist der Anteil der additiv-genetischen Varianz an der Gesamtvarianz. Dieser Zusammenhang gilt allerdings nur für die zweite und dritte Laktation ($r = 0,29^{**}$ und $r = 0,43^{***}$). Mit größer werdender Gesamtvarianz sinkt die Güte des Modells, wie an den negativen Korrelationen für erste, zweite und dritte Laktation abgelesen werden kann ($r = -0,50^{***}$, $r = -0,52^{***}$ und $r = -0,59^{***}$). Mit dem Variationskoeffizient, dem Verhältnis aus Standardabweichung (s) und Mittelwert (\bar{x}), kann beurteilt werden, ob sich die Varianzen unabhängig vom Mittelwert wirklich unterscheiden und, ob hohe Varianzen zwangsläufig hohe Heritabilitäten nach sich ziehen.

$$VK = \frac{s}{\bar{x}} \cdot 100\%$$

Die berechneten Variationskoeffizienten zwischen 23,9 und 44,8 % weisen auf Unterschiede zwischen den Betrieben hin. Negative Korrelationen in der ersten und zweiten Laktation ($r = -0,36^{***}$, $r = -0,34^{***}$) zeigen des Weiteren, dass mit hohen Variationskoeffizienten niedrige Heritabilitäten verbunden sind. Variationskoeffizienten für 305-Tage-Leistungen bewegen sich zwischen 14,3 und 32,6 % und sind nicht mit den Heritabilitäten korreliert. Der Zusammenhang zwischen mittleren Testtagsleistungen und den Rohvarianzen liegt bei $r = 0,62^{***}$, $r = 0,61^{***}$ und $r = 0,66^{***}$ für die erste bis dritte Laktation.

Tabelle 20: Güte des Modells (Laktation 1 bis 3) bei der h^2 -Schätzung für alle 100 Betriebe

Nr.	1. Laktation		2. Laktation		3. Laktation	
	h^2	Güte %	h^2	Güte %	h^2	Güte %
1	0,375	44,9	0,201	60,9	0,206	58,6
2	0,356	53,9	0,260	65,4	0,330	62,4
3	0,353	34,2	0,381	54,3	0,294	55,2
4	0,350	54,1	0,306	64,7	0,327	58,7
5	0,334	52,2	0,308	60,9	0,257	62,2
6	0,331	49,4	0,196	57,5	0,166	61,5
7	0,321	54,3	0,275	58,8	0,193	56,5
8	0,311	43,3	0,257	50,4	0,202	52,6
9	0,308	23,7	0,253	49,7	0,126	50,6
10	0,292	47,2	0,194	59,2	0,151	56,4
11	0,291	40,4	0,263	53,7	0,260	51,6
12	0,290	45,6	0,266	57,3	0,238	53,3
13	0,288	44,0	0,217	56,8	0,237	53,6
14	0,288	37,8	0,169	47,5	0,114	44,5

Nr.	1. Laktation		2. Laktation		3. Laktation	
	h ²	Güte %	h ²	Güte %	h ²	Güte %
15	0,287	41,9	0,197	51,7	0,110	50,7
16	0,273	43,5	0,231	52,0	0,153	44,1
17	0,272	37,6	0,245	53,0	0,189	47,4
18	0,266	30,6	0,217	55,7	0,282	49,9
19	0,264	36,8	0,240	51,3	0,189	49,3
20	0,263	54,8	0,224	64,2	0,147	60,6
21	0,250	5,8	0,212	30,8	0,103	20,2
22	0,249	47,6	0,189	57,4	0,155	53,0
23	0,244	37,4	0,163	50,3	0,103	44,3
24	0,242	32,7	0,214	36,2	0,113	42,4
25	0,241	37,3	0,103	56,7	0,116	53,0
26	0,241	35,1	0,224	50,4	0,250	48,3
27	0,239	34,7	0,135	48,7	0,170	47,3
28	0,237	55,8	0,220	62,7	0,228	60,3
29	0,234	37,6	0,239	48,5	0,194	49,1
30	0,234	42,8	0,200	56,9	0,247	57,9
31	0,230	32,6	0,214	45,3	0,123	41,2
32	0,229	25,7	0,235	47,6	0,205	38,2
33	0,227	38,2	0,228	56,4	0,204	55,0
34	0,225	58,5	0,241	62,3	0,314	64,1
35	0,225	49,4	0,175	57,6	0,194	51,8
36	0,225	40,5	0,179	50,2	0,168	49,5
37	0,225	54,1	0,227	60,0	0,246	53,8
38	0,223	49,5	0,180	58,9	0,150	56,0
39	0,216	20,8	0,182	50,7	0,120	50,3
40	0,214	35,1	0,148	45,2	0,079	49,8
41	0,213	44,5	0,177	50,0	0,166	49,0
42	0,211	45,7	0,137	56,6	0,130	54,9
43	0,209	32,4	0,105	54,0	0,092	54,4
44	0,207	-5,5	0,152	33,5	0,079	24,7
45	0,206	22,1	0,160	48,8	0,113	43,0
46	0,201	37,9	0,160	54,9	0,218	50,1
47	0,201	51,1	0,227	58,7	0,207	55,5
48	0,199	33,8	0,203	50,3	0,135	46,4
49	0,198	46,0	0,141	64,0	0,189	63,2
50	0,197	37,9	0,186	52,4	0,149	48,1
51	0,197	56,0	0,146	62,6	0,177	61,0
52	0,196	53,3	0,189	62,1	0,196	62,0
53	0,191	42,6	0,117	47,4	0,154	45,9
54	0,190	46,1	0,157	52,4	0,089	46,2
55	0,188	58,0	0,179	64,3	0,216	62,4
56	0,188	35,9	0,171	50,7	0,156	47,9
57	0,187	27,4	0,141	44,9	0,142	42,4
58	0,186	47,7	0,062	50,4	0,148	54,4
59	0,182	43,3	0,184	51,5	0,229	45,1
60	0,182	48,6	0,163	60,3	0,113	65,5
61	0,181	33,1	0,130	45,8	0,108	45,0
62	0,181	36,9	0,158	53,0	0,157	51,8
63	0,180	40,2	0,200	52,7	0,222	51,6

Nr.	1. Laktation		2. Laktation		3. Laktation	
	h^2	Güte %	h^2	Güte %	h^2	Güte %
64	0,177	43,7	0,168	58,4	0,143	52,4
65	0,175	48,1	0,150	60,1	0,116	54,4
66	0,173	50,5	0,240	55,5	0,129	50,9
67	0,166	23,4	0,146	33,6	0,143	29,7
68	0,165	36,4	0,177	51,2	0,128	54,6
69	0,165	45,2	0,167	56,0	0,123	54,8
70	0,158	41,2	0,136	50,2	0,115	46,4
71	0,156	32,1	0,094	46,0	0,122	42,0
72	0,152	47,0	0,180	61,1	0,115	55,8
73	0,148	58,1	0,066	60,4	0,123	55,0
74	0,148	49,7	0,190	49,9	0,218	54,7
75	0,146	45,9	0,148	52,1	0,251	45,3
76	0,144	53,9	0,155	59,1	0,134	53,1
77	0,134	46,0	0,165	54,5	0,189	48,5
78	0,133	16,6	0,145	37,9	0,112	28,1
79	0,131	37,8	0,111	48,1	0,111	43,8
80	0,131	34,3	0,120	48,1	0,209	51,1
81	0,129	41,7	0,102	41,6	0,102	37,9
82	0,127	40,0	0,142	48,2	0,063	44,7
83	0,127	33,9	0,103	49,8	0,080	44,3
84	0,127	43,3	0,130	43,2	0,124	39,8
85	0,126	47,0	0,130	58,6	0,117	54,1
86	0,126	53,9	0,159	60,9	0,162	59,3
87	0,125	33,3	0,059	39,4	0,071	32,2
88	0,125	25,2	0,196	48,9	0,109	51,8
89	0,124	43,8	0,107	50,2	0,112	44,6
90	0,122	37,7	0,141	50,2	0,120	47,0
91	0,109	59,1	0,134	64,5	0,093	59,8
92	0,107	52,9	0,020	56,7	0,043	54,7
93	0,102	44,9	0,074	40,4	0,114	40,4
94	0,099	16,6	0,096	43,6	0,150	38,4
95	0,097	55,4	0,102	55,0	0,112	43,0
96	0,088	41,9	0,127	54,9	0,116	54,6
97	0,078	28,8	0,076	45,2	0,131	39,5
98	0,064	47,6	0,108	55,0	0,144	46,3
99	0,062	39,7	0,084	44,8	0,064	33,4
100	0,041	35,3	0,095	48,6	0,034	53,3

5.1.4.11. Heterogene Restvarianzen

Für fünf Betriebe mit ähnlichen additiv-genetischen Varianzen (Modell M2) wurde überprüft, ob die Restvarianzen bei gemeinsamer Varianzkomponentenschätzung mit heterogenen Restvarianzen für verschiedene Betriebe gleich bleiben (siehe Tabelle 21).

Tabelle 21: Varianzkomponenten für fünf Betriebe bei getrennter und kombinierter Schätzung

Nr.	n Testtage	Einzelschätzung				kombinierte Schätzung			
		σ_{pe}^2	σ_a^2	σ_e^2	h^2	σ_{pe}^2	σ_a^2	σ_e^2	h^2
2	17328	9,4	9,2	5,9	0,374			6,1	
12	12982	11,0	9,0	9,4	0,305			9,6	
24	17830	11,8	9,0	17,0	0,237	17,2	9,9	18,3	0,269
39	41397	25,0	8,9	9,0	0,207			9,2	
18	14745	14,6	8,9	9,2	0,271			9,5	

Ein nennenswerter Anstieg ist nur bei Betrieb 24 mit einer ohnehin sehr hohen Restvarianz zu verzeichnen. Die gegenüber dem Durchschnittswert der fünf Betriebe aus den Einzelschätzungen $\bar{x} = 14,4$ für permanente Umweltvarianzen bzw. $\bar{x} = 9,0$ für additiv-genetische Varianzen leicht erhöhte permanente Umwelt- ($\sigma_{pe}^2 = 17,2$) und additiv-genetische Varianz ($\sigma_a^2 = 9,9$) bei einer gemeinsamen Schätzung war zu erwarten und spricht nicht gegen eine Eignung des Modells für alle Betriebe.

5.1.4.12. Ergänzende Betriebsinformationen von den Verbänden

Es gibt eine Reihe von Betrieben, die sich entweder durch extrem niedrige additiv-genetische Varianzen, verbunden mit niedrigen Heritabilitäten, oder durch extrem hohe permanente Umweltvarianzen bei gleichzeitig hohen additiv-genetischen Varianzen hervorheben. Mit Hilfe von Zusatzinformationen sollte aufgedeckt werden, ob diese Unterschiede durch verschiedene Managementsysteme oder beispielsweise durch Einteilung der Kühe nach ihrer Abstammung verursacht worden sind. Tabelle 22 zeigt die Varianzkomponenten von zwei Betrieben aus jeder Gruppe.

Tabelle 22: Ausgewählte Betriebe, die durch extreme additiv-genetische Varianzen oder permanente Umweltvarianzen auffallen

	22	44	90	99	Ø
h^2	0,25	0,21	0,12	0,06	0,20
σ_a^2	9,7	7,7	2,9	2,4	5,6
σ_e^2	10,5	8,0	10,0	12,6	9,0
σ_{pe}^2	18,7	21,4	10,9	23,4	13,5

Nur für einen Teil der Betriebe konnten verwertbare und aufschlussreiche Informationen zu Gruppeneinteilungen, Anpaarungsverhältnissen und Deckeinsatz durch die Zuchtverbände eingeholt werden (siehe Tabelle 23). Die erhofften Hinweise auf eine

bewusste Gruppierung bezüglich der Abstammung der Kühe blieben aus, stattdessen wurde ersichtlich, dass die Einteilung wie üblich entsprechend des Leistungsniveaus bzw. Laktationsstadiums vorgenommen wird.

Die Betriebe 22 und 44 mit hohen permanenten Umweltvarianzen fallen durch Zu- und Verkäufe von Tieren auf. Demgegenüber stehen nur geringe Betriebswechsleranteile in der Datenauswertung (0,0 bzw. 3,6 %). 5,4 % unbekannte Väter im Betrieb 22 beziehen sich wahrscheinlich auf das aktuell ausgewertete Milchjahr. Für den gesamten Zeitraum wurde in der eigenen Untersuchung ein prozentualer Anteil von 38,8 % ermittelt. Derselbe Sachverhalt trifft auf Betrieb 99 im niedrigen h^2 -Bereich zu, der 2,5 % angibt, aber tatsächlich 28,6 % aufweist (siehe Tabelle 23).

Tabelle 23: Eigene Auskünfte der Betriebe zur Charakterisierung des Managements

Nr.	Bemerkungen
22	<ul style="list-style-type: none"> • melken dreimal • seit 2 Jahren tierindividuelle Anpaarung, vorher wenige Bullen • 2000: Tierzukauf • 5,4 % unbekannte Väter
44	<ul style="list-style-type: none"> • alternierende Kontrolle • Deckbullen als Ausputzer, Spermaeinsatz auf hohem Niveau • früher ET + Zukauf aus OHG-DT-Stall • Zukauf Färsen und Kälber, Verkauf tragender Färsen
90	<ul style="list-style-type: none"> • BT4-Kontrolle, 6 Fütterungsgruppen • Deckbullen bei Färsen, keine Einzeltieranpaarung, zwischen 1993 und 1996: 5-23 % Deckbullenanteil • Personal-Qualifikation nicht ausreichend
99	<ul style="list-style-type: none"> • Normale Gruppierung, 3 Melkdurchgänge • Einsatz weniger Bullen, Preisbegrenzung <20 € • hohe Abgangs- und Totgeburtenrate • 2,5 % unbekannte Väter

Dass unbekannte Väter die Ergebnisse beeinträchtigen, wurde bereits im Abschnitt 5.1.4.6 nachgewiesen. Bei Betrieben mit niedriger Heritabilität ist außerdem ein vermehrter Deckbulleneinsatz zu finden, deren genauer Anteil nicht nachvollziehbar war. Alternierende Prüfschemata („T“) sind laut Fragebogen häufig in Betrieben mit niedrigen Heritabilitäten anzutreffen. Der Anteil der am dritten Testtag oder an allen Testtagen angewendeten T-Schemata beträgt bis zu 61,4 % bzw. 62,0 %, korreliert aber nicht mit der Heritabilität.

5.1.5. Korrelation zwischen Betrieben

Hinweise auf das Vorhandensein möglicher Genotyp-Umwelt-Wechselwirkungen im Gebiet der zwei ostdeutschen Verbände sollen exemplarisch fünf Betriebe liefern, darunter je zwei Betriebe mit hohen und sehr hohen Heritabilitäten und ein Betrieb mit niedriger Heritabilität (siehe Tabelle 24).

Tabelle 24: Mittelwert, Varianzen, Heritabilität (1. Laktation, Einmerkmalfall) und Koeffizienten für Inzucht (I%) und Verwandtschaft (V%) im Merkmal Milchleistung sowie weitere Betriebscharakteristika für die fünf Betriebe und Mittelwert der 100 Betriebe

		1	25	95	10	32	Ø
Phänotyp	\bar{x}	22,6	20,4	20,6	19,5	21,3	21,8
	s^2	43,0	47,0	49,8	33,6	47,4	48,2
Varianzkomponenten	σ_a^2	9,2	7,5	2,2	5,2	9,2	5,5
	σ_e^2	6,7	6,9	8,3	5,2	10,3	9,0
	σ_{pe}^2	8,0	15,7	11,7	7,4	16,7	13,8
	h^2	0,384	0,249	0,097	0,291	0,253	0,198
	s.e. h^2	0,025	0,033	0,022	∕.	0,034	0,025
I (%)	alle Tiere	0,61	0,41	0,38	0,35	0,50	0,47
V (%)	alle Tiere	1,04	0,69	0,64	0,63	0,78	0,82
unbek. Väter %		0,5	4,5	18,2	6,3	1,1	8,7
% Rbt		0,0	2,2	0,1	0,0	0,3	0,5
ZWMkg		-30	-328	-109	-306	-9	-109
σ -ZWMkg		679	636	587	643	724	661
Anzahl Tiere		2764	2496	1992	2526	1876	3392

Bei den Varianzkomponenten herrschen zum Teil große Unterschiede. Jeder Betrieb liegt mit seiner Gesamtkuhzahl (siehe Tabelle A 4) unter dem Durchschnittswert von 3392 für alle 100 Betriebe, von denen sich nur 34 oberhalb dieses Wertes befinden. Mit dieser Auswahl ging es nicht in erster Linie darum Rechenzeit zu minimieren, vielmehr ließ das verwendete Fortran-Programm (WENSCH-DORENDORF, 2006) zur Berechnung des Verwandtschaftskoeffizienten nur 16000 Tiere im gemeinsamen Pedigree zu. Anhand der Verwandtschaft sollten Rückschlüsse zu den hohen oder niedrigen additiven genetischen Varianzen gezogen werden.

Tabelle 25: Heritabilitäten und genetische Korrelationen zwischen den Milch-kg Testtagsleistungen (1. Laktation) von je 2 Betrieben und Koeffizienten für Inzucht und Verwandtschaft mit gemeinsamem Pedigree

Nr. der zwei Betriebe		1 + 25	1 + 95	25 + 95	1 + 10	25 + 10
Varianz- kompo- nenten	$h^2_{\text{Betr 1}}$	0,39	0,38	0,24	0,38	0,25
	$h^2_{\text{Betr 2}}$	0,24	0,10	0,09	0,29	0,29
	s.e. $h^2_{\text{Betr 1}}$	∕.	∕.	0,03	∕.	∕.
	s.e. $h^2_{\text{Betr 2}}$	∕.	∕.	0,02	∕.	∕.
	r_g	0,82	1,00	0,99	0,90	0,80
	s.e. r_g	∕.	∕.	0,32	∕.	∕.
I %	alle	0,52	0,52	0,42	0,50	0,39
V %	alle	0,79	0,80	0,62	0,76	- ¹
unbekannte Väter %		2,4	7,9	10,6	3,3	5,4
Tiere im Pedigree		15626	14531	15332	14531	16188

¹ nicht berechnet

Fortsetzung:

Nr. der zwei Betriebe		10 + 95	1 + 32	25 + 32	32 + 95	10 + 32
Varianz- kompo- nenten	$h^2_{\text{Betr 1}}$	0,29	0,39	0,25	0,25	0,30
	$h^2_{\text{Betr 2}}$	0,10	0,27	0,26	0,10	0,26
	s.e. $h^2_{\text{Betr 1}}$	0,03	0,02	0,03	∕.	0,03
	s.e. $h^2_{\text{Betr 2}}$	0,02	0,03	0,03	∕.	0,03
	r_g	0,70	0,97	0,44	1,00	0,63
	s.e. r_g	0,20	0,12	0,20	∕.	0,22
I %	alle	0,37	0,60	0,47	0,46	0,43
V %	alle	0,59	0,93	0,69	0,66	0,64
unbekannte Väter %		11,5	0,8	3,0	9,9	4,1
Tiere im Pedigree		14548	13152	14347	13172	13990

Tabelle 25 zeigt die Schätzwerte der Heritabilitäten und additiv-genetischen Korrelationen zwischen jeweils zwei Betrieben (Modell M2a). Additiv-genetische Korrelationen für jeweils zwei Betriebe von $r_g = 1,00$ resultieren aus Schätzläufen die keine Konvergenz erzielt haben. Hohe Standardfehler treten unabhängig von der Höhe des Schätzwertes auf und geben eventuell einen Hinweis auf unterschiedliche Modellanpassungen bei den Betrieben.

Angesichts einer Reihe von additiv-genetischen Korrelationen, die den von ROBERTSON (1959) definierten Wert $r_g = 0,80$ unterschreiten und damit dem Verdacht auf mögliche Genotyp-Umwelt-Interaktionen ausgesetzt sind, würde sich eine weiterführende Untersuchung anderer großer Betriebe lohnen. Dann würden vermutlich Zusammenhänge zur Verwandtschaft zutage treten, die sich hier nur leicht abzeichnen. So weisen die Betriebe 10 und 95, die sehr unterschiedliche Heritabilitäten haben, eine additiv-genetische Korrelation in Höhe von $r_g = 0,70$ auf und außerdem die niedrigsten Verwandtschaftskoeffizienten (0,59 %). Eine Korrelation von nur $r_g = 0,44$ zwischen den Betrieben 25 und 32 mit ähnlichen Heritabilitäten steht aber einem relativ moderaten Koeffizienten für Verwandtschaft (0,69 %) gegenüber. Auf der anderen Seite äußert sich die höchste ermittelte Verwandtschaft (0,93 %) zwischen Betrieb 1 und 32 in einer Korrelation von $r_g = 0,97$. Um genetische Korrelationen zwischen Betrieben schätzen zu können, ist somit eine hohe verwandtschaftliche Verknüpfung nötig.

5.1.6. Rechenvarianten

Durch zusätzliche Varianzkomponentenschätzungen sollte überprüft werden, ob die Heritabilitätsunterschiede und Konvergenzprobleme bestehen bleiben und, ob sich die Rangierung der Betriebe stark verändert. Weitere Beweggründe waren Auffälligkeiten bei einigen Betrieben, bei denen sich möglicherweise auch die Heritabilität ändert, wenn entsprechende Korrekturen am Modell oder an den Daten vorgenommen würden. Eine Zusammenstellung der Varianten erfolgt in Tabelle 31 im Abschnitt 6.1.6.

5.1.6.1. Änderungen am Modell

Univariates Modell und Vatermodell

Die Anwendung anderer Modelle diente der Aufdeckung eventueller Schwankungen in den Schätzwerten, um bei fehlenden Standardfehlern Konvergenzprobleme mit Auswirkungen auf die Schätzwerte ausschließen zu können.

Hierfür wurden die Werte aus der multivariaten Tiermodell-Schätzung (M1, TM-multi) denen aus univariater Tiermodell- (M2, TM-uni) und multivariater Vatermodell-Schätzung (M9, VM-multi) gegenübergestellt (siehe Abbildung 18). Betrieb 21 fällt durch eine deutlich negative Abweichung auf. Im Großen und Ganzen führt TM-uni zu beinahe denselben Ergebnissen für die erste Laktation ($r = 0,98^{***}$) und das Problem fehlender Konvergenz tritt nur noch bei einem Betrieb auf (vgl. multivariat: bei 50 Betrieben). Eine Überprüfung mit dem Programm ASREML (GILMOUR et al., 2002) erzielte zudem identische Schätzwerte. Der Zusammenhang zwischen TM-multi und TM-uni in der zweiten und dritten Laktation ist niedriger ($r = 0,88^{***}$ und $r = 0,72^{***}$).

Das Tiermodell ist im Vergleich zum Vatermodell mit höherem Rechenaufwand verbunden, hat sich aber durchgesetzt, da mit ihm Zuchtwerte für Kühe geschätzt werden können. Bei VM-multi (höhere Standardfehler) und TM-multi kommt es insgesamt zu geringeren Korrelationen zwischen den Milchleistungen der jeweiligen Laktationen ($r = 0,78^{***}$, $r = 0,70^{***}$ und $r = 0,70^{***}$). Die im Mittel 7,8 % geringeren Heritabilitäten sind auf durchschnittlich 5,7 % niedrigere additiv-genetische Varianzen ($4 \cdot \sigma_s^2$) zurückzuführen. Hier zeigt sich, dass die zahlreichen weiblichen Verwandtschaften innerhalb einer Herde offensichtlich unverzichtbar sind. Die geringen bzw. deutlichen Unterschiede zwischen TM-multi und TM-uni sowie zwischen TM-multi und VM-multi spiegeln sich auch in den durchschnittlichen Rangverschiebungen der Betriebe wider (4,1 bzw. 14,0 für die erste Laktation). Dafür wurde der Mittelwert aus den Differenzen (Betrag!) zwischen den zu vergleichenden Heritabilitäten über alle Betriebe verwendet.

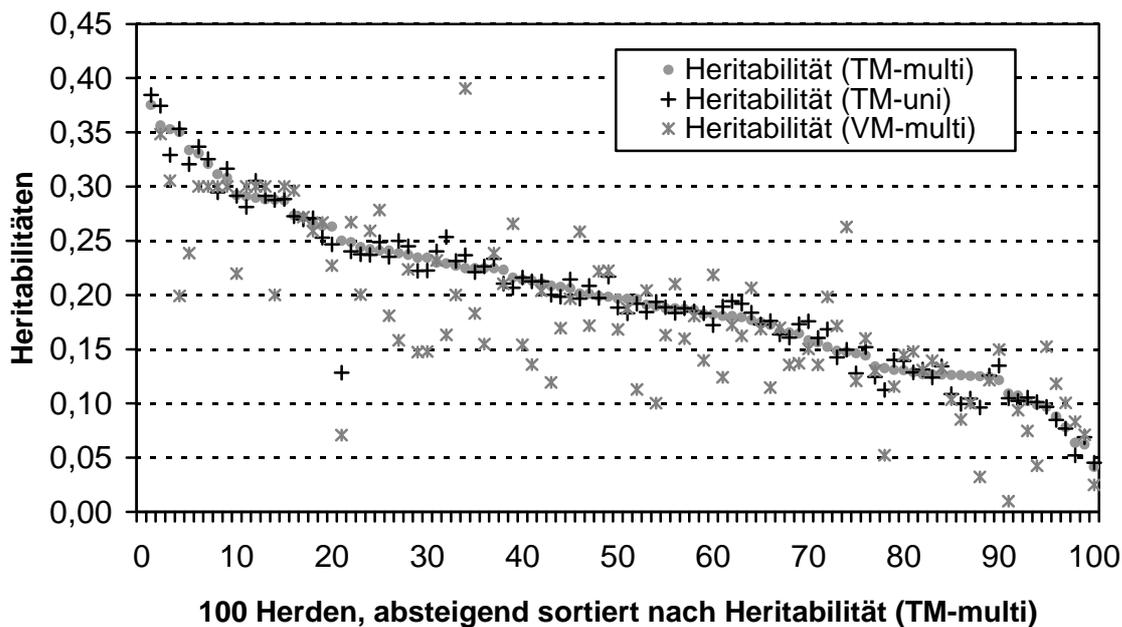


Abbildung 18: Multivariates Tiermodell im Vergleich zu univariatem Tiermodell und multivariatem Vatermodell

Verzicht auf den Jahr-Saison-Effekt

Der fixe Jahr-Saison-Effekt wird auch im Modell bei der VIT-Zuchtwertschätzung (VIT, 2004) berücksichtigt. Bei der Anwendung der Prozedur SAS Proc MIXED auf das Modell M1 (siehe MIXED1, Abschnitt 4.2.2) an den hier untersuchten Datensätzen musste auf eine Einbeziehung der Verwandtschaft verzichtet werden. Außerdem wurde kein permanenter Umwelteffekt der Kuh verwendet und nur die erste Laktation einbezogen. Es konnte ein signifikanter Einfluss des Jahr-Saison-Effektes auf das Merkmal nachgewiesen werden. Bei einer Gegenüberstellung von AIC-Werten in Kapitel 4.2 hatte das volle Modell MIXED1 einen Vorteil gegenüber dem Modell MIXED2, das an Modell M10 (ohne Jahr-Saison-Effekt) angelehnt worden war.

Die aus der Varianzkomponentenschätzung mit VCE5.1 resultierenden Heritabilitäten für Modell M10 sind im Durchschnitt um 0,06 höher als diejenigen für Modell M1 je nach Laktation. Es gibt sogar einzelne Abweichungen von bis zu 0,37 in der zweiten Laktation. Die Hauptursache für die im Durchschnitt um 33,9 % gestiegenen Heritabilitäten ist ein mittlerer Zuwachs der additiv-genetischen Varianz um 44,3%. Die Korrelationen zum Ausgangsmodell betragen für die erste, zweite und dritte Laktation $r = 0,83^{***}$, $r = 0,69^{***}$ und $r = 0,71^{***}$. Die mittlere Rangverschiebung von 12,4 (erste Laktation) ist vergleichsweise hoch und bestätigt das Ergebnis der Korrelationsanalyse.

Zusätzlicher Melkfrequenz-Effekt

Da eine Reihe von Betrieben im Laufe der Zeit vom zweimal täglichen Melken (2x) auf dreimaliges Melken (3x) umgestellt haben oder zumindest einen Teil der Kühe dreimal melken, wurde ähnlich dem VIT-Modell (VIT, 2004) ein fixer Testtags-Melkfrequenzeffekt statt des Testtageffektes (M11) verwendet. Die Modelle M1 und M11 wurden für eine Überprüfung der AIC-Werte mit SAS Proc MIXED um Verwandtschaft und permanenten Umwelteffekt gekürzt und nur für die erste Laktation ausgewertet. (Modell MIXED1 und MIXED3). Das Ersetzen des Testtageffektes durch den Testtags-Melkfrequenzeffekt zog eine Verbesserung des AIC-Wertes nach sich, wie bereits in Kapitel 4.2 ersichtlich wurde.

Die Korrelation zwischen den Heritabilitäten aus neuem (M11) und altem Modell (M1) beträgt für alle drei Laktationen $r = 1,00^{***}$, es gibt also nur vereinzelte Abweichungen (mittlere Rangverschiebung: 1,3). Betrieb Nr. 47, der die höchste Differenz zum alten Schätzwert aufweist (0,03), liegt mit 16 % 3x-Melkern nahe am Durchschnittswert (16,7 %). Auf der anderen Seite sind bei Betrieben mit relativ ausgeglichenen Melkfrequenzanteilen, einem hohen 3x-Anteil von bis zu 65,6 % oder sogar Melkrobotereinsatz (ein Betrieb mit 9,1 %) kaum Differenzen zu verzeichnen. Unter den 99 Betrieben, die im Betrachtungszeitraum zweimal täglich und den 62 Betrieben, die zu irgendeinem Zeitpunkt dreimal gemolken haben, sind aber nur 45 mit beiden Melkfrequenzen am selben Testtag. Ausschließlich diese 45 Betriebe weisen minimale Abweichungen bei den Heritabilitäten auf, die meistens im dritten Nachkommabereich liegen und keine Beziehungen zur Anzahl der verschiedenen Testtags-Melkfrequenz-Stufen (37 bis 296) aufweisen. Die Gesamtanteile der 2x- und 3x-Testtagmelke in den Betrieben weisen keine Beziehungen zu den Heritabilitäten auf, dafür ist die Charakterisierung der Melkfrequenz zu grob. Es ist aber ein positiver Zusammenhang zwischen durchschnittlichen Testtagsleistungen sowie Laktationsleistungen und dem Anteil 3x-Melker in den Betrieben nachweisbar ($r = 0,71^{***}$ und $r = 0,70^{***}$ für die erste Laktation).

5.1.6.2. Änderungen an den Daten

Verzicht auf Ausschluss von Betriebswechslern

Durch die Eliminierung von Betriebswechslern (BW) während der Laktation, die im Zuge der Datenaufbereitung stattfand, kam es zu Datenverlusten von bis zu 36,3 % der Kühe eines Betriebes. Um die Auswirkung dieser Maßnahme auf die Schätzwerte zu untersuchen, wurden alle im entsprechenden Betrieb erbrachten Testtagsleistungen - auch die von hinzugekommenen Kühen - in die Auswertung eingeschlossen. Bei den fünf Betrieben mit den höchsten BW-Anteilen herrschten die größten Heritabilitätsdifferenzen, die zwischen 0,03 und 0,08 lagen und sowohl durch ein Absinken als auch eine Erhöhung zustande kamen. Bei 83 % der Betriebe war die h^2 -Differenz kleiner als 0,01 und somit korrelierten zum einen die beiden Heritabilitäten sehr stark ($r = 0,98^{***}$). Zum anderen kam es nur zu einer mittleren Rangverschiebung in Höhe von 3,0.

Heritabilität ohne unbekannte Väter

Da es unter den 100 Betrieben prozentuale Anteile unbekannter väterlicher Abstammung von bis zu 45,0 % ($\bar{x} = 8,7\%$) gibt, die zudem negativ ($r = -0,34^{**}$) mit der Heritabilität korreliert sind, wurde die Varianzkomponentenschätzung ohne die Kühe mit fehlender Abstammungsinformation wiederholt.

Trotz des teilweise enormen Datenverlustes wurden keine größeren Konvergenzprobleme und kaum höhere Standardfehler (siehe Tabelle 26) beobachtet. Die durchschnittlichen Heritabilitäten bei der wiederholten Schätzung weisen einen sehr hohen Zusammenhang zu den Heritabilitäten in der Ausgangssituation auf ($r = 0,97^{***}$), die mittlere Rangverschiebung beträgt 4,7.

Tabelle 26: Mittelwerte für die Anzahl der Leistungstiere (LT) und Pedigreetiere (PT) und Heritabilitäten mit Standardfehlern für die 1.-3. Laktation mit und ohne Kühe mit unbekannter väterlicher Abstammung

	Anz. LT	Anz. PT	h^2_1	h^2_2	h^2_3	s.e. h^2_1	s.e. h^2_2	s.e. h^2_3
mit	3392	12072	0,199	0,172	0,158	0,021	0,022	0,026
ohne	3129	11823	0,203	0,174	0,162	0,022	0,023	0,029

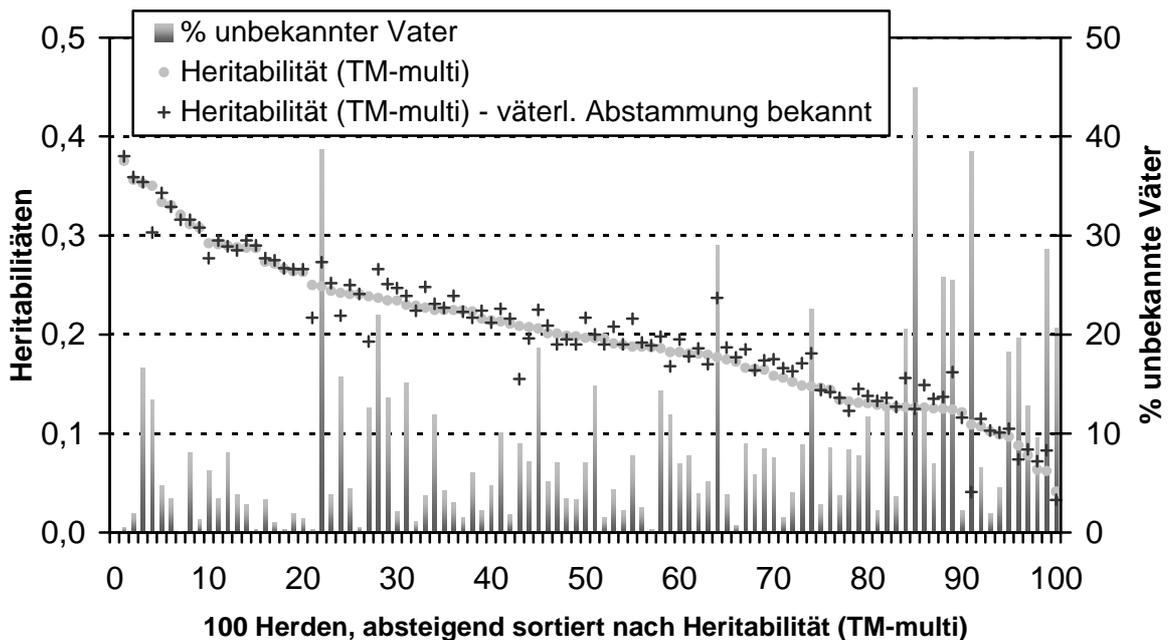


Abbildung 19: Gegenüberstellung der Schätzwerte aus der h^2 -Schätzung mit und ohne Kühe mit fehlender väterlicher Abstammungsinformation und die prozentualen Anteile unbekannter Väter pro Betrieb

Die Werte sind leicht erhöht, genauer gesagt haben sich die Heritabilitäten bei 68 von 100 Betrieben verbessert. In Einzelfällen gibt es sogar deutliche Differenzen, wie in Abbildung 19 ersichtlich wird. Zum Beispiel gibt es einen Verlust von -0,068 bei einem Betrieb mit 38,5 % unbekannter Abstammung, in einem anderen Fall einen Zuwachs von 0,060, wenn die 29,1 % Kühe ohne bekannten Vater außer Acht gelassen wurden. Dagegen verliert der Betrieb mit 45 % fehlender väterlicher Abstammung gerade mal 0,001. Dass ein Betrieb (Nr. 21!) mit nur 0,7 % fehlender Abstammungsinformation einen Verlust von 0,033 verbuchen muss, ist aber die Ausnahme.

Heritabilität ohne Ausreißer

Dass sich das Löschen von Ausreißern durchaus auf die Schätzwerte auswirkt, kann anhand verschiedener Methoden zur Einschränkung der Daten in Tabelle 27 nachvollzogen werden. Dazu wurde der Betrieb Nr. 93 mit einer „Ausgangs“-Heritabilität (Modell M2) von $h^2 = 0,105$ herangezogen. Es wurden unter anderem Residuen und standardisierte Residuen verwendet, die mit der Prozedur SAS MIXED (Modell MIXED1) geschätzt worden waren. Beispielsweise durch ein Abtragen der Residuen gegen die Melktage (siehe Abbildung 20) konnten sinnvolle Grenzen, großzügig oder relativ streng, definiert werden.

Tabelle 27: Veränderung des Datenumfangs (Anzahl Testtage und Kühe) sowie des Heritabilitätsschätzwertes bei unterschiedlichen Vorgehensweisen zur Eliminierung von Ausreißern am Beispiel des Betriebes 93

Variante	n TT (Kühe)	σ_a^2	σ_{pe}^2	σ_e^2	h^2 (s.e.)
1	17873 (2011)	2,6	13,7	8,7	0,105 (0,024)
2	17729 (2010)	2,5	14,5	6,8	0,107 (0,026)
3	17605 (2010)	2,5	14,7	6,1	0,107 (0,025)
4	17855 (2011)	2,7	13,7	8,2	0,110 (0,025)
5	17613 (2011)	2,6	14,8	6,3	0,109 (0,026)
6	15350 (1943)	1,9	5,8	5,9	0,140 (0,025)
7	17047 (1975)	2,1	8,4	7,0	0,118 (0,024)
8	17320 (1946)	2,9	13,7	8,8	0,115 (0,026)

- Einschränkung:
- 1: keine
 - 2: $-10 \leq \text{Residuum} \leq 10$
 - 3: $-8,3 \leq \text{Residuum} \leq 8,3$
 - 4: $-18 \leq \text{standardisiertes Residuum} \leq 17$
 - 5: $-8,5 \leq \text{standardisiertes Residuum} \leq 8,6$
 - 6: $0,6 \cdot \text{Vorhersagewert} \leq \text{TT-Leistung} \leq 1,5 \cdot \text{Vorhersagewert}$
 - 7: untere Grenze $\leq \text{TT-Leistung} \leq$ obere Grenze des 95%-KI
 - 8: DIM-Grenzen

Bei der anschließenden Varianzkomponentenschätzung (VCE5.1) mit den bereinigten Daten wurden nur geringfügige Erhöhungen der Heritabilität, verursacht durch geringere Restvarianzen, erzielt. Die von WIGGANS et al. (2003) definierten Grenzen für abnormale Testtagsleistungen, wenn sie außerhalb des Bereiches von < 60 und > 150 % des vorhergesagten Wertes liegen, führten bei diesem Betrieb aufgrund der enormen Reduzierung der permanenten umweltbedingten Varianz zu einer Erhöhung der Heritabilität. Der Datenverlust lag allerdings auch bei 14,1 % der Testtagsleistungen. DIM-Grenzen, die auch zur Berechnung der 305-Tageleistung Verwendung gefunden hatten, ergaben eine minimale Steigerung der additiv-genetischen Varianz. 95%-Konfidenzintervalle hatten bei diesem Betrieb, der nur Melkfrequenzen von „zweimal täglich“ aufweist, nur leichte Auswirkungen auf die Schätzwerte und einen Datenverlust von 4,6 % zur Folge.

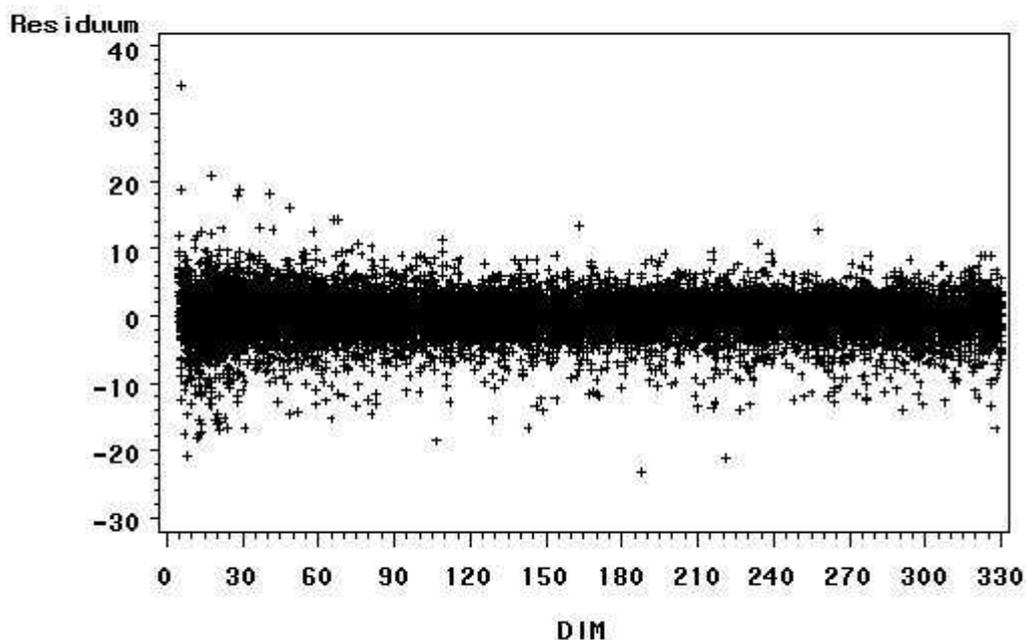


Abbildung 20: Verteilung der Resteffekte (Residuen) an den einzelnen Melktagen (DIM) bei der Schätzung des Vorhersagewertes für die Milch-Kilogramm-Testtagsleistung des Betriebes 93

Eine der hier vorgestellten Eliminierungsmethoden für Ausreißer kam zum Einsatz, um Auswirkungen auf alle 100 Schätzwerte zu untersuchen. Nur Testtagsleistungen in den 100 Datensätzen, die sich innerhalb des 95%-Konfidenzintervalls befanden, gingen in die Schätzung ein. Der Datenverlust war mit durchschnittlich 4,8 % relativ hoch. Wenn für jede Melkfrequenz an dem entsprechenden Testtag (zweimal, dreimal und Roboter) extra Ausreißer entfernt wurden, waren es 5,0 %.

Bei Anwendung des univariaten Modells mit Testtags-Melkfrequenzeffekt (Modell M12) waren die Schätzwerte nach der Ausreißerkorrektur ($\bar{x} = 0,206$) im Mittel 0,006 höher als vorher ($\bar{x} = 0,199$). Der Zuwachs betrug demnach 5,2 % und ging mit einer mittleren Abnahme der permanenten Umweltvarianz von 35,8 % einher. Die Restvarianz nahm durchschnittlich 19,3 % ab und auch bei der additiv-genetischen Varianz waren Einbußen von 25,2 % zu verzeichnen. Insgesamt fand bei 60 Betrieben eine Erhöhung statt (siehe Abbildung 21). Die Korrelation betrug $r = 0,95^{***}$ und die mittlere Rangverschiebung lag bei 7,2 Plätzen.

Die zusätzliche Spezifizierung des Testtageffektes für verschiedene Melkfrequenzen brachte im Übrigen keine Abweichungen gegenüber der Ausreißereditierung mit dem Ausgangsmodell (univariates Modell M2) hervor.

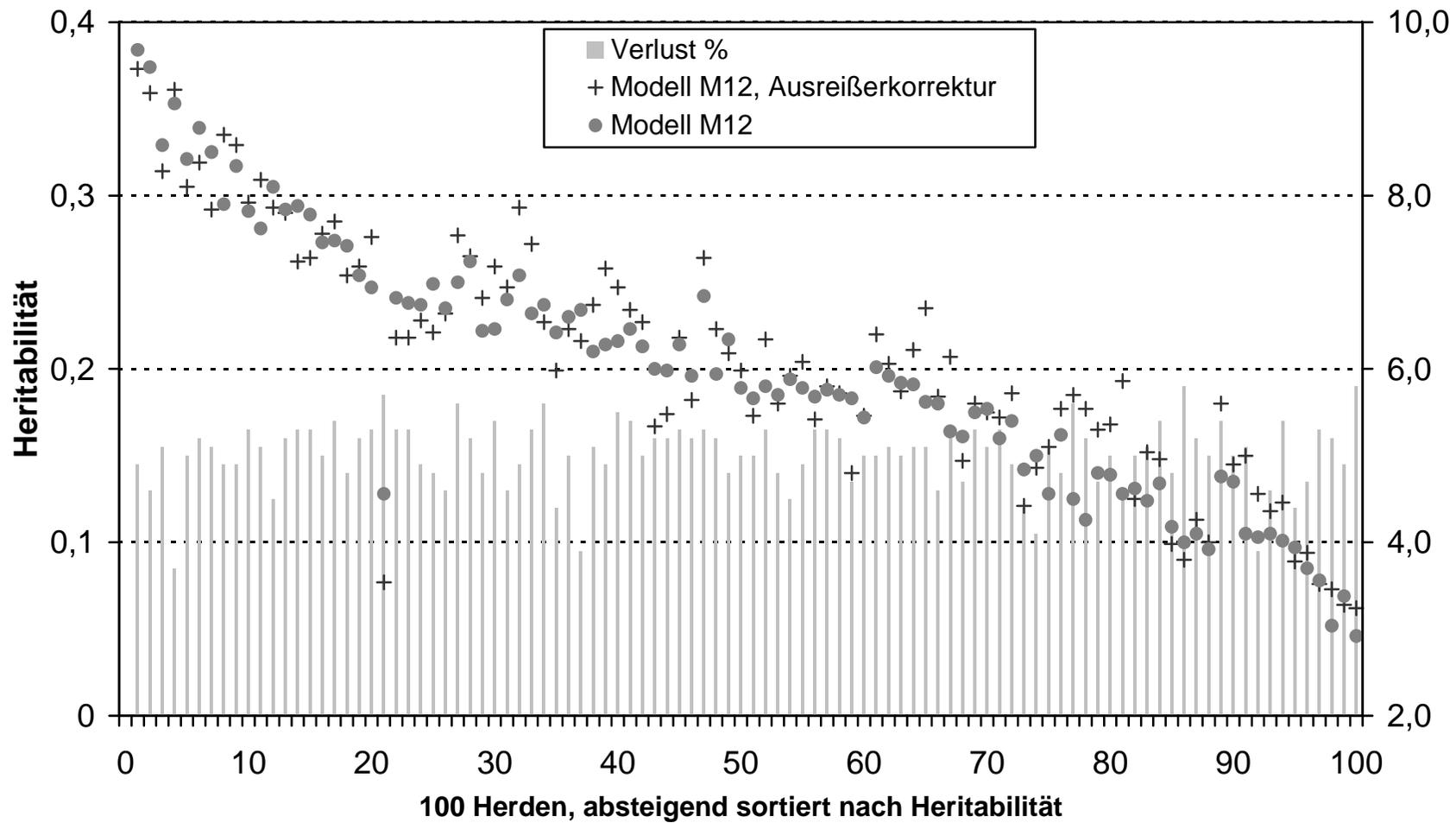


Abbildung 21: Datenverlust bei Verwendung des 95%-Konfidenzintervalls zur Eliminierung von Ausreißern und damit einhergehende Veränderung der Heritabilitätsschätzwerte (Sortierung nach Heritabilität für Testtagsleistungen der ersten Laktation im multivariaten Modell)

Nur junge Kalbejahrgänge

Hier wurden nur Kühe, die ihre Laktation im Jahr 2000 und später begannen, in die Auswertung einbezogen. Damit war eine Reduzierung der Daten auf 31,7 % verbunden, gleichzeitig erhöhte sich die mittlere Testtagsleistung von 21,7 auf 25,9 kg. Die Heritabilitäten der ersten Laktation (multivariates Modell M1) sind im Durchschnitt 0,017 höher als im Ausgangsdatensatz und streuen auch mehr. So liegt das Maximum nicht mehr bei $h^2_1 = 0,375$, sondern bei $h^2_1 = 0,458$. Das Minimum ist von $h^2_1 = 0,041$ auf $h^2_1 = 0,006$ gesunken. Dabei handelt es sich um Betrieb 48, den „Partnerbetrieb“ von Betrieb 21 (zwei Abrechnungseinheiten desselben Betriebes). Ab 2000 sind die Kuhzahlen dort stetig gesunken, was sich auch in hohen Standardfehlern (s.e. $h^2_1 = 0,034$, s.e. $h^2_2 = 0,203$ und s.e. $h^2_3 = 0,100$ für die drei Laktationen) und einer auffälligen Heritabilität für die dritte Laktation ($h^2_3 = 0,682$) niederschlägt. Die Korrelation zwischen den Heritabilitäten für alle und junge Kühe beträgt nur $r = 0,678^{***}$.

Die Heritabilitäten, die im Mittel um 9,4 % gesteigert wurden, gehen auf Erhöhungen der additiv-genetischen Varianz um durchschnittlich 42,1 % bei gleichzeitigem Anstieg der Rest-, permanenten Umwelt- und Gesamtvarianz um 19,7, 29,8 und 28,9 % zurück.

5.2. Stratifikation nach Herdengröße und -leistung

5.2.1. Heritabilität

Für die Erstellung der Rasterkombination wurden zum einen Herdengrößenklassen benötigt. Dazu wurden sieben Intervalle im Abstand von jeweils fünf Tieren für die Anzahl Erstlaktierender des Kalbejahres 2001 pro Herde definiert. Das zweite Einteilungskriterium war die Milchleistung am dritten Testtag, für das fünf Klassen im Abstand von zwei Kilogramm gebildet worden waren.

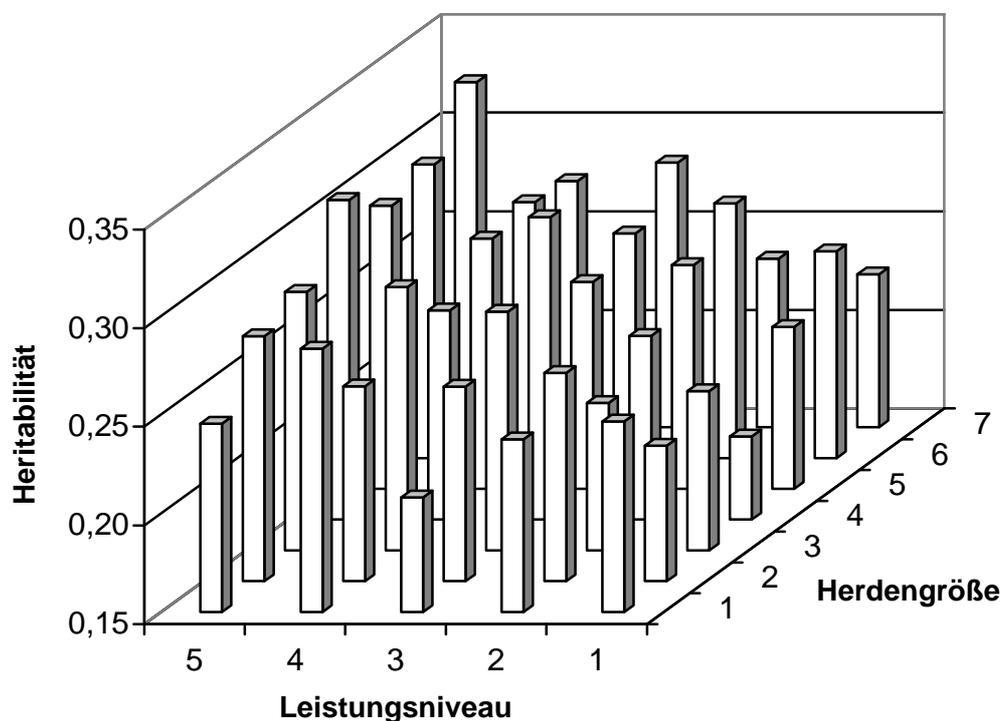


Abbildung 22: Heritabilitäten im Merkmal Milch-kg für Zuchtverband WEST1 in Abhängigkeit von Herdengröße und Leistungsniveau

Die Heritabilitäten für das Merkmal Milchmenge in der ersten Laktation lagen in den 35 (30) Subzellen des Zuchtverbandes WEST1 (WEST2) zwischen $h^2_1 = 0,192$ und $h^2_1 = 0,325$ ($h^2_1 = 0,193$ und $h^2_1 = 0,354$) und im Durchschnitt bei $h^2_1 = 0,260 \pm 0,030$ ($h^2_1 = 0,270 \pm 0,040$). Die Standardfehler wurden nur für 18 (23) Schätzläufe ausgegeben und reichten von $s.e. h^2_1 = 0,007$ bis $s.e. h^2_1 = 0,016$ ($s.e. h^2_1 = 0,009$ bis $s.e. h^2_1 = 0,024$).

Tabelle 28: Spearman-Korrelationen zwischen genetischen Parametern und Klassen der Rasterkombination

	Herdengrößenklasse (n=7)		Herdenleistungsklasse (n=5)	
	WEST1	WEST2	WEST1	WEST2
h^2	0,32 ¹	0,12 ¹	0,71***	0,81***
σ_a^2	0,54***	0,22 ¹	0,76***	0,92***

$p < 0,05 = *$, $p < 0,01 = **$, $p < 0,001 = ***$

¹ nicht signifikant

Die dreidimensionalen Verteilungen der Schätzwerte nach Herdengrößen- und Herdenleistungsklassen zeigen Abbildung 22 und Abbildung 23. Bei beiden Zuchtverbandsgebieten kann der generelle Trend abgeleitet werden, dass mit steigender Herdengröße und steigendem Leistungsniveau innerhalb der Betriebe ein Anstieg der Heritabilitäten einhergeht. Dies kann auch mit zum Teil deutlich positiven Korrelationen (Spearman) zwischen genetischen Parametern und Herdengrößenklasse bzw. Herdenleistungsklasse (Tabelle 28) belegt werden. Allerdings zeigt sich bei Zuchtverband WEST2 kaum ein Zusammenhang bei der Herdengröße, sodass diesem Verband nicht generell vom Testeinsatz in kleineren Betrieben abzuraten ist. Die Korrelation (Pearson) für die Gesamtzahl der Kühe zeigt einen eindeutigen Zusammenhang zur additiv-genetischen Varianz ($r = 0,59***$) und Heritabilität ($r = 0,51**$) im Verband WEST1, und wird zumindest bei der additiv-genetischen Varianz ($r = 0,46*$) signifikant für WEST2.

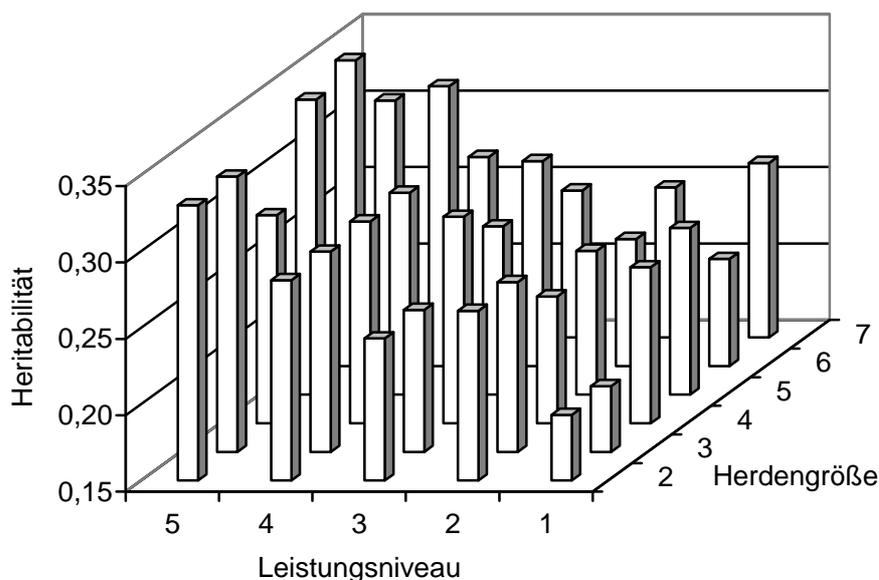


Abbildung 23: Heritabilitäten im Merkmal Milch-kg für Zuchtverband WEST2 in Abhängigkeit von Herdengröße und Leistungsniveau

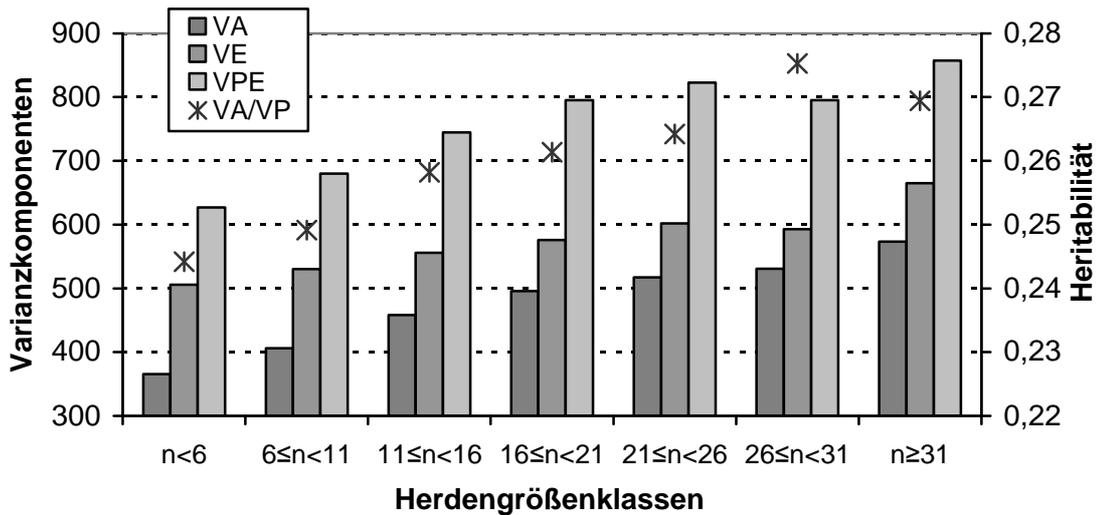


Abbildung 24: Heritabilität und Varianzkomponenten für Verband WEST1 innerhalb der Herdengrößenklassen (über Herdenleistungsklassen gemittelt)

Der letztgenannte Aspekt soll bei einer zweidimensionalen Betrachtung der Schätzwerte (Abbildung 24 und Abbildung 25) aufgegriffen werden. Dazu wurde innerhalb jeder Herdengrößenklasse ein Mittelwert aus den fünf Heritabilitäten und Varianzkomponenten für unterschiedliche Leistungsklassen gebildet. Sowohl im Verband WEST1 als auch im Verband WEST2 ist ein ansteigender Trend der Heritabilitäten bis auf die letzte Größenklasse zu verzeichnen. Bei Verband WEST1 ist dieses Absinken zum Schluss auf den erhöhten Wert davor zurückzuführen, der von einer Abweichung der permanenten Umwelt- und Restvarianz nach unten herrührt. Die auffällig niedrige Heritabilität bei Verband WEST2 in der höchsten Größenklasse hängt mit einem abrupten Absinken der additiv-genetischen und dem deutlichen Anstieg der Restvarianz zusammen.

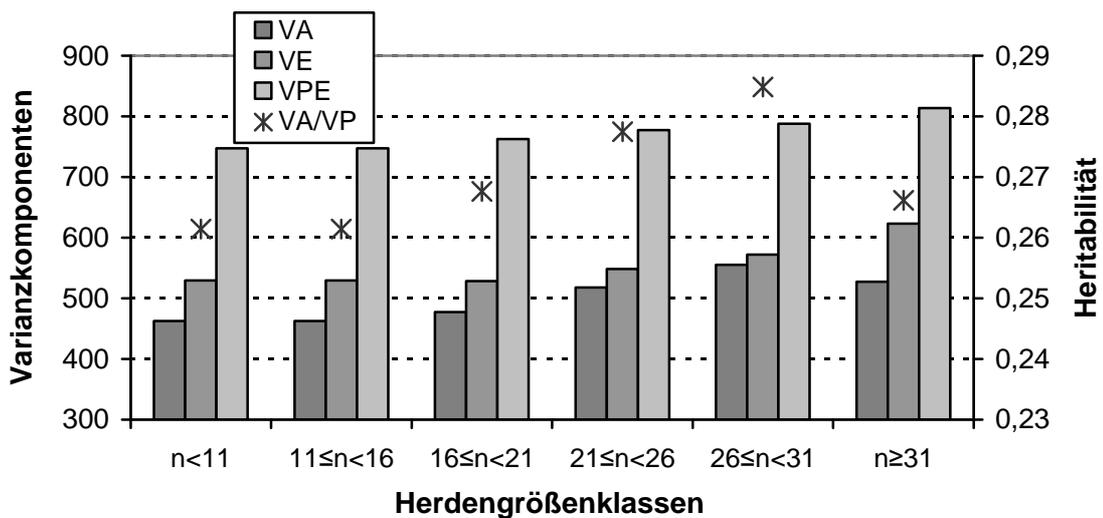


Abbildung 25: Heritabilität und Varianzkomponenten für Verband WEST2 innerhalb der Herdengrößenklassen (über Herdenleistungsklassen gemittelt)

5.2.2. Zusammenhänge zwischen Varianzkomponenten und ausgewählten Betriebsfaktoren

Einige Faktoren, die auch im Zusammenhang mit den Schätzwerten der 100 Großbetriebe untersucht worden waren, sollen auch unter „West“-Verhältnissen beleuchtet werden. Die ausgewählten Betriebscharakteristika waren die Standardabweichungen der Kuhzuchtwerte, das mittlere Erstkalbealter und der prozentuale Anteil unbekannter Väter. Diese wurden mit den Heritabilitätsschätzwerten und additiv-genetischen Varianzen korreliert (siehe Tabelle 29), um Ursachen unterschiedlicher genetischer Parameter in verschiedenen Herden identifizieren zu können.

Tabelle 29: Korrelationen zwischen genetischen Parametern und der Streuung der Kuh-Zuchtwerte, dem mittleren Erstkalbealter sowie dem prozentualen Anteil unbekannter Väter (erste Laktation)

	Std. der Kuh-ZW		EKA		% unbek. Väter	
	WEST1	WEST2	WEST1	WEST2	WEST1	WEST2
h^2	0,68***	0,80***	-0,70***	-0,66***	-0,68***	-0,64***
σ_a^2	0,87***	0,91***	-0,87***	-0,77***	-0,68***	-0,74***

$p < 0,05 = *$, $p < 0,01 = **$, $p < 0,001 = ***$

In den Betrieben, die sich durch hohe Kuhzahlen, hohes Leistungsniveau und hohe Heritabilität auszeichnen, ist eine bessere genetische Differenzierung der Kühe möglich. Dies kann auch anhand von Abbildung 26 und Abbildung 27 mit den Standardabweichungen der Kuh-Zuchtwerte des Kalbejahrgangs 2002 bei beiden Zuchtverbänden gezeigt werden. Dort deutet sich des Weiteren an, dass der Verband WEST2 die höheren Zuchtwert-Streuungen im Vergleich zu WEST1 hat (im Mittel 537,7 vs. 498,5).

Die Subzellen des Zuchtverbandes WEST1 unterscheiden sich um bis zu 2,8 Monate im mittleren Erstkalbealter ($30,7 \pm 0,6$), bei Zuchtverband WEST2 ist eine Differenz in Höhe von 2,5 Monaten ($29,7 \pm 0,7$) zu verzeichnen. Die Analyse des Anteils unbekannter Väter ergab Werte von 2,5 bis 14,5 % ($7,1 \% \pm 3,2 \%$) für die Subzellen des Verbandes WEST1 und 9,8 bis 42,6 % ($22,3 \% \pm 9,2 \%$) bei WEST2. Höhere Heritabilitäten und additiv-genetische Varianzen mit sinkendem Erstkalbealter und steigendem Anteil bekannter Väter lassen darauf schließen, dass in diesen Betrieben mit niedrigem Erstkalbealter und vollständigen Pedigrees bzw. vermutlich geringem Deckbulleneinsatz ein gehobenes Management praktiziert wird.

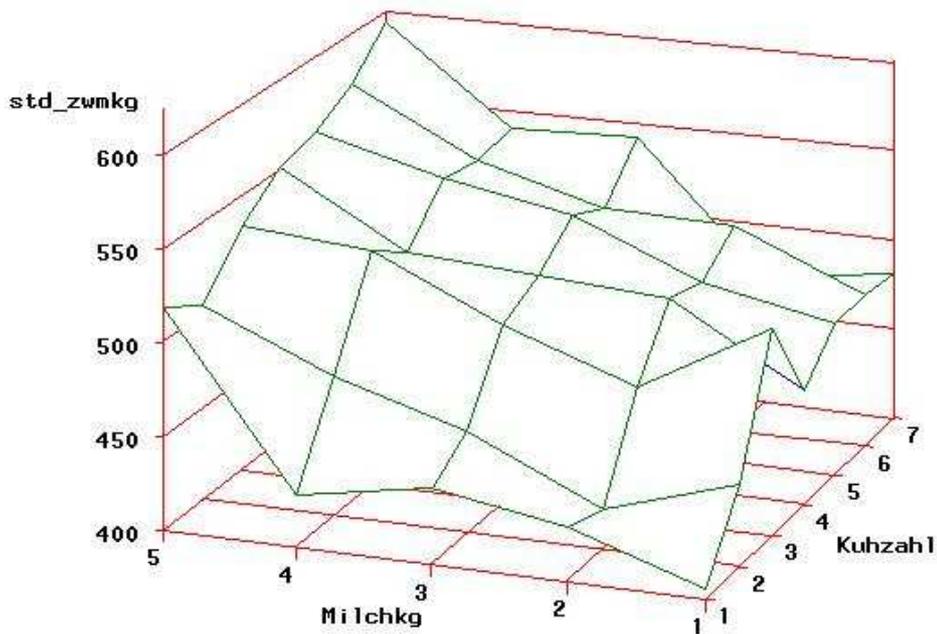


Abbildung 26: Streuung der Zuchtwerte (2002) im Merkmal Milch-kg für verschiedene Rasterkombinationen aus Leistungsniveau*Herdengröße in Zuchtverband WEST1

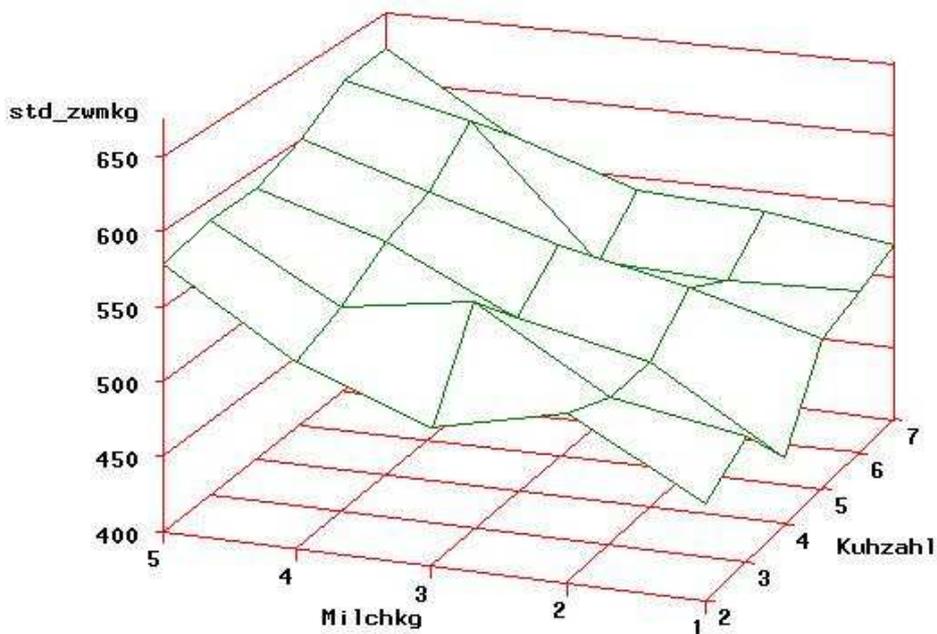


Abbildung 27: Streuung der Zuchtwerte (2002) im Merkmal Milch-kg für verschiedene Rasterkombinationen aus Leistungsniveau*Herdengröße in Zuchtverband WEST2

6. Diskussion

6.1. Großbetriebe

6.1.1. Heritabilität

Die Abschnitte 6.1.1 bis 6.1.3 sollen dazu dienen, mit Hilfe anderer Studien die Plausibilität der eigenen Schätzwerte, die in den 100 Betrieben erheblich voneinander abweichen, aufzuzeigen. Obwohl die Varianzen, Heritabilitäten und Korrelationen zum Teil mit anderen Methoden und Modellen sowie über mehrere Herden hinweg geschätzt worden sind, kann zumindest eine Übereinstimmung in der Tendenz gefunden werden.

6.1.1.1. Verschiedene Herden und Regionen

Die 100 größten Betriebe in den beiden ostdeutschen Verbandsgebieten wurden in dieser Untersuchung betrachtet. Mit dieser Zahl kann eine repräsentative Aussage über Varianzverhältnisse in Großbetrieben getroffen werden. Darüber hinaus weisen jene Betriebe ausreichend Datensätze für die Varianzkomponentenschätzung auf Betriebs-ebene mit einem Testtagsmodell auf. In einem ersten Schritt wurde für jeden Betrieb eine Varianzkomponentenschätzung mit dem gleichen multivariaten Testtagsmodell (M1) für die Milchleistungen der Laktationen eins bis drei durchgeführt. Die ermittelten Heritabilitäten für die erste Laktation reichen von $h^2_1 = 0,04$ bis $h^2_1 = 0,38$ ($\emptyset = 0,20$) mit dazugehörigen Standardfehlern zwischen $s.e. h^2_1 = 0,01$ und $s.e. h^2_1 = 0,08$. Im Einmerkmalsfall (Modell M2) schwanken die Werte zwischen $h^2_1 = 0,05$ und $h^2_1 = 0,38$.

DECHOW UND NORMAN (2007) schätzten für 45 große Herden in den USA unter anderem mit einem Tiermodell ähnliche Varianzkomponenten. Die Heritabilitäten liegen zwischen $h^2_1 = 0,04$ und $h^2_1 = 0,36$ ($\emptyset = 0,21$) mit Standardfehlern von $s.e. h^2_1 = 0,02$ bis $s.e. h^2_1 = 0,08$. Das dabei angewendete REML-Verfahren sollte lediglich Schätzwerte zur Absicherung der Heritabilitäten liefern, die sie mit Hilfe einer Regression von Töchterleistungen auf Mutterleistungen errechnet hatten. Diese bewegten sich zwischen $h^2_1 = 0,04$ und $h^2_1 = 0,45$ ($\emptyset = 0,32$). Mit der Tochter-Mutter-Methode, auch mit einer Tochter-Vater-Methode, sind Aussagen über signifikante Unterschiede bei Heritabilitäten zwischen Herden möglich. Die höchste Korrelation zwischen Werten aus einem REML-Verfahren und einer Regressionsanalyse beträgt allerdings nur $r = 0,68$.

KÖNIG et al. (2005) schätzten mit einem Testtagsmodell in ostdeutschen Betrieben erhöhte Rest- und permanente Umweltvarianzen bei ähnlichen additiv-genetischen Vari-

anzen für Eiweißleistung im Vergleich zu westdeutschen Betrieben. In größeren Herden wurden erhöhte additiv-genetische Varianzen und Heritabilitäten gefunden. Die kleinste Heritabilität ($h^2_1 = 0,12$, s.e. $h^2_1 = 0,012$) kam in einem ostdeutschen Datensatz mit höchstens 50 Kühen pro Herde vor, die höchste Heritabilität ($h^2_1 = 0,19$, s.e. $h^2_1 = 0,009$) wies ein westdeutscher Datensatz mit Herdengrößen von 15-60 Kühen auf. Bei Verwendung der 305-Tage-Leistung bewegten sich die Werte im Bereich zwischen $h^2_1 = 0,27$ (Verband OST-1, 15-60 Kühe pro Herde) und $h^2_1 = 0,41$ (Verband WEST-1).

Bei BOETTCHER et al. (2003) betrug die Heritabilität für 305-Tage-Milchleistung in konventionellen Herden $h^2_1 = 0,37$, Herden mit Weidehaltung lagen bei $h^2_1 = 0,31$. Dieselben Trends sind bei Regressionskoeffizienten festzustellen, die mittels einer Regression der Leistung in den unterschiedlichen Umwelten auf den Vaterzuchtwert berechnet wurden. Dies sind Hinweise auf eine bessere Entfaltung genetischer Unterschiede zwischen Tieren in konventionell wirtschaftenden Betrieben.

CASTILLO-JUAREZ et al. (2002) ermittelten einen nicht-proportionalen Anstieg der genetischen und Restvarianz für Milch-, Fett- und Eiweißmenge sowie Eiweißgehalt von der niedrigen zur hohen Leistungsklasse, was in einer steigenden Heritabilität resultierte ($h^2_1 = 0,22$ vs. $h^2_1 = 0,30$ für Milchmenge). In den beiden Klassen befanden sich die 25 % besten bzw. schlechtesten Betriebe bezüglich des Herdenmittels und der Herdenstandardabweichung.

Die Varianzkomponentenschätzung mit einem Testtagsmodell ergab bei SWALVE und DIETL (2001) h^2 -Schätzwerte von $h^2_1 = 0,14$ bis $h^2_1 = 0,20$ in 14 Zuchtverbandsgebieten für das Merkmal Eiweißleistung der ersten Laktation. Die Ost-West-Unterschiede in der Restvarianz führten sie auf größere Intra-Herden-Varianzen in den NBL zurück. Im Vergleich dazu schwanken die Heritabilitäten der 100 Betriebe für Eiweißmenge in der vorliegenden Arbeit zwischen $h^2_1 = 0,03$ und $h^2_1 = 0,31$ (Modell M5).

DODENHOFF (1995) untersuchte neben Fett- und Eiweißleistungen für einzelne Laktationsabschnitte auch die Laktationsleistungen für Milchmenge von 36 Subregionen innerhalb Nordwestdeutschlands. Bei der Varianzkomponentenschätzung traten heterogene Varianzverhältnisse zutage, die eine Schwankungsbreite der Heritabilitäten für Milchleistung von $h^2_1 = 0,32$ bis $h^2_1 = 0,49$ bedingen.

VISSCHER et al. (1991) schätzten für 26 große Herden in Großbritannien h^2 -Werte zwischen $h^2_1 = 0,03$ und $h^2_1 = 0,80$ für die Fettleistung der ersten Laktation mit Standardfehlern von s.e. $h^2_1 = 0,11$ bis s.e. $h^2_1 = 0,32$. Die anhand von Laktationsleistungen geschätzten Werte liegen im Durchschnitt mehr als doppelt so hoch wie die in der vorliegenden Untersuchung ermittelten Heritabilitäten für Testtagsleistungen ($h^2_1 = 0,39$ vs. $h^2_1 = 0,15$), welche zwischen $h^2_1 = 0,02$ und $h^2_1 = 0,28$ schwanken (Modell M4).

6.1.1.2. Verschiedene Laktationen

Die Heritabilitäten für die Milchmengen der unterschiedlichen Laktationen (1-3) wurden in der vorliegenden Arbeit mittels Mehrmerkmalsmodell (M1) sowie Einmerkmalsmodell (M2) geschätzt. Sie betragen $h^2_1 = 0,20$, $h^2_2 = 0,17$ und $h^2_3 = 0,16$ bzw. $h^2_1 = 0,20$, $h^2_2 = 0,16$ und $h^2_3 = 0,13$.

Tabelle 30: Mittelwerte (\bar{x}), Minima (Min.) und Maxima (Max.) für die Varianzen der 100 Herden in der eigenen Untersuchung (Brügemann), für junge Jahrgänge (Brügemann_j) und für 3 Großbetriebe von KALM (2003) (Kalm)

		1. Laktation			2. Laktation			3. Laktation		
		\bar{x}	Min.	Max.	\bar{x}	Min.	Max.	\bar{x}	Min.	Max.
σ^2_a	Kalm	7,1	-	-	9,7	-	-	11,4	-	-
	Brügemann	5,6	1,5	11,7	7,2	0,7	16,2	7,5	1,6	16,4
	Brügemann_j	7,6	0,2	22,2	9,2	0,2	21,6	11,1	0,4	56,9
σ^2_{pe}	Kalm	11,9	-	-	15,7	-	-	15,7	-	-
	Brügemann	13,5	6,6	25,7	20,3	8,9	34,9	24,1	10,0	43,7
	Brügemann_j	17,5	7,1	49,8	26,7	11,1	53,7	32,1	0,0	65,9
σ^2_e	Kalm	7,2	-	-	12,4	-	-	14,1	-	-
	Brügemann	9,0	5,1	17,0	14,7	7,8	28,5	16,8	9,3	30,8
	Brügemann_j	10,7	5,0	23,7	18,9	8,6	36,4	22,0	10,2	42,8

KALM (2003) schätzte an den Milchleistungsdaten von drei vertraglich gebundenen Milchviehbetrieben (zusammen) unterschiedliche Heritabilitäten mit einem Testtagsmodell je nach Erfassungsvariante. Bei täglicher Milchmengenmessung wurden ansteigende Schätzwerte mit zunehmender Laktationsnummer ermittelt: $h^2_1 = 0,21$, $h^2_2 = 0,31$ und $h^2_3 = 0,45$ für die Laktationen 1, 2 und 3. Die im vierwöchentlichen Rhythmus gemessenen Milchmengen führten zu ausgeglichenen Heritabilitäten in Höhe von $h^2_1 = 0,27$, $h^2_2 = 0,26$ und $h^2_3 = 0,28$. Da das von KALM (2003) verwendete Modell fast identisch zu dem Modell ist, was dieser Auswertung zugrunde liegt (Herdentestwoche statt Herdentesttag und konstanter Wert $c=380$ statt $c=330$ bei Berechnung der Kovariablen), findet in Tabelle 30 eine Gegenüberstellung von eigenen Varianzkomponenten und denen aus der Arbeit KALMS (2003) statt. Zu beachten ist, dass in dessen Varianzkomponentenschätzung die Daten dreier großer Betriebe - aus dem gleichen Gebiet - zusammen gingen, während hier für 100 große Betriebe einzelne Schätzungen vorgenommen wurden. Da die zum Vergleich herangezogenen Daten (nur Milchleistungsprüfung) aus den Jahren 1998 bis 2002 stammen, die eigene Untersuchung sich aber auf den Zeitraum zwischen 1992 und 2003 bezieht, wurden zusätzlich die Mittelwerte nur für junge Jahrgänge ab 2000 aus dem Kapitel „5.1.6 Rechenvarianten“ herangezogen. Die addi-

tiv-genetischen Varianzen der Betriebe aus der Kalm-Untersuchung sind auf einem höheren Niveau als die durchschnittlichen Varianzen der 100 Herden. Wenn nur Leistungen ab dem Jahr 2000 berücksichtigt werden, liegen die Kalm-Werte gerade auf Durchschnittsniveau. Die durchschnittlichen permanenten Umweltvarianzen und Restvarianzen der vorliegenden Arbeit entfernen sich durch die Einschränkung auf jüngere Kalbejahrgänge noch weiter von den Kalm-Varianzen. In dem großen Schwankungsbereich der 100 Betriebe sind diese immer enthalten.

REENTS (1992) schätzte mit einem Tiermodell h^2 -Werte in Höhe von $h^2_{1_1} = 0,38$, $h^2_{1_2} = 0,42$ und $h^2_{1_3} = 0,36$ (für drei 100-Tagesabschnitte der ersten Laktation) sowie $h^2_2 = 0,35$ und $h^2_3 = 0,32$ (für die zweite und dritte Laktation). Er schlussfolgerte unter Hinzunahme mehrerer Literaturquellen, dass spätere Laktationen hauptsächlich aufgrund höherer Restvarianzen wesentlich geringere Heritabilitäten haben. MAIJALA und HANNA (1974) stellten Literatur aus den Jahren 1955 bis 1971 zusammen und berechneten gewichtete Mittelwerte für die Milchmengen-Heritabilitäten der Laktationen 1, 2 und 3 von $h^2_1 = 0,26$, $h^2_2 = 0,20$ und $h^2_3 = 0,17$.

6.1.1.3. Verschiedene Milchleistungsmerkmale

PÄTSCH (2002) ermittelte anhand von Schätzwerten aus Studien der Jahre 1980 bis 2001 für die Milchleistung (Mkg) eine durchschnittliche Heritabilität von $h^2_{Mkg} = 26,5 \%$. Für Testtagsmodelle ergab sich ein durchschnittlicher Schätzwert von $h^2_{Mkg} = 19 \%$, der tendenziell unter den Werten für 305-Tageleistungen liegt. Für Fettmenge (Fkg) berechnete sie Durchschnittswerte von $h^2_{Fkg} = 26 \%$ (305-Tageleistung) bzw. $h^2_{Fkg} = 18 \%$ (Testtagsleistung), für Eiweißmenge (Ekg) die gleichen. Die Mittelwerte für Fett- und Eiweißgehalt (F% und E%) betragen $h^2 = 46,7$ bzw. $h^2 = 49,2 \%$. MAIJALA und HANNA (1974) berechneten Literatur-Durchschnittswerte für die erste Laktation in Höhe von $h^2_{Mkg} = 0,26$, $h^2_{Fkg} = 0,23$, $h^2_{Ekg} = 0,27$, $h^2_{F\%} = 0,47$ und $h^2_{E\%} = 0,47$. Von der Tendenz her ähneln jene Werte sogar den in dieser Arbeit gefundenen Heritabilitäten: $h^2_{Mkg} = 0,20$, $h^2_{Fkg} = 0,15$, $h^2_{Ekg} = 0,15$, $h^2_{F\%} = 0,36$ und $h^2_{E\%} = 0,42$, obwohl sie anhand von 305-Tageleistungen geschätzt worden waren. Bei DODENHOFF (1995) lagen die durchschnittlichen Schätzwerte von 36 Subregionen in Norddeutschland für Mkg, Fkg und Ekg in der ersten Laktation bei $h^2_{Mkg} = 0,423$, $h^2_{Fkg} = 0,388$ und $h^2_{Ekg} = 0,381$.

6.1.2. Konfidenzintervalle

Der gemeinsame Schätzwert $h^2_1 = 0,205$ für alle Betriebe (Modell M3) befindet sich nur in 13 Fällen im Konfidenzintervall für die Heritabilität des Einzelbetriebes, wenn ein χ^2 -Test angewendet wird. Die Heritabilitäten dieser 13 Betriebe liegen zwischen $h^2_1 = 0,194$ und $h^2_1 = 0,217$. Bei Benutzung eines t-Tests wird bestätigt, dass der Parameter $\mu=0,205$ im 95%-KI mit den Grenzen 0,183 und 0,212 enthalten ist.

MAIJALA und HANNA (1974) berechneten bei einem Mittelwert von $h^2_1 = 0,26$ für Heritabilitäten aus 305-Tageleistungen ein 95%-KI zwischen 0,254 und 0,294.

VISSCHER et al. (1991) nahmen Signifikanztests für Heritabilitäten und Varianzkomponenten in Form von Likelihood-Ratio-Tests (LRT) vor. Als Annahme wird unterstellt, dass $2(L1-L2)$ einer χ^2 -Verteilung folgt, wobei L1 und L2 die Maximum-log-Likelihood-Werte von verschiedenen Parametersätzen sind, und die Parameter von L2 eine Teilmenge von L1 darstellen. Ein einzelner LRT zeigte eine signifikante Differenz zwischen Herden bezüglich genetischer und Umweltvarianz, aber nicht der Heritabilität. Die Voraussetzung eines konstanten h^2 -Schätzwertes führte zu hochsignifikanten Unterschieden in den phänotypischen Varianzen. Ein separater LRT für jeden Herdenschätzwert brachte in jeweils zwei Fällen signifikante Unterschiede bei den Heritabilitäten und genetischen Varianzen hervor, in sechs Fällen unterschied sich die Umweltvarianz signifikant vom gemeinsamen Schätzwert. Unter der Annahme einer gleichen Heritabilität in allen Herden steigt die Zahl der Varianzunterschiede auf 13. Zur Berücksichtigung von heterogenen Varianzen im Tiermodell empfehlen sie eine Vorkorrektur auf phänotypische Varianz innerhalb Herde oder Herdenjahrsaison.

Die Bestimmung der KI (χ^2 -Test) anhand der einzelnen Varianzkomponenten führte in der eigenen Auswertung zu 10 (σ^2_a), 13 (σ^2_e), 15 (σ^2_{pe}) und 15 (σ^2_p) Betrieben, bei denen die Nullhypothese zutrifft.

6.1.3. Genetische, Umwelt- und phänotypische Korrelationen

6.1.3.1. Additiv-genetische Korrelation

Als Mittelwerte für additiv-genetische Korrelationen zwischen Laktationen ergaben sich in dieser Untersuchung $r_{g_{12}} = 0,91$, $r_{g_{13}} = 0,83$ und $r_{g_{23}} = 0,94$, wobei die minimalen Werte bei $r_{g_{12}} = 0,20$, $r_{g_{13}} = 0,40$ und $r_{g_{23}} = 0,46$ lagen und die maximalen Werte für alle drei Kombinationen bei nicht konvergierten Schätzläufen bis zu $r_g = 1,00$ betragen konnten. Von sieben Heritabilitätsklassen weist Klasse 6 die höchsten durchschnittlichen Korrelationen zwischen erster und zweiter Laktation auf ($r_{g_{12}} = 0,94$). Für die

Zuchtwertschätzung durch die zentrale Rechenstelle VIT wurden bei Anwendung eines Fixed-Regression-Mehrlaktations-Testtags-Tiermodells (seit August 1998) neben Heritabilitäten von $h^2_1 = 0,295$, $h^2_2 = 0,242$ und $h^2_3 = 0,228$ für die erste, zweite und dritte Laktation Korrelationen in Höhe von $r_{g_12} = 0,826$, $r_{g_13} = 0,877$ und $r_{g_23} = 0,956$ zwischen erster und zweiter, erster und dritter sowie zweiter und dritter Laktation unterstellt (VIT, 2002). Seit der Einführung eines Random-Regression-Modells im Mai 2003 werden Heritabilitäten und Korrelationen an jedem der 305 Laktationstage verwendet, die auf Laktationsbasis kumuliert $h^2_1 = 0,53$, $h^2_2 = 0,35$ und $h^2_3 = 0,34$ bzw. $r_{g_12} = 0,84$, $r_{g_13} = 0,84$ und $r_{g_23} = 0,97$ ergeben (VIT, 2007). KALM (2003) ermittelte für einen Datensatz, der aus drei Herden bestand, mit einem Testtagsmodell genetische Korrelationen zwischen den Milchmengen der verschiedenen Laktationen von $r_{g_12} = 0,89$, $r_{g_13} = 0,69$ und $r_{g_23} = 0,85$. Bei Daten aus der täglichen Milchmengenmessung resultierten folgende Korrelationen: $r_{g_12} = 0,72$, $r_{g_13} = 0,26$ und $r_{g_23} = 0,82$. SWALVE und DIETL (2001) schätzten genetische Korrelationen zwischen erster und zweiter Laktation in ungefähr gleichen Größenordnungen ($r_{g_12} = 0,89$ bis $r_{g_12} = 0,94$) für verschiedene Zuchtverbandsgebiete in Deutschland. REENTS (1992) fasste anhand einiger Literaturstellen zusammen, dass sich die Korrelation zwischen erster und zweiter Laktation zwischen $r_{g_12} = 0,85$ und $r_{g_12} = 0,90$ bewegt, die zwischen der zweiten und weiteren Laktationen liegt bei $r_{g_2x} = 0,90$ bis $r_{g_2x} = 0,98$.

Die eigenen additiv-genetischen Korrelationen (erste Laktation) zwischen Milchmenge und Fettgehalt, Milchmenge und Eiweißgehalt sowie Fettgehalt und Eiweißgehalt betrugen $r_{g_mf} = -0,62$ ($r_{g_mf} = -0,95$ bis $r_{g_mf} = -0,25$), $r_{g_me} = -0,65$ ($r_{g_me} = -0,89$ bis $r_{g_me} = -0,30$) und $r_{g_fe} = 0,74$ ($r_{g_fe} = 0,38$ bis $r_{g_fe} = 0,87$). MAIJALA und HANNA (1974) berechneten durchschnittliche Literaturwerte von $r_{g_mf} = -0,312$, $r_{g_me} = -0,280$ und $r_{g_fe} = 0,582$. In VON LENGERKEN und FAHR (2003) wurden Literaturangaben zu Schwarzbuntmaterial mit dem Schwerpunkt Niedersachsen zwischen 1967 und 1997 zusammengestellt, wobei sich die genetischen Korrelationen zwischen Milchmenge und Fettgehalt sowie Milchmenge und Eiweißgehalt zwischen $r_{g_mf} = -0,04$ und $r_{g_mf} = -0,57$ bzw. $r_{g_me} = -0,11$ und $r_{g_me} = -0,62$ bewegen. Der Antagonismus zwischen Milchmenge und Inhaltsstoffen entwickelte sich erst mit der Umzüchtung des alten schwarzbunten Rindes zum Holstein-Rind der heutigen Zeit, was mit einer stärkeren Selektion auf Milchleistung einherging. CASTILLO-JUAREZ et al. (2002) schätzten für eine niedrigleistende Umwelt Korrelationen von $r_{g_mf} = -0,50$, $r_{g_me} = -0,44$ und $r_{g_fe} = 0,58$. In Hochleistungsherden fanden sie genetische Korrelationen von $r_{g_mf} = -0,52$, $r_{g_me} = -0,45$ und $r_{g_fe} = 0,63$ und für den kompletten Datensatz lauteten die Werte $r_{g_mf} = -0,50$, $r_{g_me} = -0,43$ und $r_{g_fe} = 0,63$.

6.1.3.2. Korrelation zwischen permanenten Umweltvarianzen

Die permanenten Korrelationen betragen bei KALM (2003) $r_{pe_{12}} = 0,51$, $r_{pe_{13}} = 0,41$ und $r_{pe_{23}} = 0,48$. Für tägliche Milchmengenmessungen lauten die Werte $r_{pe_{12}} = 0,61$, $r_{pe_{13}} = 0,28$ und $r_{pe_{23}} = 0,51$. Das VIT (2002) unterstellte bei der Zuchtwertschätzung mit einem Fixed-Regression-Testtagsmodell Korrelationen von $r_{pe_{12}} = 0,500$, $r_{pe_{13}} = 0,347$ und $r_{pe_{23}} = 0,503$, die mit Gibbs-Sampling Algorithmen an Holstein-Material geschätzt worden waren. Die eigenen Korrelationen betragen durchschnittlich $r_{pe_{12}} = 0,50$, $r_{pe_{13}} = 0,35$ und $r_{pe_{23}} = 0,48$ und schwanken zwischen $r_{pe_{12}} = 0,26$ und $r_{pe_{12}} = 0,65$, $r_{pe_{13}} = 0,12$ und $r_{pe_{13}} = 0,59$ sowie $r_{pe_{23}} = 0,14$ und $r_{pe_{23}} = 0,67$. Im Vergleich dazu bewegen sich die Korrelationen zwischen permanenten Umweltvarianzen von erster und zweiter Laktation bei SWALVE und DIETL (2001) zwischen $r_{pe_{12}} = 0,53$ und $r_{pe_{12}} = 0,58$ in verschiedenen Regionen.

6.1.3.3. Phänotypische Korrelation

Die Wiederholbarkeit zweier aufeinander folgender Leistungen entspricht der phänotypischen Laktation. In der vorliegenden Arbeit wurden folgende Werte gefunden: $r_{p_{12}} = 0,42$, $r_{p_{13}} = 0,33$ und $r_{p_{23}} = 0,40$. Die Heritabilitäten der ersten und zweiten Laktation sind mit der Wiederholbarkeit zwischen diesen Laktationen korreliert ($r = 0,58^{***}$ bzw. $r = 0,62^{***}$). SHORT et al. (1990) ermittelten steigende phänotypische Korrelationen zwischen den Fettleistungen der ersten und zweiten Laktationen in den höheren von drei Klassen für die Standardabweichung der Fettleistung in allen untersuchten Zeiträumen ($r_{p1_{12}} = 0,39$ bis $r_{p1_{12}} = 0,42$, $r_{p2_{12}} = 0,50$ bis $r_{p2_{12}} = 0,52$ und $r_{p3_{12}} = 0,57$ bis $r_{p3_{12}} = 0,60$). Allerdings gingen höhere Standardabweichungen nicht mit einem Anstieg der Heritabilität einher. In der vorliegenden Untersuchung war bei den Betrieben mit zunehmendem Heritabilitätsniveau (sieben Klassen) ein kontinuierlicher Anstieg der Korrelation von $r_{p_{12}} = 0,38$ bis $r_{p_{12}} = 0,50$ zu verzeichnen

Die phänotypischen Korrelationen zwischen Milchmenge und Gehaltsmerkmalen in der ersten Laktation betragen $r_{p_{mf}} = -0,39$, $r_{p_{me}} = -0,37$ und $r_{p_{fe}} = 0,47$. Die durchschnittlichen Werte für 305-Tageleistungen in MAIJALA und HANNA (1974) liegen bei $r_{p_{mf}} = -0,21$, $r_{p_{me}} = -0,26$ und $r_{p_{fe}} = 0,49$. CASTILLO-JUAREZ et al. (2002) ermittelten Wiederholbarkeiten von $r_{p_{mf}} = -0,33$, $r_{p_{me}} = -0,31$ und $r_{p_{fe}} = 0,54$, in niedrigleistenden Herden etwas niedrigere Beziehungen zwischen Milch und Inhaltsstoffen und in hochleistenden Herden etwas höhere.

6.1.4. Zusammenhänge zwischen Varianzkomponenten und bestimmten Betriebscharakteristika

DECHOW UND NORMAN (2007) führten Heritabilitätsunterschiede bei den 45 untersuchten Großbetrieben auf mögliche Unterschiede bei der Leistungserfassung (z.B. fehlerfreies Pedigree), Genotyp-Umwelt-Interaktionen, aber auch auf andere identifizierbare Herdenparameter zurück. Bei einer Regression der „Herden-Heritabilität“ auf diese Einflussfaktoren hatten der Anteil registrierter Kühe, die Herdengröße, Mittelwert und Standardabweichung der Herdenleistung und des SCS, das durchschnittliche Erstkalbealter und die Region einen signifikanten Effekt. Die vorhergesagte Heritabilitätsveränderung betrug bei steigender Herdengröße (Anzahl Erstlaktierender) vom 10%-Perzentil zum 90%-Perzentil -3,9 %, 2,6 %, 0,0 % und -0,5 % für vier Regionen. Bei mittleren Herdengrößen (251-500 Leistungen) konnten sie anhand von Boxplots die größte Spannweite der Werte feststellen, die größten Herden mit >1000 Leistungen im Auswertungszeitraum wiesen die höchsten Varianzen auf. Im Gegensatz zur eigenen Auswertung, in der weder mit Hilfe von Boxplots noch mit einer einfachen Korrelation Beziehungen zwischen Heritabilität und Herdengröße herzustellen waren, traten bei der dort verwendeten Tochter-Mutter-Regression eine Reihe von Ausreißern in den einzelnen Größenklassen auf. Das ist womöglich auf den größeren Schwankungsbereich der Schätzwerte verglichen mit der vorliegenden Arbeit ($h^2_1 = 0,04$ bis $h^2_1 = 0,67$ vs. $h^2_1 = 0,04$ bis $h^2_1 = 0,38$) zurückzuführen. SWALVE et al. (2001) führten Varianzkomponentenschätzungen für die einzelnen Rinderzuchtverbände Deutschlands mit Testtagsleistungen der ersten Laktation für das Merkmal Eiweißmenge durch. Für den Verband mit der höchsten additiv-genetischen Varianz ($\sigma^2_a = 0,004$) wurde eine Stratifikation nach Herdengrößen vorgenommen. Mit zunehmender Herdengröße war ein klarer Anstieg der additiv-genetischen Varianz ($\sigma^2_{a1} = 0,003$, $\sigma^2_{a2} = 0,005$ und $\sigma^2_{a3} = 0,007$) und entsprechend auch der Heritabilität ($h^2_1 = 0,16$, $h^2_2 = 0,22$ und $h^2_3 = 0,26$) zu verzeichnen. ZWALD et al. (2003) fanden große Unterschiede in den Heritabilitäten, wenn Herden entsprechend ihrer Größe in Quintile eingeteilt worden waren. Die höchste Heritabilität für Laktationsmilchleistung ($h^2_1 = 0,56$) wurde für die niedrigsten Herdengrößen geschätzt. Mit steigender Herdengröße sanken die Heritabilitäten bis auf $h^2_1 = 0,26$ in den größten Herden. Zum Teil sind diese Heritabilitätsunterschiede in einer unvollständigen Korrektur auf Varianzheterogenität begründet, die zu einer Überschätzung der genetischen Varianz in extrem kleinen Herden geführt hatte. KÖNIG (2001) beobachtete in großen Herden (>100 Färsen / Herdenkalbejahr) eines ostdeutschen Verbandes einen Anstieg der Restvarianz, verbunden mit einer überproportionalen Zunahme der additiv-genetischen Varianz im Merkmal Eiweißleistung gegenüber der Stufe „> 30 – 100“. Im

Vergleich dazu war die Zunahme der additiv-genetischen Varianz in einem westdeutschen Zuchtverband bei allerdings geringeren Stratifizierungsgrenzen nur marginal.

Wie viele und welche Laktationen die Kuh im Betrieb geleistet hat, wurde in der vorliegenden Arbeit durch die Laktationskombinationen beschrieben. Neben den genannten Gründen, könnte auch die Reduzierung oder Aufstockung der Kuhzahl auffällige, vom Durchschnitt abweichende Laktationsanteile verursachen. In Betrieben, die viele Kühe mit allen drei Laktationen besitzen (Kombination 1-2-3), herrschen niedrigere Rest-, permanente Umwelt- und Gesamtvarianzen vor.

MAIJALA und HANNA (1974) fassten zusammen, dass die meisten Studien einen positiven Trend der Heritabilität mit steigendem Herdenniveau fanden. Die durchschnittlichen Literaturwerte zwischen dem niedrigsten (1) und höchsten (5) Produktionslevel betragen $h^2_1 = 0,193$, $h^2_2 = 0,206$, $h^2_3 = 0,258$, $h^2_4 = 0,276$ und $h^2_5 = 0,355$. DONG und MAO (1990) verglichen die Schätzwerte bei vier Methoden zur Gruppeneinteilung. Im Vergleich zur Stratifizierung nach Herdenmittel, Herdenjahresmittel und Herdenstandardabweichung wurden mit der Herdenjahresstandardabweichung die größten Unterschiede erzielt. Für den Zeitraum zwischen 1976 und 1979 schätzten sie Heritabilitäten in Höhe von $h^2_1 = 0,23$, $h^2_2 = 0,29$ und $h^2_3 = 0,34$ für Laktationsleistungen im Merkmal Milch-kg für ansteigende Produktionslevels (1-3). Zwischen 1980 und 1983 lagen die h^2 -Werte bei $h^2_1 = 0,14$, $h^2_2 = 0,25$ und $h^2_3 = 0,34$, weiterhin wurden für die Kalbejahre 1984 bis 1987 Schätzwerte von $h^2_1 = 0,22$, $h^2_2 = 0,30$ und $h^2_3 = 0,36$ ermittelt. DODENHOFF (1995) führte die Heritabilitätsunterschiede im Merkmal Milchmenge ($h^2_1 = 0,321$ bis $h^2_1 = 0,489$) zwischen 36 Subregionen in Norddeutschland hauptsächlich auf Leistungsunterschiede zurück, was in der Korrelation von $r = 0,54$ ($r = 0,86$) zwischen der mittleren Laktationsleistung und der Heritabilität (additiv-genetischen Varianz) zum Ausdruck kommt. Im vorliegenden Datenmaterial wurden Korrelationen von bis zu $r = 0,30$ ($r = 0,62$) zwischen Durchschnittsleistung am dritten Testtag und Heritabilität (additiv-genetischer Varianz) erzielt. Mit fortschreitendem Laktationsstadium sanken diese Korrelationen. VISSCHER (1991) berechnete eine Korrelation von $r = 0,71$ zwischen mittlerer Fettleistung und geschätzter phänotypischer Varianz für 26 große britische Herden. Die mittlere Testtagsleistung für Milchmenge im hier ausgewählten Material war in Höhe von $r = 0,63$ mit der entsprechenden phänotypischen Varianz korreliert.

Die niedrigsten Fettgehalte im Laktationsverlauf von durchschnittlich 3,97 % werden in dieser Untersuchung zwei Wochen nach dem Milchleistungspeak (25,9 kg am 50. Laktationstag) erreicht. Schutz et al. (1990) ermittelten an den Kalbejahrgängen 1983 und 1984 aus Minnesota den Tiefpunkt für Fettgehalt am 56. Tag in Höhe von 3,56 %. ROCHE et al. (2006) ermittelte einen Milchleistungspeak für Kühe mit nordamerikanischer (neuseeländischer) Abstammung in Höhe von 29,9 kg (26,3 kg) am Laktationstag

51 (48). Die Tiefpunkte für den Fettgehalt lagen bei 3,56 % (3,96 %) am Tag 69 (62). Die Unterschiede zwischen den Herkünften sind auf Abweichungen im Zuchtziel aufgrund verschiedener Bezahlungssysteme zurückzuführen. Beim Vergleich mit den eigenen Ergebnissen anhand von Daten aus großen Herden muss berücksichtigt werden, dass dort nur eine geringe Tierzahl vorlag, die zudem aus Embryonenimporten (beste Genetik) stammte. Eine leichte Überlegenheit von 0,05 % beim Fettgehalt des Verbandes OST1 (44 Betriebe) gegenüber OST2 (53 Betriebe) zeigt sich zum einen im Laktationsverlauf. Zum anderen ergeben sich signifikant von Null verschiedene Rangkorrelationen zwischen Verband und einigen mittleren Testtagsleistungen, die z. B. anhand einer Häufigkeitsverteilung der dritten Testtagsleistung bestätigt werden.

VIERHOUT et al. (1999) untersuchten Charakteristika von Herden, in denen der Testeinsatz junger Bullen stattfand. Weder Daughter Yield Deviations noch Herdengrößen oder mittlere Herdenleistungen erlaubten eine Einschätzung, ob Bullen die Leistungen vererben, die anhand von Pedigreeinformationen vorhergesagt worden waren. Obwohl sie die Leistung nicht als alleiniges Selektionskriterium für Testherden heranziehen würden, weist diese doch eine Beziehung zu wichtigen Managementfaktoren auf, die eine akkurate Identifizierung von Töchtern und einen effizienten Einsatz von Testbullensperma ermöglichen. Differenzen bei den mittleren Leistungen der einzelnen Betriebe in der vorliegenden Arbeit von bis zu 15 kg Milch (Testtagsbasis) und 4500 kg Milch (305-Tage-Leistung) deuten schon auf Unterschiede in den mittleren Kuhzuchtwerten hin (bis zu 883 kg).

Die berechneten Korrelationen sowohl zwischen Milchleistungsniveau und Heritabilität ($r = 0,286^{***}$) als auch zwischen Zuchtwertniveau und Heritabilität ($r = 0,21^*$ für Naturalzuchtwert Milch-kg und $r = 0,34^{***}$ für RZM) sind nicht als kausale Zusammenhänge zu interpretieren. Sie beruhen vielmehr auf der Tatsache, dass Betriebe mit hohen Heritabilitäten ein besseres Management aufweisen. Züchterisch wertvoll ist eine hohe genetische Differenzierung in den Betrieben, die sich in großen Streuungen der Zuchtwerte ausdrückt. Zwischen den Standardabweichungen der Zuchtwerte und den additiv-genetischen Varianzen bzw. Heritabilitäten der Laktationen eins bis drei wurden hochsignifikante Korrelationen von $r = 0,52$ bis $r = 0,57$ bzw. $r = 0,35$ bis $r = 0,39$ gefunden. KÖNIG (2001) stellte mit zunehmender Intraherdenvarianz der Eiweißmenge einen Anstieg der RZM-Werte fest. Anhand der prozentualen Klassenbesetzung aller Kühe zeigte sich, dass keine potenziellen Bullenmütter in den homogenen Herdenkalbejahren zu finden sind. Das Phänomen, dass hohe Anteile potenzieller Bullenmütter aus heterogenen Herden stammen, war nicht an der Einteilung Alte Bundesländer - Neue Bundesländer festzumachen. In den Betrieben, in denen Sonderbehandlung und differenziertes Management diese extremen Leistungen verursachen, rät er zur Überarbeitung der Se-

lektionsstrategie für Bullenmütter. ZWALD et al. (2005) schätzten einen kontinuierlichen Anstieg der Heritabilitäten für die Exterieurbeurteilung, wenn Herden höheren Quartilen für mittlere Gesamtnote, bekannten mütterlichen Großvater und den Anteil klassifizierter Kühe zugeteilt worden waren. Klassifizierer können scheinbar in guten Herden besser beurteilen, vermutlich, weil sie in solchen Herden trainiert haben oder sich dafür mehr Zeit nehmen. Desweiteren werden die Leistungen von Tieren mit unbekannter Abstammung in der Zuchtwertschätzung geringer gewichtet. Auch die Heritabilitäten der Euternote und des Fundaments steigen bei Herden in höheren Klassen für die Gesamtnote. Daran leiten sie ab, dass in Herden mit schlechtem Management bzw. minderwertiger Genetik nur eine unbefriedigende Messgenauigkeit erzielt werden kann, was wiederum die Genauigkeit bei Selektionsentscheidungen verringert. Ein Vergleich von Zuchtwerten an unterschiedlichen Schätzterminen bei DECHOW et al. (2007) gab Aufschluss darüber, dass die Genauigkeit der Zuchtwerte durch unterschiedliche Heritabilitäten der Herden, in denen die Töchter der Bullen stehen, beeinflusst werden könnte. BOLDMAN und FREEMAN (1990) verglichen die Rangplätze von Bullen aus einer Zuchtwertschätzung mit und ohne Korrektur auf heterogene Varianzen. Da nach der Korrektur nur 23 von 26 Bullen erneut unter die Top 5 % gerieten, gingen sie davon aus, dass die Verteilung der Töchter auf unterschiedliche Produktionslevel nicht zufällig vorgenommen worden war. Eine Rangveränderung von durchschnittlich 1,4 Plätzen könnte so interpretiert werden, dass eine Korrektur bei der Zuchtwertschätzung von Bullen kaum erforderlich ist.

Das Erstkalbealter wirkt sich nicht nur auf die Effizienz der Färsenaufzucht aus, sondern kann, wie PIRLO et al. (2000) feststellten, einen positiven Effekt auf Milchleistung und Fettgehalt haben. Der Eiweißgehalt wurde in dieser Untersuchung, die verschiedene Szenarien für Milchpreise und AufzuchtKosten simulierte, negativ beeinflusst. Das gefundene Optimum lag bei 23 bis 24 Monaten. VUKASINOVIC et al. (2001) untersuchten darüber hinaus den Einfluss des Erstkalbealters auf die Länge des produktiven Lebens. Nur bei der Rasse Braunvieh konnte ein Anstieg des Abgangsrisikos mit zunehmendem Erstkalbealter verzeichnet werden. Fleckvieh- und Holsteinkühe weisen lediglich ein erhöhtes Risiko auf, wenn sie sehr früh oder sehr spät abkalben. Die Probleme bei spät kalbenden Kühen stehen im Zusammenhang mit Fortpflanzungsproblemen. Der negative Zusammenhang zwischen Erstkalbealter und additiv-genetischer Varianz ($r = -0,36^{***}$) bei den 100 Großbetrieben lässt auf ein gehobenes Management schließen, wenn hohe Heritabilitäten vorliegen.

Sowohl der Anteil unbekannter Väter (0,1 bis 45,0 %), als auch der Anteil unbekannter Mütter (0,1 bis 39,3 %) ist negativ mit der Heritabilität der ersten Laktation korreliert ($r = -0,34^{***}$ bzw. $r = -0,36^{***}$). HARDER et al. (2005) simulierten den Einfluss fehlender

Vaterinformationen (10-40 %) auf die Zuchtwertschätzung. Die Varianzen der Daughter Yield Deviations nahmen zu und die Varianzen der Väterzuchtwerte und Rangkorrelationen sanken, wenn der Anteil unbekannter Väter stieg. Einen schwerwiegenderen Einfluss auf die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung haben laut SANDERS et al. (2006) aber falsche Vaterinformationen. Wenn niedrigere Heritabilitäten unterstellt wurden, war der negative Effekt fehlender und falscher Vaterinformation gravierender. Ein stichprobenartiger Abstammungstest war im Rahmen dieser Arbeit leider nicht möglich. DECHOW et al. (2007), die mit Hilfe von Tochter-Mutter- und Tochter-Vater-Regressionen Herden-Heritabilitäten schätzten, hatten Zugriff auf DNA-Marker-Ergebnisse. Die Korrelation zwischen Herden-Heritabilität und dem Anteil falsch identifizierter Väter betrug $r = -0,45$. Ein weiteres Ergebnis dieser Untersuchung war, dass Bullen, die in Herden mit niedrigen Heritabilitäten getestet worden waren, mit geringerer Wahrscheinlichkeit in den Wiedereinsatz gelangten, als Bullen mit Töchtern in mittel- bis hochheritablen Herden.

Die Verwandtschaft zwischen den Tieren reichte von 0,37 bis 1,29 % in den 81 untersuchten Herden. Leider konnte die Berechnung des Verwandtschaftskoeffizienten gerade für die größten Herden wegen Kapazitätsproblemen des verwendeten Programms nicht vorgenommen werden. An der Hauptaussage des hier untersuchten Aspekts wird dies jedoch nicht viel ändern: die Korrelationen zu den Heritabilitäten und additiv-genetischen Varianzen in Höhe von $r = 0,29^{**}$ bzw. $r = 0,42^{***}$ deuten lediglich darauf hin, dass sich bessere verwandtschaftliche Verknüpfungen positiv auf die REML-Schätzung auswirken. Eine graphische Darstellung der mittleren Töchterzahlen der wichtigsten drei, vier und fünf Väter (mTA3-5) in der vorliegenden Arbeit ergab, dass die additiv-genetische Varianz mit steigender genetischer Heterogenität der Herde ansteigt. Das spiegelt sich zum Beispiel in den Korrelationen zwischen den drei mittleren Töchteranteilen und der additiv-genetischen Varianz für das Kalbejahr 1999 wider (mTA3: $r = -0,32^{**}$, mTA4: $r = -0,30^{**}$ und mTA5: $r = -0,29^{**}$).

Eine Entwicklung der durchschnittlichen Milch-kg-Testtagsleistung für die erste Laktation innerhalb der ausgewerteten zehn Jahre (1993 bis 2002) von 16,7 auf 25,6 kg in den 100 Betrieben würde einer Steigerung der 305-Tage-Leistung von etwa 5100 auf 7800 kg entsprechen. Dem stehen 305-Tage-Leistungen aller MLP-Kühe Deutschlands von 6115 kg (Schwarzbunt-West) und 4720 kg (Schwarzbunt-Ost) im Jahr 1993 sowie 7165 kg (Schwarzbunt-gesamt) gegenüber. Die Entwicklung aller ostdeutschen Betriebe - auch bezüglich der Fett- und Eiweißleistung - liegt leicht unter dem Niveau der 100 Großbetriebe, die prozentualen Veränderungen bei der Milch-, Fett- und Eiweißleistung ähneln sich aber sehr (+52 %, +38 % und +49 % vs. 54 %, 37 % und 51 %). Auch PÄTSCH (2002) ermittelte in einem vergleichbaren Zeitraum eine Steigerung des durch-

schnittlichen Probegemelks um 51 % (von 17,8 kg im Jahr 1989 auf 27,0 kg im Jahr 1999).

KÖNIG (2001) berechnete anhand von phänotypischer Varianz und Rohvarianz des Merkmals Eiweiß-kg für einzelne Zuchtverbandsgebiete, dass im Osten 55,9 % bzw. 59,0 % und im Westen zwischen 44,2 % und 46,7 % der rohen Varianz nicht durch das Modell erklärt werden. Als Grund nannte er die Heterogenität der Herden in den NBL. Die mittlere Varianz für Eiweiß-kg innerhalb Herdenkalbejahr lag dort um 300 kg^2 höher als in den Gebieten der ABL. Um erhöhte Restvarianzen zu reduzieren, würde er die Managementgruppe zur genaueren Codierung der Herdentesttagsgruppe heranziehen. Bei den 100 Betrieben in der vorliegenden Arbeit verblieben zwischen 34,5 und 94,2 % der Varianz nach der Korrektur um fixe Effekte. Mit steigender Heritabilität sowie mit sinkender Gesamtvarianz konnte eine bessere Anpassung des Modells festgestellt werden. Für die Milchleistungsdaten der 100 Betriebe wurden Variationskoeffizienten zwischen 23,9 und 44,8 % (Testtagsleistung) bzw. zwischen 14,3 und 32,6 % (305-Tage-Leistung) berechnet. Diese Schwankungen belegen, dass es sich bei den heterogenen Varianzen nicht um Skaleneffekte handelt. HILL et al. (1983) fanden sowohl für Datensätze, die anhand ihres Mittelwertes und ihrer Varianz stratifiziert worden waren, als auch bei einer Einteilung nach Variationskoeffizient höhere Heritabilitäten in der jeweils höchsten Klasse. Eine gemeinsame Varianzkomponentenschätzung für fünf der 100 Betriebe mit ähnlichen additiv-genetischen Varianzen führte bei Unterstellung inhomogener Restvarianzen zu leicht erhöhten Varianzen gegenüber den durchschnittlichen Varianzen der Einzelschätzungen. Eine nennenswerte Abweichung der Restvarianzen, die im Gegensatz zu den anderen Varianzkomponenten für jeden Betrieb vorlagen, gab es nur bei dem Betrieb, der die höchste Restvarianz aufwies. Obwohl die im Modell verwendeten Kovariablen $X_2 = (\text{DIM}/c)^2$ und $X_3 = \log_2(c/\text{DIM})$ nur für einen Teil der Betriebe signifikant waren, gab es keinen Anlass, das Modell zu verwerfen.

Die von den Zuchtverbänden eingeholten Informationen zu Gruppeneinteilungen, Anpaarungsverhältnissen und Deckeinsatz führten kaum zu neuen Erkenntnissen. Eine Beziehung zwischen den wiederholt genannten alternierenden Kontrollverfahren und den Schätzwerten konnte nicht hergestellt werden.

6.1.5. Korrelation zwischen Betrieben

ZWALD et al. (2003), die Herden nach unterschiedlichen Charakteristika in Quintile eingeteilt hatten, schätzten zwischen den größten und kleinsten Herden eine genetische Korrelation von $r_g = 0,78$. Daran leiteten sie ab, dass die Herdengröße Rückschlüsse auf die Art des Managements zulässt. Bei anderen möglichen Indikatoren für die Produkti-

onsumwelt wie dem mittleren Erstkalbealter, dem Zuchtwertniveau der eingesetzten Väter und der Standardabweichung der Milchleistung lagen die Werte über $r_g = 0,80$ ($r_g = 0,92$, $r_g = 0,84$ und $r_g = 0,91$). Die Ergebnisse in der vorliegenden Untersuchung lassen vermuten, dass sich die Schätzung genetischer Korrelationen für Testtagsleistungen zweier unterschiedlicher Großbetriebe im Verbandsgebiet nur bedingt zur Beurteilung von Genotyp-Umwelt-Interaktionen (GUI) eignet. Anhand von zehn Kombinationen aus jeweils zwei Betriebsdatensätzen konnte gezeigt werden, dass bei niedrigen Verwandtschaftskoeffizienten, die weniger als 0,70 % betragen, in den meisten Fällen additiv-genetische Korrelationen von $r_g < 0,80$ vorliegen. Genetische Korrelationen in Höhe von $r_g = 1,00$ verbunden mit fehlenden Standardfehlern sind auf fehlgeschlagene Konvergenz im Iterationsprozess zurückzuführen. Höhere verwandtschaftliche Verknüpfungen äußern sich zumeist auch in Korrelationen $r_g > 0,80$ - ein von ROBERTSON (1959) definierter Grenzwert für das Vorliegen von GUI. KÖNIG et al. (2005) schätzten zwischen Eiweißleistungen in ostdeutschen und westdeutschen Verbandsgebieten additiv-genetische Korrelationen zwischen $r_g = 0,90$ und $r_g = 0,95$. Bei einer Reduzierung der ostdeutschen Daten auf Großbetriebe sank dieser Wert jedoch auf $r_g = 0,79$. Deren Literaturstudie ergab, dass sich die meisten Korrelationen über $r_g = 0,80$ befinden, wenn verschiedene Länder untersucht wurden. Werte unter $r_g = 0,70$ wurden ausschließlich bei offensichtlich sehr großen Unterschieden im Produktionssystem oder Klima gefunden. Entsprechend höhere Korrelationen erbrachte somit die Betrachtung unterschiedlicher Herdenleistungen oder Regionen innerhalb eines Landes. Gegen eine getrennte Zuchtwertschätzung für Alte und Neue Bundesländer, die jeweils Varianzhomogenität im eigenen Gebiet aufweisen, sprächen laut KÖNIG (2001) die weit reichenden Folgen für die internationale Vermarktungsfähigkeit deutscher Bullen. KEARNEY et al. (2004) waren auch der Meinung, dass die gefundenen Unterschiede zwischen Stall- und Weidehaltung bei US-amerikanischen Herden keine getrennte Zuchtwertschätzung für beide Produktionsformen rechtfertigen. Die Regression der Milchleistungen der Töchter auf den Vaterzuchtwert ergab höhere Regressionskoeffizienten für die Stallhaltung (0,99 vs. 0,78), die Bullen können demnach ihr genetisches Potenzial unter Weidebedingungen nicht optimal entfalten. Die genetische Korrelation zwischen beiden Haltungssystemen betrug $r_g = 0,89$. Außerdem ermittelten sie eine Rangkorrelation zwischen den Zuchtwerten der Väter in Höhe von $r = 0,59$ und eine durchschnittliche Rangverschiebung der besten 100 Väter um 27 Plätze. MULDER et al. (2006) untersuchten unterschiedliche Strategien zur Ausrichtung des Zuchtprogramms und Testeinsatzes von zwei Zuchtorganisationen unter dem Aspekt bestehender Genotyp-Umwelt-Interaktionen. Bei gleichem Stellenwert der beiden Umwelten und einer genetischen Korrelation $r_g > 0,61$ wird der höchste Zuchtfortschritt erzielt, wenn ein gemeinsames Zuchtprogramm mit

Testeinsatz in beiden Umwelten verfolgt wird. Bei einer Korrelation $r_g < 0,61$, wären zwei auf die jeweilige Umwelt abgestimmte Zuchtprogramme und Testeinsätze vom gleichen Umfang im jeweils eigenen Gebiet optimal. Die Rangierung der Zuchtstrategien basierend auf dem erreichbaren Zuchtfortschritt reagierte kaum auf Heritabilität, Nachkommen je Testbulle und die relative Gewichtung der beiden Umwelten, aber sehr sensibel auf veränderte Selektionsintensitäten.

6.1.6. Rechenvarianten

Tabelle 31 bietet eine Übersicht zu Korrelationen und mittleren Rangverschiebungen zwischen den in den verschiedenen Abschnitten untersuchten Modellvarianten bzw. Dateneditorierungen und der Ausgangsversion. Deutliche Veränderungen der Schätzwerte traten sowohl nach der Modifizierung des Modells, als auch durch Einschränkungen der Daten auf. Zwischen den Heritabilitäten bei Verwendung des Vatermodells (M9) und des Tiermodells (M1) sowie zwischen Schätzwerten für den gesamten Datensatz und nur für junge Kalbejahrgänge ergaben sich die niedrigsten Korrelationen und höchsten Rangverschiebungen (siehe Tabelle 31).

Tabelle 31: Korrelationen, mittlere Rangverschiebungen (Rang- Δ) und Differenzen zwischen den Heritabilitäten (h^2 - Δ) für die erste Laktation der Betriebe, nachdem Änderungen an den Daten oder am Modell vorgenommen worden waren

	Änderungen am Modell				Änderungen an den Daten				
	uni ^{1a}	vater ^{1b}	oJS ²	MF ³	TT ⁴	bVat ⁵	AMF ^{6a}	Ausr ^{6b}	jung ⁷
Korrelation	0,98	0,78	0,83	1,00	0,98	0,97	0,95	0,95	0,68
Ø Rang- Δ	4,1	14,0	12,0	1,3	3,0	4,7	7,2	7,3	18,6
Ø h^2 - Δ	-0,002	-0,017	0,060	0,002	0,001	0,003	0,006	0,001	0,017

^{1a} univariates Tiermodell (M2) im Vergleich zu multivariatem Tiermodell (M1)

^{1b} multivariates Vatermodell (M9) im Vgl. zu Modell M1

² Modell ohne Jahr-Saison-Effekt (M10) im Vgl. zu Modell M1

³ Modell mit Testtags-Melkfrequenzeffekt (M11) im Vgl. zu Modell M1

⁴ alle im Betrieb erbrachten Testtagsleistungen (Modell M1)

⁵ nur Kühe mit bekanntem Vater (Modell M1)

^{6a} Ausreißerkorrektur, getrennt nach Melkfrequenz (Modell M12)

^{6b} Ausreißerkorrektur (Modell M2)

⁷ nur junge Kalbejahrgänge (2000-2004) (Modell M1)

Diese Zusammenhänge verdeutlichen auf der einen Seite, dass die zusätzliche Einbeziehung von weiblichen Verwandten im Betrieb und älteren Kalbejahrgängen für die REML-Schätzung von Bedeutung sind. Auf der anderen Seite widerspricht die positive mittlere Differenz bei „jung“ Angaben in der Literatur. SHORT et al. (1990) schätzten die höchsten Heritabilitäten für fettkorrigierte Milchleistungen in drei verschiedenen Klassen für Herdenstandardabweichungen im ältesten von drei Zeiträumen. Einen Teil dieses Rückgangs schieben sie auf eine intensivere Selektion der Eltern von Besamungsbullen in der jüngeren Zeit. Sie gehen davon aus, dass die Schätzwerte in den beiden späteren Zeitperioden höher wären, wenn die Leistungen des ersten Zeitraumes einbezogen würden. Auch MIRANDE und VAN VLECK (1985) berichteten über ein Absinken der Schätzwerte für Milchmenge der ersten Laktation bei vier Produktionsklassen im Jahresverlauf.

Mittlere h^2 -Differenzen von 0,006 und 0,001 traten nach einer Korrektur um Ausreißer („AMF“ und „Ausr“) an den Daten auf. Bei der ausgewählten Methode, die Werte außerhalb des 95 %-Konfidenzintervalls löscht, betrug der durchschnittliche Datenverlust 5,0 bzw. 4,8 %, je nachdem, ob die Melkfrequenz am Testtag berücksichtigt worden war oder nicht. Da bei einigen Betrieben eine Heritabilitätsdifferenz von bis zu 0,07 durch die Ausreißereditierung auftrat, wäre dieses oder ein ähnliches Verfahren auch für die nationale Zuchtwertschätzung empfehlenswert.

Bis auf einen Betrieb erfuhren alle Betriebe einen Anstieg ihres h^2 -Schätzwertes durch den Verzicht auf den Jahr-Saison-Effekt. Obwohl ein kombinierter Melkfrequenz-Testtagseffekt statt des Testtagseffektes einen niedrigeren AIC-Wert beim Modellvergleich bewirkt (siehe Abschnitt 4.2), brachte eine wiederholte Schätzung mit verändertem Modell im Durchschnitt der Betriebe kaum Veränderungen mit sich. Bis auf vier Ausnahmen lag die Differenz zum Ausgangsschätzwert im dritten oder höheren Nachkommabereich.

Die Einbeziehung aller Testtagsleistungen im Betrieb statt des Ausschlusses von Tieren, die während der Laktation den Betrieb verließen oder dazukamen, ergab nur bei Betrieben mit entsprechend hohen Prozentsätzen Heritabilitätsänderungen. Dies trifft zum Beispiel auf die Betriebe Nr. 3 ($\Delta = -0,076$) und Nr. 4 ($\Delta = -0,047$) zu, die Betriebswechsler- (BW) Anteile von 31,4 bzw. 21,8 % aufwiesen. Betrieb 21 mit 36,3 % BW verbessert im Gegensatz dazu seinen Wert von $h^2_1 = 0,250$ auf $h^2_1 = 0,316$. Bei den Schätzwerten ohne Kühe mit unbekanntem Vätern ist dieser Zusammenhang zum prozentualen Anteil nicht erkennbar. Schwankungen treten sowohl bei hohen als auch bei niedrigen Anteilen auf. Wie bei den beiden letztgenannten Datenmodifikationen sind auch beim Vergleich des univariaten mit dem multivariaten Tiermodell die Korrelationen zwischen den Heritabilitäten sehr hoch ($r = 0,97$ bis $r = 0,98$). Hierbei ging es vor-

dergründig um eine Bestätigung der 50 Schätzwerte, bei denen die Schätzläufe nicht konvergiert hatten. Nur noch in einem Fall konvergierte die Schätzung nicht, wenn ein univariates Modell angenommen worden war.

DECHOW UND NORMAN (2007) schätzten für 45 große Herden in den USA Varianzkomponenten. Sie ermittelten Korrelationen von $r = 0,69$ bzw. $r = 0,45$ zwischen den Heritabilitäten, die sie einerseits anhand eines REML-Tiermodells ($\hat{\sigma} = 0,21$) geschätzt hatten und andererseits aus einer Tochter-Mutter-Regression ($\hat{\sigma} = 0,32$) bzw. einer Tochter-Vater-Regression ($\hat{\sigma} = 0,27$) abgeleitet hatten.

Bei der Betrachtung der zehn höchsten Rangverschiebungen für die neun untersuchten Varianten (bis zu 74 Plätze bei „vater“) treten einige Betriebe des Öfteren in Erscheinung. Dazu gehören vier Betriebe mit unterdurchschnittlicher Heritabilität (Rang 52, 56, 60 und 78), die bei vier bzw. sogar fünf Varianten stark vom Ausgangswert abweichen. Der wegen seiner künstlichen Bestandsstruktur auffällige Betrieb 21 ist ebenfalls viermal vertreten, davon entstanden zwei Differenzen von in Höhe von 60 und 74 Rängen bei den Modellvariationen „uni“ und „vater“, wofür allerdings keine Erklärung gefunden werden konnte. Sogar Betrieb 3 (dritthöchste Heritabilität) ist bei drei Varianten von Datenmodifikationen einer der Betriebe, die am meisten abweichen.

Die Ergebnisse aus diesem Abschnitt können zum einen dazu verwendet werden, Betriebe mit großen Schwankungen vom Testeinsatz auszuschließen. Des Weiteren sollten Belege dazu geliefert werden, dass eine Ausreißerkorrektur notwendig ist. Abgesehen davon könnte daran auch abgeleitet werden, dass von Betrieben, die über mangelhafte Datenstrukturen verfügen, Abstand genommen werden sollte.

6.2. Stratifikation nach Herdengröße und -leistung

6.2.1. Heritabilität

Für die kleineren Betriebe der beiden Verbandsgebiete in den Alten Bundesländern wurde eine Zusammenfassung nach Herdengrößenklassen und Herdenleistungsklassen vorgenommen. Dazu wurde der gleiche Zeitraum ausgewertet wie für die 100 Großbetriebe (1992 bis 2004). Die daraus entstandenen Rasterkombinationen für die Verbände WEST1 und WEST2 wiesen 35 bzw. 30 Subzellen auf, in denen einzelne Heritabilitätsschätzungen für die Milchleistung der ersten Laktation stattfanden. Im Vergleich zu den 100 Großbetrieben in den NBL, deren h^2 -Werte von $h^2_1 = 0,041$ bis $h^2_1 = 0,375$ reichten und im Mittel bei $h^2_1 = 0,199 \pm 0,071$ lagen, wird mit der Rastereinteilung in den beiden Zuchtverbandsgebieten der ABL ein höheres Niveau erzielt (WEST1: $h^2_1 = 0,260 \pm 0,030$, WEST2: $h^2_1 = 0,270 \pm 0,040$). Außerdem schwanken die Schätzwerte

weniger stark ($h^2_1 = 0,192$ bis $h^2_1 = 0,325$ bzw. $h^2_1 = 0,193$ bis $h^2_1 = 0,354$). Das verwendete Modell war das gleiche, nur der Testtageeffekt war gegen einen Herdentesttageeffekt ausgetauscht worden. Die für die Schätzwerte der Subzellen erstellten dreidimensionalen Abbildungen lassen höhere Heritabilitäten in größeren Klassen, sowohl den Leistungsklassen als auch den Größenklassen, erkennen. Dies kann durch Spearman-Korrelationen bestätigt werden, die hochsignifikant zwischen Heritabilität und Leistungsklassen ausfallen, bei den Größenklassen allerdings nur für die additiv-genetische Varianz im Verband WEST1. Wenn über Herdenleistungsklassen gemittelt wird, dann fällt bei Verband WEST2 auf, dass die niedrige Heritabilität in der höchsten Größenklasse durch ein abruptes Absinken der additiv-genetischen Varianz und einen deutlichen Anstieg der Restvarianz zustande kommt. Diese zusätzliche Restvarianz ist womöglich auf Gruppierungen in größeren Westbetrieben zurückzuführen.

ZWALD et al. (2003) schätzten Heritabilitäten für Milchleistungen der ersten Laktation aus den Jahren 1990 bis 1997 von 17 verschiedenen Ländern. Die Herden wurden dazu entsprechend des Herdenmittels bezüglich 13 verschiedener Faktoren in Quintile eingeteilt. Sie verwendeten ein multivariates Vatermodell, in dem die Milchleistung jedes Quintils als unterschiedliches Merkmal betrachtet wurde. Um ungenaue Schätzwerte aufgrund eines hohen Anteils kleiner Herden zu vermeiden, wählten sie den Herden-Jahr-Saison-Effekt zufällig statt fix. Zusätzlich wurden unter anderem ein fixer Herden-effekt, ein Jahreseffekt und ein Melkfrequenzeffekt berücksichtigt. Neben maximaler Milchleistung, Persistenz, Erstkalbealter und klimatischen Einflüssen, wurden z. B. auch die Standardabweichung der Laktationsleistung und die Zahl der Tiere pro Jahr untersucht. Für die beiden letztgenannten Faktoren ergaben sich Klassenmittel von 568 kg, 778 kg, 926 kg, 1066 kg und 1278 kg Milch bzw. 2,5, 5,25, 8,875, 14,3 und 30 Tiere. Die geschätzten Heritabilitäten stiegen mit zunehmendem Niveau der Standardabweichung für Milchmenge an ($h^2_1 = 0,24$ bis $h^2_1 = 0,35$), fielen im höchsten Quintil allerdings wieder ab ($h^2_1 = 0,31$). Mit zunehmender Herdengröße sank die Heritabilität dagegen kontinuierlich ab ($h^2_1 = 0,57$ bis $h^2_1 = 0,26$), was gegenüber den Leistungsklassen zu deutlich niedrigeren Korrelationen zwischen niedrigstem und höchstem Quintil für Herdengrößen führte ($r_g = 0,78$ vs. $r_g = 0,91$). Die Autoren sprachen sich für Zuchtwertschätzungen innerhalb von Gruppen, die an diesen Faktoren und nicht an Ländergrenzen festgemacht werden sollten, aus.

Dem schlossen sich auch CERÓN-MUÑOZ et al. (2004) an. Sie wollten Genotyp-Umwelt-Interaktionen für Milchleistung mit verschiedenen Herdencharakteristika beschreiben, anhand derer sie kolumbianische und brasilianische Herden mit Holsteinkühen in drei Cluster einteilten. Die Heritabilitäten für die Cluster betragen $h^2 = 0,28$, $h^2 = 0,39$ und $h^2 = 0,29$. Die Tatsache, dass Herden mit hohen Milchleistungen höhere Heritabilitäten

erreichen ($h^2 = 0,35$ vs. $h^2 = 0,28$), führen sie auf eine vollständigere Entfaltung des genetischen Potentials in besseren Umwelten zurück.

GERNAND et al. (2007) identifizierten mit Hilfe einer Zwei-Schritt-Clusteranalyse an ostdeutschen Daten ein Cluster mit 44 großen Herden (\emptyset 638 Kühe), das sich zum einen durch die höchste Proteinleistung und das niedrigste Erstkalbealter auszeichnete. Zum anderen wies es die höchste Heritabilität und additiv-genetische Varianz für die Eiweiß-Testtagsleistung auf. Diesen genetischen Parametern sollte bei der Suche nach den genetisch besten Bullen großes Augenmerk geschenkt werden. Sie empfahlen, diese Methode zur Auswahl von Vertragsherden für den Testeinsatz von Bullen heranzuziehen. Speziell für dieses Cluster berechneten sie, dass 28160 Kühe aus 44 Herden für ein Testprogramm ausreichen würden und gleichzeitig genügend Vergleichstiere je Herde bereitstellen würden (genaue Zuchtwerte). Dabei unterstellten sie, dass für eine jährliche Testkapazität von 50 Bullen, 800 Besamungen je Bulle und zwei benötigten Besamungen je Kuh 20000 Kühe zur Anpaarung benötigt würden.

6.2.2. Zusammenhänge zwischen Varianzkomponenten und bestimmten Betriebscharakteristika

Die Standardabweichungen der Kuhzuchtwerte korrelieren sowohl mit den additiv-genetischen Varianzen als auch mit den Heritabilitäten stärker bei Verband WEST2, das Erstkalbealter der einzelnen Subzellen stärker bei WEST1. Mit dem Anteil unbekannter Väter verhält es sich unterschiedlich, dennoch besteht eine klare Beziehung. Die gefundenen Zusammenhänge zur Heritabilität bei den Verbänden WEST1 und WEST2, sowohl die positiven bei den Zuchtwert-Streuungen ($r = 0,68^{***}$ bzw. $r = 0,80^{***}$), als auch die negativen beim Erstkalbealter ($r = -0,70^{***}$ bzw. $r = -0,66^{***}$) und beim prozentualen Anteil unbekannter Väter ($r = -0,68^{***}$ bzw. $r = -0,64^{***}$) sind alle hochsignifikant und treten deutlicher als bei den ostdeutschen Großbetrieben ($r = 0,39^{***}$, $r = -0,17$ und $r = -0,34^{***}$) zutage. Im Vergleich der beiden westdeutschen Verbände fällt auf, dass Verband WEST2 durchschnittlich höhere Heritabilitäten, niedrigere Erstkalbealter und höhere Zuchtwertstreuungen als WEST1 hat. Die Anteile unbekannter Väter sind dagegen viel höher und treten besonders in niedrigen Leistungsklassen auf (Spearman-Korrelation $r = -0,91$), stehen jedoch nicht im Zusammenhang mit der Herdengröße (gesamtes Verbandsgebiet WEST2: 234 vs. 163).

ZWALD et al. (2003) fanden einen leichten Anstieg der Heritabilitäten mit sinkendem Erstkalbealter. Herden mit geringer nordamerikanischer Holstein-Abstammung hatten niedrigere Heritabilitäten als Herden, die viele kanadische oder US-amerikanische Bullen einsetzen. Die geringe genetische Korrelation kann von fehlenden Abstammungs-

formationen herrühren oder ein niedriges Leistungspotential im ersten Quintil widerspiegeln. Herden mit hohen Heritabilitäten benutzen offenbar Väter mit niedrigeren Zuchtwerten, die Korrelation zwischen höchstem und niedrigstem Quintil betrug aber nur $r_g = 0,84$. Die phänotypische Varianz der Milchleistung ist laut CERÓN-MUÑOZ et al. (2004) der beste Indikator für Genotyp-Umwelt-Interaktionen, da dies die Variable mit der niedrigsten genetischen Korrelation ($r_g = 0,85$) für Milchleistung zwischen Herden mit hohen Variabilitäten ($h^2 = 0,33$) und niedrigen Variabilitäten ($h^2 = 0,28$) war. Dagegen war die Korrelation bei einer Gruppierung nach Produktionsmittel fast Eins. Herden mit niedrigem Erstkalbealter wiesen größere Durchschnittswerte, höhere genetische und Restvarianzen und Heritabilitäten auf. Neben der Variabilität war dies ($r_g = 0,87$) das aussagekräftigste Kriterium zur Beurteilung von Genotyp-Umwelt-Interaktionen. GERNAND et al. (2007) schloss anhand von Rangkorrelationen über $r = 0,90$ für Bullenzuchtwerte unterschiedlicher Datensätze und Cluster Befürchtungen zu möglichen Genotyp-Umwelt-Interaktionen zwischen Test- und Produktionsumwelt aus.

7. Schlussfolgerungen

- Aus den Ergebnissen der Varianzkomponentenschätzung innerhalb von Betrieben lässt sich zum einen ableiten, dass Datensätze mit mehreren Kalbejahrgängen einzelner Betriebe durchaus geeignet sind, genetische Parameter mit ausreichender Genauigkeit zu schätzen. Ein weiterer Gesichtspunkt, den speziell die Untersuchung der ostdeutschen Großbetriebe zutage brachte, ist, dass unabhängig von der Herdengröße erhebliche Varianzunterschiede anzutreffen sind. Auch die Betrachtung des Gesamtmaterials der beiden westdeutschen Verbände, stratifiziert nach Herdengröße und -leistung, offenbart neben positiven Beziehungen zum Leistungsniveau nur einen leichten Größeneffekt.
- Dessen ungeachtet bieten Großbetriebe enorme Vorteile bei der Umsetzung eines Testherdenprogramms, seien es organisatorische, technische oder finanzielle Aspekte. Dabei sollen neben traditionellen Merkmalen der Leistungsprüfung zunehmend funktionale Merkmale aus dem Bereich der Fitness und Fruchtbarkeit Berücksichtigung finden.
- Die Untersuchung der Zusammenhänge zwischen weiteren genetischen Parametern und betrieblichen Kennzahlen ergab, dass die Heritabilität einen sinnvollen Indikator zur Findung von Testherden darstellt. Dies können zum einen die Zuchtverbände - die Auftraggeber des Projektes - durch ihre Erfahrungen aus der Zusammenarbeit mit den entsprechenden Betrieben bestätigen. Zum anderen ist laut der durchgeführten Korrelationsanalysen eine bessere genetische Differenzierung von Töchtergruppen in Betrieben mit hohen Heritabilitäten möglich.
- Angesichts prozentualer Anteile unbekannter Väter von bis zu 45 % in einem der 100 Großbetriebe und 43 % in einer Subzelle des Größen-Leistungs-Rasters im westdeutschen Datenmaterial, sollten die negativen Korrelationen zu den Schätzwerten durchaus Anlass zum Ausschluss bestimmter Betriebe aus dem Testherdensystem geben. Dies liegt jedoch im Ermessen des jeweiligen Zuchtverbandes, genauso wie die Durchführung systematischer Abstammungskontrollen.
- Zusätzliche Rechenvarianten mit verändertem Datenmaterial bzw. abgewandeltem Schätzmodell führten zu dem Ergebnis, dass sich nicht nur das Niveau der Schätzwerte, sondern auch die Rangfolge der Betriebe änderte. Diese Situationen traten auch bei Verwendung anderer Leistungsmerkmale anstelle der Milchleistung ein, womit Stoff für weitere Forschung geboten wird.

8. Zusammenfassung

Studien über Heritabilitätsschätzungen für einzelne Betriebe sind aus der Literatur kaum bekannt. Einzelne Untersuchungen weisen jedoch darauf hin, dass das Testen der Besamungsbullen unter möglichst optimalen Umweltbedingungen, die wiederum zu einem hohen Anteil der additiv-genetischen Varianz an der Gesamtvarianz führen, den Erfolg der Zuchtverbände vergrößert. Diese Überlegungen sollten bei der Einrichtung eines Testherdensystems umgesetzt werden, denn auch in der vorliegenden Untersuchung konnte gezeigt werden, dass in Herden mit hohen Heritabilitäten und additiv-genetischen Varianzen eine bessere genetische Differenzierung der Töchtergruppen von Bullen möglich wäre. Die Heritabilitäten (additiv-genetischen Varianzen) der Betriebe für die Milch-kg-Testtagsleistung bewegten sich in einem Bereich zwischen $h^2_1 = 0,041$ und $h^2_1 = 0,375$ ($\sigma^2_{a_1} = 1,5$ kg und $\sigma^2_{a_1} = 11,7$ kg), die Standardabweichungen der Kuhzuchtwerte reichten von $s = 502$ bis $s = 822$ kg. Das weitere Festhalten an einem zufälligen Testeinsatz ist Voraussetzung für das Vertrauen der Landwirte in die Produkte des Zuchtverbandes. Die Gewissheit über unverzerrte Zuchtwerte schafft erst der Wiedereinsatz in der gesamten Population, dem die Zuchtwerte aus dem Testeinsatz standhalten müssen.

Der Einfluss der Herdengröße auf die Schätzwerte wird in der Literatur unterschiedlich beschrieben, in dieser Arbeit konnte dagegen mit Hilfe von Korrelationsanalysen kein Zusammenhang gefunden werden. Dies liegt auch darin begründet, dass die 100 größten Betriebe ausgewählt worden sind (Kuhzahlen zwischen 1115 und 15083), um eine ausreichende Genauigkeit der Schätzwerte garantieren zu können. Dennoch ist das Argument gerechtfertigt große Betriebe als Testherden auszuwählen. Diese bieten einerseits genügend Vergleichstiere für die Zuchtwertschätzung der Testbullen, außerdem ist der Ersatz von ausgeschiedenen Testbullentöchtern sichergestellt und desweiteren ist in großen Betrieben eine bessere Ausschöpfung des genetischen Potentials durch angepasste Fütterung in entsprechenden Fütterungsgruppen möglich. Abgesehen davon bieten Testherden logistische Vorteile bei der Erfassung funktionaler Merkmale.

Hohe Leistungen der infrage kommenden Betriebe lassen zudem Rückschlüsse auf wichtige Managementfaktoren zu, die für eine verlässliche Planung des Testeinsatzes nötig sind. Die deutlich positive Korrelation zwischen der Heritabilität und der durchschnittlichen Testtagsleistung, die in den Datensätzen der 100 Großbetriebe von 19 bis 29 kg je Testtag reichte, beruht grundsätzlich nicht auf einer Kausalität. Genauso verhält es sich mit der leicht negativen bzw. positiven Beziehung zwischen dem mittleren Erstkalbealter ($28,6 \pm 1,4$) bzw. dem Zuchtwertniveau ($-108,5 \pm 145,5$ kg bzw. $89,5 \pm 2,5$

Kuh-RZM-Punkte) und der Heritabilität, die lediglich die hohe Qualität des Fruchtbarkeitsmanagements und die bessere Züchtungsstrategie in den guten Betrieben belegt. Ein hoher Prozentsatz unbekannter Abstammung beeinflusst die Heritabilität und additiv-genetische Varianz negativ. Betriebe mit vielen unbekannt Vätern (0,1 bis 45,0 %) weisen in ähnlichem Ausmaß fehlende Informationen zu den Müttern (0,1 bis 39,3 %) auf.

Die Anzahl und Kombination der drei verfügbaren Laktationen für die Kühe unterscheiden sich zum Teil erheblich von Betrieb zu Betrieb. Je mehr Kühe die ersten drei Laktationen vollständig haben (0,9 bis 48,4 %), umso geringer sind Rest-, permanente Umwelt- und Gesamtvarianz. Größere verwandtschaftliche Beziehungen zwischen den Kühen innerhalb der Betriebe, die sich in Verwandtschaftskoeffizienten zwischen 0,37 und 1,29 % ausdrücken, haben positive Auswirkungen auf additiv-genetische Varianz und Heritabilität. Die Analyse der mittleren Töchteranteile der wichtigsten Väter, die im Betrieb eingesetzt worden waren, ergab, dass die additiv-genetische Varianz mit steigender genetischer Heterogenität der Herde ansteigt. Die Anteile der wichtigsten drei, vier und fünf Väter liegen bei durchschnittlich 11,9 %, 14,6 % und 17,1 %, für den Kalbejahrgang 1996 zum Beispiel bei 41,2 %, 47,7 % und 52,4 %. Die Entwicklung der Testtagsleistung in einem Zeitraum von zehn Jahren (1993 bis 2002) betrug durchschnittlich 54 % von 16,7 auf 25,6 kg in den 100 Betrieben. Ein leicht positiver Zusammenhang zur additiv-genetischen Varianz konnte ermittelt werden. In Betrieben mit höherer Heritabilität erfolgt eine bessere Anpassung des verwendeten Modells, wie anhand der Gütekennzahl jedes Betriebes (5,8 bis 65,5 %) gezeigt werden konnte.

Die Schätzung genetischer Korrelationen zwischen Betrieben ist möglicherweise ungeeignet zur Feststellung von Genotyp-Umwelt-Interaktionen. Es wurden zwar äußerst niedrige Korrelationen (bis zu $r_g = 0,44$) gefunden, allerdings traten diese im Zusammenhang mit geringen verwandtschaftlichen Verknüpfungen zwischen den jeweiligen Betrieben auf.

Die Anwendung verschiedener Schätzmodelle und Änderungen an den Datensätzen - besonders die Varianten „nur junge Kalbejahrgänge“, Vatermodell und „ohne Jahr-Saison-Effekt“ - resultierte zum Teil in deutlichen Differenzen zu den anfänglich geschätzten Heritabilitäten. Die Eliminierung von extremen Daten mit Hilfe einer willkürlich gewählten Methode zur Ausreißereditionierung führte zum Teil zu Abweichungen bei den Schätzwerten. Hinweise auf eine systematische Erhöhung der Schätzwerte gab es jedoch nicht.

Die Heritabilitätsschätzung für die beiden westdeutschen Verbandsgebiete der Kooperationspartner erfolgte innerhalb von Subzellen einer Rasterkombination aus Herdengrößen- und Herdenleistungsklassen. Die Werte für Zuchtverband WEST1 lagen zwischen

$h^2_1 = 0,192$ und $h^2_1 = 0,325$ und die des Verbandes WEST2 zwischen $h^2_1 = 0,193$ und $h^2_1 = 0,354$. Es sind höhere Heritabilitäten in größeren Klassen, sowohl den Leistungsklassen als auch den Größenklassen, zu erkennen. Die etwas niedrigeren Heritabilitäten bei größeren Herden im Verband WEST2 sind auf höhere Restvarianzen - vermutlich durch Managementgruppen in größeren Beständen - zurückzuführen. Die Zusammenhänge zwischen Heritabilität und Zuchtwert-Streuungen sowie Erstkalbealter und prozentualem Anteil unbekannter Väter sind bei den Westverbänden alle hochsignifikant und treten deutlicher als bei den ostdeutschen Großbetrieben zutage.

9. Summary

The aim of this study was to examine heterogeneous variances at the level of single dairy farms in the area of four northern German breeding associations. The purpose of exploring herds with favorable genetic parameters and other suitable characteristics is to give recommendations for organizations who intend to build up a system of contract herds for evaluating the progeny of young bulls. Implementing breeding strategies in large farms is easier, because only a few farmers have to be contacted and enough daughter groups and contemporaries would be available. Furthermore, they meet the technical requirements and are able to apply standardized procedures for collecting functional traits accurately.

Variance components for first lactation test-day milk yield of calving years 1992-2004 in each of the 100 largest herds were estimated with VCE5. Heritabilities ranged between $h^2_1 = 0.04$ and $h^2_1 = 0.38$ and additive-genetic variances from $\sigma^2_{a_1} = 1.5 \text{ kg}^2$ to $\sigma^2_{a_1} = 11.7 \text{ kg}^2$.

Correlation analysis in SAS was used to identify potential factors of influence. Correlations of each herd characteristic with heritability were computed. No relationship was found between estimates and herd size. Between average test-day milk yield and heritability an association at a value of $r = 0.29^{**}$ was found. The average natural breeding values of cows from official genetic evaluation showed a relation of $r = 0.21^*$. Of special importance is the clearly positive correlation to the standard deviation of breeding values in the herds of $r = 0.39^{***}$, because this fact convinces breeding organizations to test their bulls in herds with high heritabilities. Dividing the herds into classes led to the conclusion that the best differentiation of daughters should be possible when heritability lies within the range from $h^2_1 = 0.25$ to $h^2_1 = 0.30$. The negative correlation between heritability and calving age ($r = -0.17$ n.s.) is only significant in higher lactations, but both the portion of missing sire information and missing dam information have a clearly negative influence on heritability ($r = -0.34^{***}$ and $r = -0.36^{***}$). A positive correlation ($r = 0.29^{**}$) exists with the coefficient of relationship between animals in the herds. The better the adjustment of the model, the larger is the portion of the additive-genetic variance on total variance. However, this association applies only to the second and third lactation ($r = 0.29^{**}$ and $r = 0.43^{***}$).

The estimation of genetic correlations between a few selected herds resulted in values between $r_g = 0.44$ and $r_g = 1.00$, which probably depend on the magnitude of the relationship coefficients.

The comparison of ranking, average difference between heritabilities, and correlation led to substantial variation of estimates under several models analysed, data edits, or for different traits. But there was no advice that estimates could be systematically increased by the elimination of outliers, for example.

Data of Western German breeding organizations were stratified for herd size and herd mean yield. The heritabilities of WEST1 ranged from $h^2_1 = 0.19$ to $h^2_1 = 0.33$, WEST2 had estimates between $h^2_1 = 0.19$ und $h^2_1 = 0.35$. There were notably higher heritabilities in larger classes, both in the yield classes (WEST1: $r = 0.71^{***}$, WEST2: $r = 0.81^{***}$) and the size classes (WEST1: $r = 0.32$ n.s., WEST2: $r = 0.12$ n.s.). The effect of the size became stronger when other approaches were used, which also show that the large herds of breeding organization WEST2 have higher residual variances, probably due to special management groups. The correlations between heritability and standard deviation of breeding values (WEST1: $r = 0.68^{***}$ and WEST2: $r = 0.80^{***}$), as well as age at first calving (WEST1: $r = -0.70^{***}$ and WEST2: $r = -0.66^{***}$) and portion of unknown sires (WEST1: $r = -0.68^{***}$ and WEST2: $r = -0.64^{***}$) are all highly significant within the western companies and appear more clearly than in the Eastern German large-scale farms.

10. Literaturverzeichnis

- Abdel-Azim, G. A., Freeman, A. E., Kehrl, M. E., Jr., Kelm, S. C., Burton, J. L., Kuck, A. L. und S. Schnell (2005): Genetic Basis and Risk Factors for Infectious and Non-infectious Diseases in US Holsteins. I. Estimation of Genetic Parameters for Single Diseases and General Health. *J. Dairy Sci.* 88 (3): 1199-1207.
- ADR (2005): ADR-Handbuch „Empfehlungen und Richtlinien“, Bonn.
- ADR (2006): ADR-Jahresbericht „Rinderproduktion in der Bundesrepublik Deutschland 2005“, Bonn.
- Akaike, H. (1973): Information theory and an extension of the maximum likelihood principle. S. 267-281 in Petrov, B. N. und F. Csaksi. 2nd International Symposium on Information Theory. Akademiai Kiado, Budapest, Ungarn.
- Ali, T. E. und L. R. Schaeffer (1987): Accounting for covariances among test day milk yields in dairy cows. *Can. J. Anim. Sci.* 67: 637-644.
- Alpers, C. (1996): Testherdenprogramme und Bullenmütterprüfungen als Möglichkeiten zur Intensivierung von Besamungszuchtprogrammen beim Milchrind. Göttingen, Diplomarbeit.
- AltaGenetics (2007): What is Alta Advantage? www.altagenetics.com. 06.07.07.
- Banos, G., Wiggans, G. R. und R. L. Powell (2001): Impact of Paternity Errors in Cow Identification on Genetic Evaluations and International Comparisons. *J. Dairy Sci.* 84 (11): 2523-2529.
- Becker, F., Kanitz, W. und W. Heuwieser (2005): Vor- und Nachteile einzelner Methoden der Brunsterkennung beim Rind. *Züchtungskunde* 77: 140-149.
- Berry, D. P., Buckley, F., Dillon, P., Evans, R. D., Rath, M. und R. F. Veerkamp (2003): Genetic Relationships among Body Condition Score, Body Weight, Milk Yield, and Fertility in Dairy Cows. *J. Dairy Sci.* 86 (6): 2193-2204.
- Bethge, M., Wensch-Dorendorf, M. und H. H. Swalve (2005): Schätzung von Varianzkomponenten am Material der linearen Exterieurbeschreibung beim Holstein Rind. Vortragstagung der DGfZ und GfT. Berlin. 21./22. September.
- Bicalho, R. C., Galvao, K. N., Cheong, S. H., Gilbert, R. O., Warnick, L. D. und C. L. Guard (2007): Effect of Stillbirths on Dam Survival and Reproduction Performance in Holstein Dairy Cows. *J. Dairy Sci.* 90 (6): 2797-2803.
- Birkmann, K. (1989): Untersuchungen zum Testeinsatz von Jungbullen in Vertragsbetrieben. Göttingen. Diplomarbeit.
- Boettcher, P. J., Fatehi, J. und M. M. Schutz (2003): Genotype x Environment Interactions in Conventional versus Pasture-Based Dairies in Canada. *J. Dairy Sci.* 86 (1): 383-404.

- 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 (2): 503-512.
- Brenig, B., Baumgartner, B. G., Kriegesmann, B., Habermann, F., Fries, R. und H. H. Swalve (2003): Molecular cloning, mapping, and functional analysis of the bovine sulfate transporter SLC26a2 gene. *Gene* 319: 161-166.
- Britt, J. S., Thomas, R. C., Speer, N. C. und M. B. Hall (2003): Efficiency of Converting Nutrient Dry Matter to Milk in Holstein Herds. *J. Dairy Sci.* 86 (11): 3796-3801.
- Brotherstone, S., Coffey, M. P. und G. Banos (2007): Genetic Parameters of Growth in Dairy Cattle and Associations Between Growth and Health Traits. *J. Dairy Sci.* 90 (1): 444-450.
- Brügemann, K. und H. H. Swalve (2006): Testeinsatz von Bullen bei der NOG - Vergleich der Ergebnisse aus Ost und West. *Blickpunkt Rind* 4: 55-57.
- Bryant, J. R., Lopez-Villalobos, N., Pryce, J. E., Holmes, C. W., Johnson, D. L. und D. J. Garrick (2007): Environmental Sensitivity in New Zealand Dairy Cattle. *J. Dairy Sci.* 90 (3): 1538-1547.
- Buckley, F., O'Sullivan, K., Mee, J. F., Evans, R. D. und P. Dillon (2003): Relationships Among Milk Yield, Body Condition, Cow Weight, and Reproduction in Spring-Calved Holstein-Friesians. *J. Dairy Sci.* 86 (7): 2308-2319.
- Buenger, A., Ducrocq, V. und H. H. Swalve (2001): Analysis of Survival in Dairy Cows with Supplementary Data on Type Scores and Housing Systems from a Region of Northwest Germany. *J. Dairy Sci.* 84 (6): 1531-1541.
- Calus, M. P. L., Windig, J. J. und R. F. Veerkamp (2005): Associations Among Descriptors of Herd Management and Phenotypic and Genetic Levels of Health and Fertility. *J. Dairy Sci.* 88 (6): 2178-2189.
- Castillo-Juarez, H., Oltenacu, P. A. und E. G. Cienfuegos-Rivas (2002): Genetic and phenotypic relationships among milk production and composition traits in primiparous Holstein cows in two different herd environments. *Livest. Prod. Sci.* 78 (3): 223-231.
- Ceron-Munoz, M. F., Tonhati, H., Costa, C. N., Rojas-Sarmiento, D. und Echeverri D. M. Echeverri (2004): Factors that Cause Genotype by Environment Interaction and Use of a Multiple-Trait Herd-Cluster Model for Milk Yield of Holstein Cattle from Brazil and Colombia. *J. Dairy Sci.* 87 (8): 2687-2692.
- Dechow, C. D., Rogers, G. W. und J. S. Clay (2002): Heritability and Correlations Among Body Condition Score Loss, Body Condition Score, Production and Reproductive Performance. *J. Dairy Sci.* 85 (11): 3062-3070.
- Dechow, C. D. und H. D. Norman (2007): Within-Herd Heritability Estimated with Daughter-Parent Regression for Yield and Somatic Cell Score. *J. Dairy Sci.* 90 (1): 482-492.

- Dechow, C. D., Norman, H. D. und N. R. Zwald (2007): Relationship of herd-heritability with sire misidentification and entry into a proven sire lineup. Joint Annual Meeting, San Antonio, Texas, 8.-12. Juli.
- Dekkers, J. C. M., Vandervoort, G. E. und E. B. Burnside (1996): Optimal Size of Progeny Groups for Progeny-Testing Programs by Artificial Insemination Firms. *J. Dairy Sci.* 79 (11): 2056-2070.
- DeLaval (2007): Online-Zellzahl-Messgerät OCC für das Voluntary Milking System VMS. <http://www.delaval.de/>. 20.06.2007.
- DHV (2005): Tätigkeitsbericht 2004. www.holstein-dhv.de. 18.10.2007.
- DHV (2006): Tätigkeitsbericht 2005. www.holstein-dhv.de. 18.10.2007.
- Distl, O. (2001): Implications of health traits in breeding of dairy cattle. *Arch. Tierz., Dummerstorf* 44 (4): 365-380.
- DLG (2004): Leitfaden Klauenpflege & Klauenhygiene: Ihre Praxisanleitung für mehr Klauengesundheit in der Herde. Frankfurt/Main.
- Dodenhoff, J. (1995): Untersuchungen zur Varianzstruktur von Merkmalen der Milchleistung und ihre Bedeutung für die Zuchtwertschätzung. Göttingen, Dissertation.
- Dodenhoff, J. und H. H. Swalve (1998): Heterogeneity of variances across regions of northern Germany and adjustment in genetic evaluation. *Livest. Prod. Sci.* 53 (3): 225-236.
- Dong, M. C. und I. L. Mao (1990): Heterogeneity of (Co) Variance and Heritability in Different Levels of Intraherd Milk-Production Variance and of Herd Average. *J. Dairy Sci.* 73 (3): 843-851.
- Edmonson, A. J., Lean, I. J., Weaver, L. D., Farver, T. und G. Webster (1989): A Body Condition Scoring Chart for Holstein Dairy Cows. *J. Dairy Sci.* 72 (1): 68-78.
- Emmerling, R. (2001): Optimierung der Zuchtwertschätzung für Milchleistungsmerkmale unter besonderer Berücksichtigung der Umwelteinflüsse in einem Testtagsmodell. Weihenstephan, Dissertation.
- Everett, R. W., Keown, J. F. und J. F. Taylor (1982): The problem of heterogeneous within herd error variances when identifying elite cows. *J. Dairy Sci.* 65 (Suppl. 1): 100 (Abstract).
- Falconer, D. S. (1952): The Problem of Environment and Selection. *American Naturalist* 86 (830): 293-298.
- Falconer, D. S., 1984: Einführung in die quantitative Genetik. UTB 1334, Eugen-Ulmer-Verlag, Stuttgart.
- Fietze, S. (2004): Vergleich der unterschiedlichen Körperkonditionsbeurteilungsmethoden - Body Condition Scoring (BCS) und Rückenfettdickenmessung (RFD) - und deren Aussagefähigkeit in Bezug auf die Fruchtbarkeit von Holstein-Friesian (HF) Kühen. Tierärztliche Hochschule, Hannover, Dissertation.

- Friendly, M. (2005): boxplot.sas: SAS/Graph Box and Whisker plot. 2.1., www.math.yorku.ca/SCS/sssg/boxplot.html, 05.11.06.
- Garbarino, E. J., Hernandez, J. A., Shearer, J. K., Risco, C. A. und W. W. Thatcher (2004): Effect of Lameness on Ovarian Activity in Postpartum Holstein Cows. *J. Dairy Sci.* 87 (12): 4123-4131.
- Garrick, D. J. und L. D. Vanvleck (1987): Aspects of Selection for Performance in Several Environments with Heterogeneous Variances. *J. Anim. Sci.* 65 (2): 409-421.
- Gernand, E., Waßmuth, R., von Borstel, U. U. und S. König (2007): Heterogeneity of variance components for production traits in large-scale dairy farms. *Livest. Sci.* 112 (1-2): 78-89.
- Gilmour, A. R., Cullis, B. R., Welham, S. J. und R. Thompson (2002): ASReml Reference Manual 2nd edition, Release 1.0 NSW Agriculture Biometrical Bulletin 3, NSW Agriculture, Locked Bag, Orange, NSW 2800, Australia.
- Groeneveld, E., Kovac, M. und T. Wang (1990): PEST, a general purpose BLUP package for multivariate prediction and estimation. *Proceedings, 4th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Edinburgh, 13: 488-491.
- Grünhagen, E. und H. H. Swalve (1997): Effect of Cell Size in Test Day Models. *INTERBULL MEETING*. Vienna, Austria, 28-29. August.
- Grünhagen, E. (1998): Untersuchungen zu den Auswirkungen der Datenstruktur und der heterogenen Intra-Herden-Varianz auf die Zuchtwertschätzung mit einem Testtagsmodell. Göttingen, Dissertation.
- Hagnestam, C., Emanuelson, U. und B. Berglund (2007): Yield Losses Associated with Clinical Mastitis Occurring in Different Weeks of Lactation. *J. Dairy Sci.* 90 (5): 2260-2270.
- Hammond, J. (1947): Animal Breeding in Relation to Nutrition and Environmental Conditions. *Biol. Reviews of the Cambridge Philosophical Society* 22 (3): 195-213.
- Hansen, M., Misztal, I., Lund, M. S., Pedersen, J. und L. G. Christensen (2004): Undesired Phenotypic and Genetic Trend for Stillbirth in Danish Holsteins. *J. Dairy Sci.* 87 (5): 1477-1486.
- Harder, B., Junge, W., Bennewitz, J. und E. Kalm (2004): Investigations on breeding plans for organic dairy cattle. *Arch. Tierz., Dummerstorf* 47 (2): 129-139.
- Harder, B., Bennewitz, J., Reinsch, N., Mayer, M. und E. Kalm (2005): Effect of missing sire information on genetic evaluation. *Arch. Tierz., Dummerstorf* 48 (3): 219-232.
- Haskell, M. J., Rennie, L. J., Bowell, V. A., Bell, M. J. und A. B. Lawrence (2006): Housing System, Milk Production, and Zero-Grazing Effects on Lameness and Leg Injury in Dairy Cows. *J. Dairy Sci.* 89 (11): 4259-4266.
- Heinrichs, A. J., Heinrichs, B. S., Hare, O., Rogers, G. W. und N. T. Place (2005): A prospective study of calf factors affecting age, body size, and body condition score at first calving of Holstein dairy heifers. *J. Dairy Sci.* 88 (8): 2828-2835.

- Henderson, C. R. (1975): Best Linear Unbiased Estimation and Prediction under a Selection Model. *Biometrics* 31 (2): 423-447.
- Herd Navigator (2008): The proactive herd management solution of the future. www.herdnavigator.com, 25.02.08.
- Heringstad, B., Gianola, D., Chang, Y. M., Odegard, J. und G. Klemetsdal (2006): Genetic Associations Between Clinical Mastitis and Somatic Cell Score in Early First-Lactation Cows. *J. Dairy Sci.* 89 (6): 2236-2244.
- Hill, W. G., Edwards, M. R., Ahmed, M. K. A. und R. Thompson (1983): Heritability of Milk-Yield and Composition at Different Levels and Variability of Production. *Anim. Prod.* 36: 59-68.
- Hill, W. G. (1984): On Selection among Groups with Heterogeneous Variance. *Anim. Prod.* 39: 473-477.
- Hinks, C. J. M. (1978): The use of centralized breeding schemes in dairy cattle improvement. *Anim. Breed. Abstr.* 46: 291-297.
- Hinrichs, D., Stamer, E., Junge, W. und E. Kalm (2005): Genetic Analyses of Mastitis Data Using Animal Threshold Models and Genetic Correlation with Production Traits. *J. Dairy Sci.* 88 (6): 2260-2268.
- Hutjens, M. F. (2005): Dairy Efficiency and Dry Matter Intake. 7th Western Dairy Management Conference. Reno, NV, March 9-11.
- Huzzey, J. M., Veira, D. M., Weary, D. M. und M. A. G. von Keyserlingk (2007): Prepartum Behavior and Dry Matter Intake Identify Dairy Cows at Risk for Metritis. *J. Dairy Sci.* 90 (7): 3220-3233.
- Kadarmideen, H. N., Thompson, R. und G. Simm (2000): Linear and threshold model genetic parameters for disease, fertility and milk production in dairy cattle. *Anim. Sci.* 71: 411-419.
- Kalm, E. (2003): Abschlussbericht: Weiterentwicklung der Leistungsprüfungen beim Milchrind. Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung, www.ble.de/download/pdf/97HS009.pdf, 05.03.07.
- Kearney, J. F., Schutz, M. M., Boettcher, P. J. und K. A. Weigel (2004): Genotype x Environment Interaction for Grazing Versus Confinement. I. Production Traits. *J. Dairy Sci.* 87 (2): 501-509.
- Kehr, C., Fischer, R., Fiedler, K., Bergfeld, U. und M. Klunker (2007): Analyse genetischer Einflussfaktoren auf Gesundheitsmerkmale beim Milchrind und Ableitung züchterischer Maßnahmen. Ergebnisse aus der Tierzucht, Heft 8/2007, Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft.
- Kovac, M., Groeneveld, E. und L. A. Garcia-Cortés (2002): VCE-5: a package for the optimization of dispersion parameters. Seventh World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Montpellier, France, 20.-23. August.
- König, S. (2001): Untersuchungen in einem kooperativen Zuchtprogramm der Rasse Holstein-Friesian. Georg-August-Universität. Göttingen, Dissertation.

- König, S., Dietl, G., Raeder, I. und H. H. Swalve (2005): Genetic Relationships for Dairy Performance Between Large-Scale and Small-Scale Farm Conditions. *J. Dairy Sci.* 88 (11): 4087-4096.
- Krüger, S. und H. Güldenpfennig (2007): Funktionalität und Gesundheit - Voraussetzung für hohe Lebensleistung. 16. Milchringtag 2007 in Mecklenburg-Vorpommern. Güstrow und Woldegk, 13. und 14. März.
- Kuhn, M. T. und A. E. Freeman (1995): Biases in Predicted Transmitting Abilities of Sires When Daughters Receive Preferential Treatment. *J. Dairy Sci.* 78 (9): 2067-2072.
- Langholz, H. J. (1973): Die Schätzung des genetischen Fortschritts im KB-Zuchtprogramm beim Zweinutzungsrind. *Z. Tierzücht. u. Züchtungsbiol.* 90: 149-159.
- LeBlanc, S. J., Lissemore, K. D., Kelton, D. F., Duffield, T. F. und K. E. Leslie (2006): Major Advances in Disease Prevention in Dairy Cattle. *J. Dairy Sci.* 89 (4): 1267-1279.
- Leisen, M. (2007): NOG-Bullenmütterprüfung mit neuem Stationsindex. *Rind im Bild* 3: 51-53.
- LIC (2007): Sire Proving Scheme. <http://www.lic.co.nz/>, 05.07.07.
- LKV Sachsen (2007): trans.lkv.net. www.lkvsachsen.de/, 17.12.07.
- Lofgren, D. L., Vinson, W. E., Pearson, R. E. und R. L. Powell (1985): Heritability of Milk-Yield at Different Herd Means and Variance for Production. *J. Dairy Sci.* 68 (10): 2737-2739.
- Lush, J. L. (1945): *Animal breeding plans*. The Collegiate Press. Ames, Iowa.
- Lutaaya, E., Misztal, I., Bertrand, J. K. und J. W. Mabry (1999): Inbreeding in populations with incomplete pedigrees. *J. Anim. Breed. Genet.* 116 (6): 475-480.
- Maijala, K. und M. Hanna (1974): Reliable phenotypic and genetic parameters in dairy cattle. 1st World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Madrid, 7.-11. Oktober.
- Maltecca, C., Bagnato, A. und K. A. Weigel (2004): Comparison of International Dairy Sire Evaluations from Meta-Analysis of National Estimated Breeding Values and Direct Analysis of Individual Animal Performance Records. *J. Dairy Sci.* 87 (8): 2599-2605.
- Mark, T. (2004): Applied Genetic Evaluations for Production and Functional Traits in Dairy Cattle. *J. Dairy Sci.* 87 (8): 2641-2652.
- Meinert, T. R., Pearson, R. E., Vinson, W. E. und B. G. Cassell (1988): Effect of within-Herd Variance and Herd Mean Production on Response to Selection within Herd. *J. Dairy Sci.* 71 (12): 3405-3414.
- Meuwissen, T. H. E., DeJong, G. und B. Engel (1996): Joint estimation of breeding values and heterogeneous variances of large data files. *J. Dairy Sci.* 79 (2): 310-316.

- Meyer, C. L., Berger, P. J., Koehler, K. J., Thompson, J. R. und C. G. Sattler (2001): Phenotypic Trends in Incidence of Stillbirth for Holsteins in the United States. *J. Dairy Sci.* 84 (2): 515-523.
- Miglior, F., Muir, B. L. und B. J. Van Doormaal (2005): Selection Indices in Holstein Cattle of Various Countries. *J. Dairy Sci.* 88 (3): 1255-1263.
- Mirande, S. L. und L. D. Vanvleck (1985): Trends in Genetic and Phenotypic Variances for Milk-Production. *J. Dairy Sci.* 68 (9): 2278-2286.
- Mrode, R. A. und G. J. T. Swanson (1996): Genetic and statistical properties of somatic cell count and its suitability as an indirect means of reducing the incidence of mastitis in dairy cattle. *Anim. Breed. Abstr.* 64: 847-857.
- Mulder, H. A., Veerkamp, R. F., Ducro, B. J., van Arendonk, J. A. M. und P. Bijma (2006): Optimization of Dairy Cattle Breeding Programs for Different Environments with Genotype by Environment Interaction. *J. Dairy Sci.* 89 (5): 1740-1752.
- Nauta, W. J., Veerkamp, R. F., Brascamp, E. W. und H. Bovenhuis (2006): Genotype by Environment Interaction for Milk Production Traits Between Organic and Conventional Dairy Cattle Production in The Netherlands. *J. Dairy Sci.* 89 (7): 2729-2737.
- Nicholas, F. W. und C. Smith (1983): Increased rates of genetic change in dairy cattle by embryo transfer and splitting. *Anim. Prod.* 36: 341-353.
- NOG (2007): NOG Zuchtprogramm-KONZEPT. <http://www.nog.de/start.htm>, 20.08.07.
- Norberg, E., Rogers, G. W., Odegard, J., Cooper, J. B. und P. Madsen (2006): Short Communication: Genetic Correlation Between Test-Day Electrical Conductivity of Milk and Mastitis. *J. Dairy Sci.* 89 (2): 779-781.
- Norman, H. D., Hutchison, J. L., Wright, J. R., Kuhn, M. T. und T. J. Lawlor (2007): Selection on Yield and Fitness Traits When Culling Holsteins During the First Three Lactations. *J. Dairy Sci.* 90 (2): 1008-1020.
- Padilla, D. und J. F. Keown (1990): Variances in herd production due to different management practices. *J. Anim. Sci.* 68 (Suppl. 1): 70-71.
- Patterson, H. D. und R. Thompson (1971): Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika* 58: 545-554.
- Pätsch, I. (2002): Computergestütztes Zuchtmanagement der Milchrinderherde des Lehr- und Forschungsgutes Ruthe. Institut für Tierzucht und Vererbungsforschung. Tierärztliche Hochschule. Hannover, Dissertation.
- Petersson, K.-J., Berglund, B., Strandberg, E., Gustafsson, H., Flint, A. P. F., Woolliams, J. A. und M. D. Royal (2007): Genetic Analysis of Postpartum Measures of Luteal Activity in Dairy Cows. *J. Dairy Sci.* 90 (1): 427-434.
- Philipsson, J., Ral, G. und B. Berglund (1995): Somatic cell count as a selection criterion for mastitis resistance in dairy cattle. *Livest. Prod. Sci.* 41 (3): 195-200.

- Pijl, R., Maarten, W., Mülling, C., Schmitt, M. und G. Veauthier (2003): Klauenprobleme schneller lösen. Top Agrar Fachbuch, Münster.
- Pirlo, G., Miglior, F. und M. Speroni (2000): Effect of Age at First Calving on Production Traits and on Difference Between Milk Yield Returns and Rearing Costs in Italian Holsteins. *J. Dairy Sci.* 83 (3): 603-608.
- Powell, R. L., Norman, H. D. und B. T. Weinland (1983): Cow Evaluation at Different Milk Yields of Herds. *J. Dairy Sci.* 66 (1): 148-154.
- Powell, R. L., Norman, H. D. und A. H. Sanders (2003): Progeny Testing and Selection Intensity for Holstein Bulls in Different Countries. *J. Dairy Sci.* 86 (10): 3386-3393.
- Pryce, J. E., Coffey, M. P. und G. Simm (2001): The Relationship Between Body Condition Score and Reproductive Performance. *J. Dairy Sci.* 84 (6): 1508-1515.
- Reents, R. (1992): Multivariate BLUP-Zuchtwertschätzung mit einem Tiermodell in der Milchrinderzucht. Göttingen, Dissertation.
- Reents, R., Dopp, L., Schmutz, M. 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.
- Rendel, J. M. und A. Robertson (1950): Estimation of Genetic Gain in Milk Yield by Selection in a Closed Herd of Dairy Cattle. *J. Genet.* 50 (1): 1-8.
- Rensing, S. (2005): New Ways of Data Recording and Genetic Evaluation for Functional Traits. 26th European Holstein and Red Holstein Conference. Prag, 18.-22. Mai.
- Robertson, A. (1959): The Sampling Variance of the Genetic Correlation Coefficient. *Biometrics* 15 (3): 469-485.
- Robertson, A., O'Connor, L. K. und J. Edwards (1960): Progeny testing dairy bulls at different management levels. *Anim. Prod.* 2: 141-152.
- Robor Electronics (2008): Heat detection system for cows: The Oestrus Observer system. www.robor.nl, 25.02.08.
- Roche, J. R., Berry, D. P. und E. S. Kolver (2006): Holstein-Friesian Strain and Feed Effects on Milk Production, Body Weight, and Body Condition Score Profiles in Grazing Dairy Cows. *J. Dairy Sci.* 89 (9): 3532-3543.
- Roelofs, J. B., van Eerdenburg, F., Soede, N. M. und B. Kemp (2005): Pedometer readings for estrous detection and as predictor for time of ovulation in dairy cattle. *Theriogenology* 64 (8): 1690-1703.
- Royal, M. D., Pryce, J. E., Woolliams, J. A. und A. P. F. Flint (2002): The Genetic Relationship between Commencement of Luteal Activity and Calving Interval, Body Condition Score, Production, and Linear Type Traits in Holstein-Friesian Dairy Cattle. *J. Dairy Sci.* 85 (11): 3071-3080.

- Sanders, K., Bennewitz, J. und E. Kalm (2006): Wrong and Missing Sire Information Affects Genetic Gain in the Angeln Dairy Cattle Population. *J. Dairy Sci.* 89 (1): 315-321.
- SAS (2000): SAS/STAT User's Guide. Version 8. Cary, NC.
- Schaeffer, L. R. (1994): Multiple-Country Comparison of Dairy Sires. *J. Dairy Sci.* 77 (9): 2671-2678.
- Schafberg, R., Rosner, F., Anacker, G. und H. H. Swalve (2005): Genetic analysis of cases of subclinical mastitis. 56th annual meeting of the EAAP. Uppsala, Schweden.
- Schafberg, R., Rosner, F. und H. H. Swalve (2006): Umweltbedingte und genetische Faktoren der Kälbersterblichkeit. 4. Rinderworkshop. Uelzen. 14./15. Februar.
- Schomaker, T. (2001): Ansätze zur Entwicklung einer Leistungsprüfung für funktionale Merkmale beim Milchrind. Kiel. Dissertation.
- Schön, P. C., Hamel, K., Puppe, B., Tuchscherer, A., Kanitz, W. und G. Manteuffel (2007): Altered Vocalization Rate During the Estrous Cycle in Dairy Cattle. *J. Dairy Sci.* 90 (1): 202-206.
- Schröder, U. J. und R. Staufenbiel (2006): Invited Review: Methods to Determine Body Fat Reserves in the Dairy Cow with Special Regard to Ultrasonographic Measurement of Backfat Thickness. *J. Dairy Sci.* 89 (1): 1-14.
- Schutz, M. M., Hansen, L. B., Steuernagel, G. R. und A. L. Kuck (1990): Variation of Milk, Fat, Protein, and Somatic Cells for Dairy Cattle. *J. Dairy Sci.* 73 (2): 484-493.
- Seeland, G. und C. Henze (2003): Beziehungen zwischen Milchleistung und Fruchtbarkeit in einer Schwarzbuntpopulation nach intensiver Steigerung der Milchleistung. *Arch. Tierz., Dummerstorf* 46 (2): 103-112.
- Short, T. H., Blake, R. W., Quaas, R. L. und L. D. Vanvleck (1990): Heterogeneous within-Herd Variance .1. Genetic-Parameters for 1st and 2nd Lactation Milk Yields of Grade Holstein Cows. *J. Dairy Sci.* 73 (11): 3312-3320.
- Simianer, H., Solbu, H. und L. R. Schaeffer (1991): Estimated Genetic Correlations Between Disease and Yield Traits in Dairy Cattle. *J. Dairy Sci.* 74 (12): 4358-4365.
- Swalve, H. H. (1989): Alternative Zuchtprogramme. Was können sie bieten, und wo liegen ihre Grenzen? *Tierzüchter* 41: 59 - 62.
- Swalve, H. H. und A. Döpke (1994): Ursachen extremer Intraherdenvarianzen in Daten aus der Milchleistungsprüfung. Proc. 2. Symp. des Inst. f. Tierzucht und Tierhaltung mit Tierklinik der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle, 8.-9. Dezember.
- Swalve, H. H. (1995): Test day models in their analysis of dairy production data - a review. *Arch. Tierz., Dummerstorf* 38 (6): 591-612.
- Swalve, H. H. (1998): Use of test day records for genetic evaluation. 23th World congress on genetic applied to livestock production. 295-302. 11.-16. Januar, Armidale, Australien.

- Swalve, H. H. (2000): Theoretical Basis and Computational Methods for Different Test-Day Genetic Evaluation Methods. *J. Dairy Sci.* 83 (5): 1115-1124.
- Swalve, H. H. und G. Dietl (2001): Varianzkomponentenschätzung bei Holstein-Friesian und die Auswirkungen der Heterogenität. Sitzung des Genetisch-Statistischen Ausschuss der DGfZ, Mariensee, 8.-10. Oktober.
- Swalve, H.H., G. Dietl, I. Raeder, V. Schulze und N. Reinsch (2001): Ergebnisse zum Projekt Varianzkomponentenschätzung beim Holstein Rind in Deutschland. Sitzung des Genetisch-Statistischen Ausschuss der DGfZ, Graal-Müritz, 26.-28. März.
- Swalve, H.H. (2002): Aktuelle Aspekte der Rinder- und Pferdezeit. *Archiv für Tierzucht Dummerstorf* 45 (2002): 5 – 19, Sonderheft.
- Swalve, H. H. (2004): Biotechnik und Molekulargenetik revolutionieren die Zuchtprogramme in der Rinderzucht. Herausforderungen für die Gestaltung der Rinderzucht von Morgen. Internationaler Rindertag. Leipzig. 4. März.
- Swalve, H. H., Pijl, R., Bethge, M., Rosner, F. und M. Wensch-Dorendorf (2005): Analysis of genetic and environmental effects on claw disorders diagnosed at hoof trimming. 56th Annual Meeting of the EAAP, Book of Abstracts No. 11, Session 5, Poster 22. Uppsala, Schweden. 5. - 8. Juni.
- Swalve, H. H. (2006): Testherden in der Nachkommenschaftsprüfung von Bullen. 4. Rinderworkshop. Uelzen. 14./15. Februar.
- Swalve, H. H. und S. König (2007): Testherden in Zuchtprogrammen für Milchrinder, 1. Mitteilung: Allgemeine Überlegungen. *Züchtungskunde* 79 (4): 249-262.
- Swalve, H. H. (2007): Wie stark beeinflusst das Exterieur die Nutzungsdauer? *Milchrind* 16 (2): 26-30.
- Thompson, R. und K. Meyer (1986): A review of theoretical aspects in the estimation of breeding values for multi-trait selection. *Livest. Prod. Sci.* 15 (4): 299-313.
- Tier, B. (1990): Computing inbreeding coefficients quickly. *Genet. Sel. Evol.* 22: 419-430.
- van Tassell, C. P., Wiggans, G. R. und H. D. Norman (1999): Method R Estimates of Heritability for Milk, Fat, and Protein Yields of United States Dairy Cattle. *J. Dairy Sci.* 82 (10): 2231-2237.
- Van Vleck, L. D. (1963): Genotype and environment in sire evaluation. *J. Dairy Sci.* 46: 983-987.
- Van Vleck, L. D. (1987): Contemporary groups for genetic evaluations. *J. Dairy Sci.* 70: 2456-2464.
- Veerkamp, R. F., Oldenbroek, J. K., Van Der Gaast, H. J. und J. H. J. V. D. Werf (2000): Genetic Correlation Between Days Until Start of Luteal Activity and Milk Yield, Energy Balance, and Live Weights. *J. Dairy Sci.* 83 (3): 577-583.

- Vierhout, C. N., Cassell, B. G. und R. E. Pearson (1999): Comparisons of Cows and Herds in Two Progeny Testing Programs and Two Corresponding States. *J. Dairy Sci.* 82 (4): 822-828.
- Vinson, W. E. (1987): Potential Bias in Genetic Evaluations from Differences in Variation within Herds. *J. Dairy Sci.* 70 (11): 2450-2455.
- Visscher, P. M., Thompson, R. 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 (4): 273-290.
- Visscher, P. M., Woolliams, J. A., Smith, D. und J. L. Williams (2002): Estimation of pedigree errors in the UK dairy population using microsatellite markers and the impact on selection. *J. Dairy Sci.* 85 (9): 2368-2375.
- VIT (2007): netrind. <http://www.vit.de/netrind.html>, 03.09.2007.
- VIT (2007): Beschreibung der Zuchtwertschätzung für Milchleistungsmerkmale, Zellzahl, Exterieurmerkmale, Nutzungsdauer und Zuchtleistungsmerkmale. <http://www.vit.de/>, 29.06.07.
- von Lengerken, G. und R.-D. Fahr (2003): Handbuch Milcherzeugung. Grundlagen - Prozesse - Qualitätssicherung. Edition Agrar, Frankfurt am Main.
- Vukasinovic, N., Moll, J. und L. Casanova (2001): Implementation of a Routine Genetic Evaluation for Longevity Based on Survival Analysis Techniques in Dairy Cattle Populations in Switzerland. *J. Dairy Sci.* 84 (9): 2073-2080.
- Wathes, D. C., Bourne, N., Cheng, Z., Mann, G. E., Taylor, V. J. und M. P. Coffey (2007): Multiple Correlation Analyses of Metabolic and Endocrine Profiles with Fertility in Primiparous and Multiparous Cows. *J. Dairy Sci.* 90 (3): 1310-1325.
- Weigel, K. A., Gianola, D., Yandell, B. S. und J. F. Keown (1993): Identification of Factors Causing Heterogeneous within-Herd Variance-Components Using a Structural Model for Variances. *J. Dairy Sci.* 76 (5): 1466-1478.
- Weigel, K. A. und R. Rekaya (2000): A Multiple-Trait Herd Cluster Model for International Dairy Sire Evaluation. *J. Dairy Sci.* 83 (4): 815-821.
- Weigel, K. A. und N. R. Zwald (2002): Extent and Benefits of Multi-Country Progeny Testing of Young Dairy Sires. *J. Dairy Sci.* 85 (5): 1339-1344.
- Weller, J. I., Feldmesser, E., Golik, M., Tager-Cohen, I., Domochofsky, R., Alus, O., Ezra, E. und M. Ron (2004): Factors Affecting Incorrect Paternity Assignment in the Israeli Holstein Population. *J. Dairy Sci.* 87 (8): 2627-2640.
- Wensch-Dorendorf, M. (2004): Persönliche Mitteilung.
- Wensch-Dorendorf, M. (2006): Persönliche Mitteilung.
- Westell, R. A., Quaas, R. L. und L. D. Vanvleck (1988): Genetic Groups in an Animal-Model. *J. Dairy Sci.* 71 (5): 1310-1318.

- Wiggans, G. R. und P. M. VanRaden (1991): Method and Effect of Adjustment for Heterogeneous Variance. *J. Dairy Sci.* 74 (12): 4350-4357.
- Wiggans, G. R., VanRaden, P. M. und J. C. Philpot (2003): Technical Note: Detection and Adjustment of Abnormal Test-Day Yields. *J. Dairy Sci.* 86 (8): 2721-2724.
- Willam, A., Egger-Danner, C., Sölkner, J. und E. Gierzinger (2002): Optimization of progeny testing schemes when functional traits play an important role in the total merit index. *Livest. Prod. Sci.* 77 (2-3): 217-225.
- Windig, J. J., Calus, M. P. L. und R. F. Veerkamp (2005): Influence of Herd Environment on Health and Fertility and Their Relationship with Milk Production. *J. Dairy Sci.* 88 (1): 335-347.
- Xu, Z. Z., McKnight, D. J., Vishwanath, R., Pitt, C. J. und L. J. Burton (1998): Estrus detection using radiotelemetry or Visual observation and tail painting for dairy cows on pasture. *J. Dairy Sci.* 81 (11): 2890-2896.
- Zieger, P. (2004): Brunsterkennung optimieren. *Milchrind* 2: 48-50.
- Zwald, N. R., Weigel, K. A., Fikse, W. F. und R. Rekaya (2003): Identification of Factors That Cause Genotype by Environment Interaction Between Herds of Holstein Cattle in Seventeen Countries. *J. Dairy Sci.* 86 (3): 1009-1018.
- Zwald, N. R., Weigel, K. A. und T. J. Lawlor, Jr. (2005): Genetic Parameters for Conformation Traits in Herds that Differ in Mean Final Score and Completeness of Pedigree and Performance Data. *J. Dairy Sci.* 88 (1): 386-391.

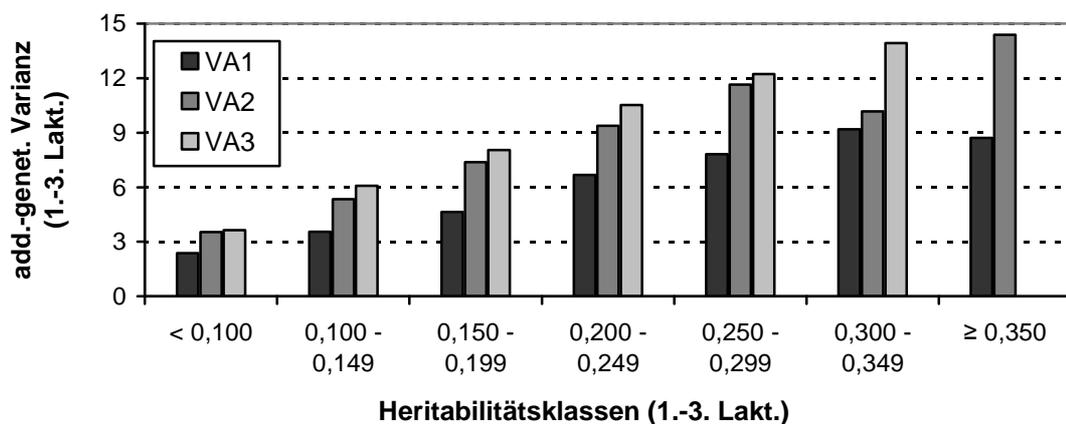
11. Anhang

Tabelle A 1: h^2 -Schätzung für die 100 größten Betriebe (1. Laktation)

Gesamt-Nr.	Verband	Anzahl Tiere	Anzahl Testtage	Heritabilität	Standardfehler
1	5	2764	42810	0,375	0,022
2	6	2374	38426	0,356	∅.
3	5	2323	30134	0,353	0,040
4	6	1442	20979	0,350	∅.
5	6	6311	90028	0,334	0,014
6	6	2777	40440	0,331	∅.
7	5	5202	86510	0,321	0,017
8	5	3190	45068	0,311	∅.
9	6	2436	38791	0,308	∅.
10	6	2526	43479	0,292	0,027
11	5	4165	71300	0,291	0,011
12	5	2171	30001	0,290	∅.
13	5	3293	51737	0,288	0,022
14	6	3722	57954	0,288	0,024
15	6	2146	34891	0,287	∅.
16	6	3605	59340	0,273	0,021
17	5	11826	195936	0,272	0,011
18	5	1778	28655	0,266	∅.
19	6	7819	121879	0,264	0,013
20	5	2677	45139	0,263	∅.
21	5	1115	7148	0,250	0,076
22	6	2043	28936	0,249	∅.
23	6	3442	54553	0,244	∅.
24	5	3144	40730	0,242	∅.
25	5	2496	36125	0,241	0,030
26	5	3756	51410	0,241	∅.
27	6	2036	34394	0,239	∅.
28	6	4431	65861	0,237	0,017
29	6	2413	34367	0,234	∅.
30	5	2005	33335	0,234	∅.
31	5	2532	39415	0,230	0,026
32	5	1876	29811	0,229	∅.
33	6	4995	74580	0,227	0,016
34	5	2481	34240	0,225	∅.
35	6	2455	42435	0,225	∅.
36	6	4340	64531	0,225	0,019

Gesamt-Nr.	Verband	Anzahl Tiere	Anzahl Testtage	Heritabilität	Standardfehler
37	5	2725	45098	0,225	∕.
38	6	2470	39580	0,223	∕.
39	5	5885	95703	0,216	0,016
40	5	2338	35842	0,214	0,023
41	6	5492	77581	0,213	0,016
42	6	4729	70996	0,211	0,018
43	6	2161	35111	0,209	0,031
44	5	2221	32305	0,207	0,031
45	5	1939	27200	0,206	∕.
46	6	3173	49237	0,201	∕.
47	6	4022	68726	0,201	0,017
48	5	3304	49044	0,199	0,021
49	6	1714	29615	0,198	∕.
50	6	15083	232279	0,197	0,010
51	5	2802	40963	0,197	∕.
52	6	3845	63890	0,196	0,020
53	6	4284	69664	0,191	∕.
54	6	1913	32719	0,190	∕.
55	5	2252	35184	0,188	0,024
56	5	4862	74140	0,188	0,018
57	22	5341	80408	0,187	0,017
58	5	2280	37638	0,186	∕.
59	6	2841	42784	0,182	0,019
60	5	2087	32612	0,182	0,023
61	6	2809	43259	0,181	∕.
62	6	5795	87865	0,181	∕.
63	6	2078	33710	0,180	0,026
64	6	1927	26590	0,177	0,022
65	6	2646	40478	0,175	∕.
66	6	2576	42742	0,173	∕.
67	5	1643	28196	0,166	0,025
68	5	3023	46691	0,165	0,022
69	6	5122	86240	0,165	0,015
70	6	4815	75219	0,158	∕.
71	6	2312	39252	0,156	∕.
72	6	3302	55220	0,152	∕.
73	5	3223	46921	0,148	0,019
74	5	2270	31780	0,148	∕.
75	5	4143	68907	0,146	∕.
76	6	3078	48722	0,144	0,017

Gesamt-Nr.	Verband	Anzahl Tiere	Anzahl Testtage	Heritabilität	Standardfehler
77	5	5853	88883	0,134	∅
78	23	3028	43438	0,133	∅
79	6	3950	63853	0,131	0,016
80	5	6243	82697	0,131	0,015
81	6	2094	33610	0,129	∅
82	6	2420	40558	0,127	∅
83	6	5895	90189	0,127	0,013
84	5	4237	72162	0,127	0,016
85	5	2703	36973	0,126	∅
86	5	2115	28709	0,126	∅
87	5	3549	47040	0,125	0,021
88	6	2338	37166	0,125	∅
89	6	3702	46803	0,124	0,021
90	5	4328	64023	0,122	0,016
91	6	2273	36478	0,109	∅
92	6	1986	28380	0,107	∅
93	5	2166	36632	0,102	∅
94	22	2971	45301	0,099	∅
95	6	1992	33914	0,097	0,019
96	6	1883	28838	0,088	0,022
97	6	4465	63656	0,078	0,012
98	5	2368	38049	0,064	0,019
99	6	3304	52264	0,062	∅
100	5	2750	32316	0,041	∅



	< 0,100	0,100 - 0,149	0,150 - 0,199	0,200 - 0,249	0,250 - 0,299	0,300 - 0,349	≥ 0,350
n Betr. (1. Lakt.)	7	21	25	26	12	5	4
n Betr. (2. Lakt.)	10	28	33	20	6	2	1
n Betr. (3. Lakt.)	11	44	20	17	5	3	

Abbildung A 1: Additiv-genetische Varianz für die Milchleistung (Testtagsleistung, 1., 2. und 3. Laktation)

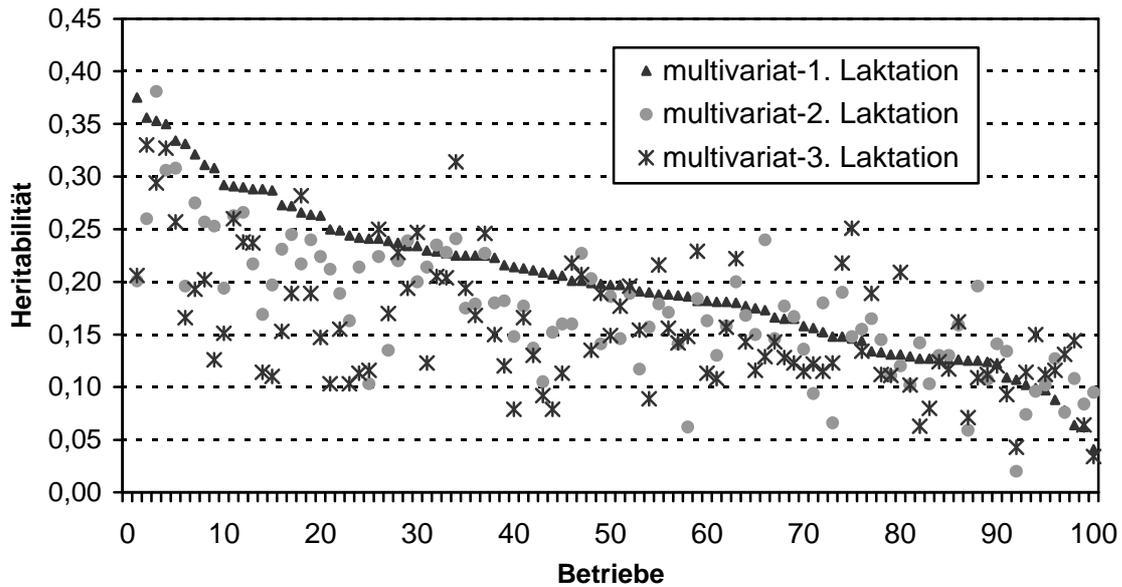


Abbildung A 2: Heritabilitäten für die Testtagsleistungen (Merkmal Milch-kg) der 1., 2. und 3. Laktation aus der multivariaten Schätzung, absteigend sortiert nach der Heritabilität der 1. Laktation

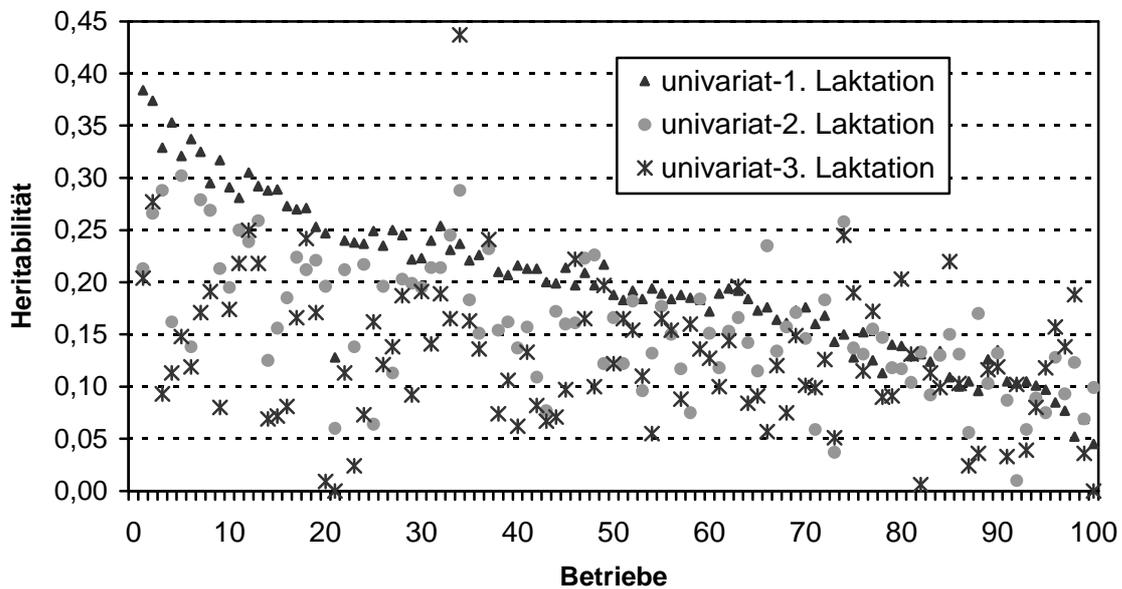


Abbildung A 3: Heritabilitäten für die Testtagsleistungen (Merkmal Milch-kg) der 1., 2. und 3. Laktation aus der univariaten Schätzung, absteigend sortiert nach der Heritabilität der 1. Laktation (multivariat)

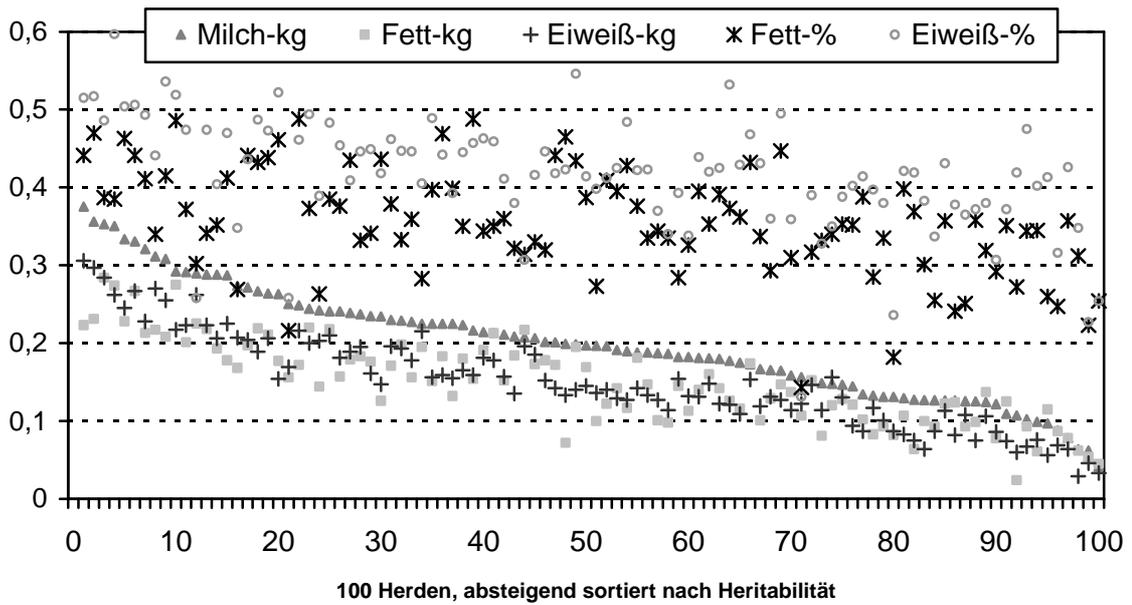


Abbildung A 4: Heritabilitäten für die Testtagsleistungen (1. Laktation) der Merkmale Milch-, Fett- und Eiweiß-kg sowie Fett- und Eiweiß-% aus der multivariaten Schätzung, absteigend sortiert nach der Heritabilität für Milch-kg

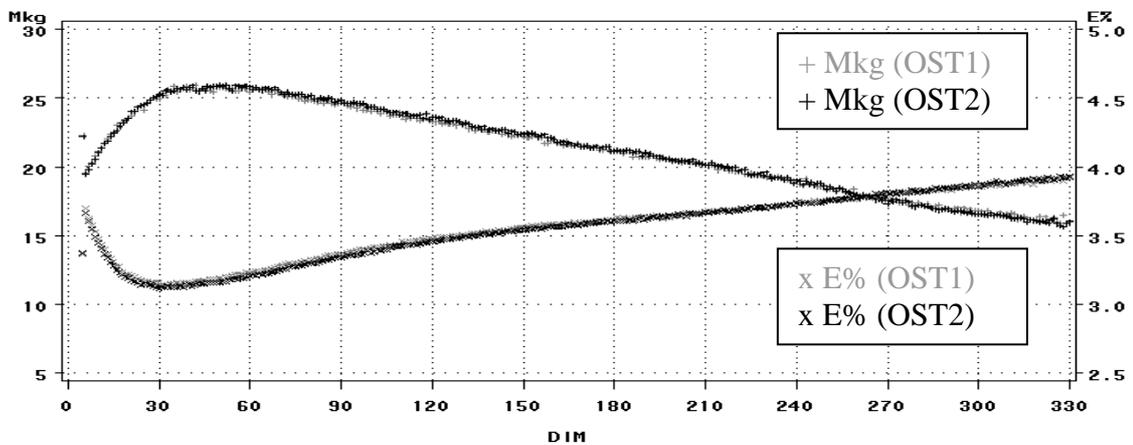


Abbildung A 5: Mittlere Testtagsleistungen für Milch-kg und Eiweiß-% über alle Betriebe an einzelnen Laktationstagen

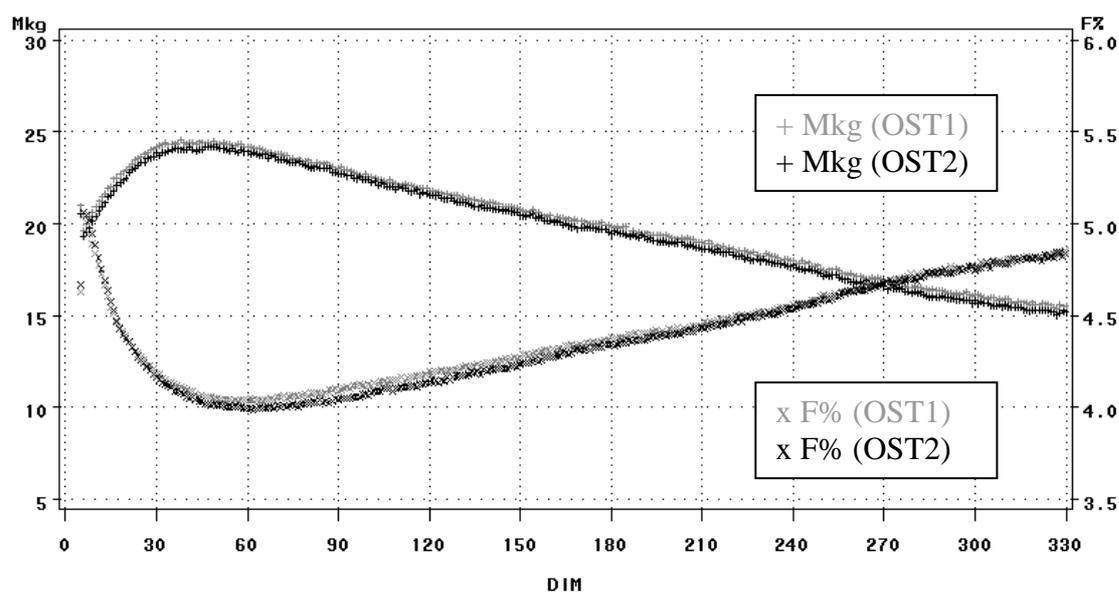


Abbildung A 6: Mittlere Testtagsleistungen für Milch-kg und Fett-% über alle Betriebe im Gesamtmaterial an einzelnen Laktationstagen

Tabelle A 2: Bandbreite der Korrelationen zwischen den Testtags- (3. Testtag oder alle Testtage einer Kuh) und Laktationsleistungen für Milch-, Fett- und Eiweißmenge sowie Fett- und Eiweißgehalt in den 100 Betrieben

		Milch-kg *		Milch-kg *		Milch-kg *		Milch-kg *	
		Fett-kg		Eiweiß-kg		Fett-%		Eiweiß-%	
		Min.	Max.	Min.	Max.	Min.	Max.	Min.	Max.
3.TT- Leistg.	1. Lakt.	0,47	0,87	0,92	0,97	-0,60	-0,23	-0,56	-0,01 ¹
	2. Lakt.	0,48	0,85	0,92	0,97	-0,62	-0,24	-0,59	-0,13
	3. Lakt.	0,47	0,86	0,91	0,97	-0,58	-0,12	-0,65	-0,12
\bar{x} - 1.-12.TT- Leistg.	1. Lakt.	0,62	0,89	0,92	0,97	-0,62	-0,29	-0,62	-0,29
	2. Lakt.	0,65	0,90	0,93	0,97	-0,60	-0,24	-0,70	-0,43
	3. Lakt.	0,64	0,90	0,93	0,97	-0,58	-0,17	-0,70	-0,38
305- Tage- Leistg.	1. Lakt.	0,61	0,91	0,94	0,98	-0,68	-0,27	-0,65	-0,05 ³
	2. Lakt.	0,49	0,91	0,90	0,98	-0,68	-0,22	-0,65	-0,12
	3. Lakt.	0,45	0,92	0,91	0,98	-0,67	-0,06 ²	-0,68	-0,11

Signifikanz → ***, ¹ bis max. -0,060 sign., ² bis max. -0,124 sign., ³ bis max. -0,065 sign.

Tabelle A 3: Ausgewählte Betriebe mit hohen σ_{pe}^2 oder niedrigen h^2 - betriebliche Kennzahlen

Betrieb	21	22	39	44	87	90	99	100	Ø
%BW (1. Lakt.)	55,1	0	1,4	2,0	0,1	0	0	6,4	2,1
%Rbt	0	1,0	1,3	1,8	0,3	0,4	0,1	3,1	0,5
1. Lakt.%	45,6	29,9	30,8	38,3	29,9	36,5	25,8	36,1	32,1
2. Lakt.%	27,2	4,8	1,3	2,8	8,5	1,7	6,3	12,6	2,6
3. Lakt.%	14,7	6,2	9,2	1,1	11,2	5,6	3,5	6,5	5,6
\bar{x} -ZW _{Mkg} *	790,4	717,8	577,9	393,1	374,5	232,6	386,8	583,7	471,9
\bar{x} -ZW _{Mkg}	376,7	-9,5	-6,3	-102,9	88,8	-256,6	-243,1	-78,2	-108,6
σ -ZW _{Mkg} *	362,9	602	725,7	625,5	701	635	573,4	633,9	644,2
σ -ZW _{Mkg}	530,3	769,8	767,8	619,3	662,2	551,8	630	655,2	661,2
unbek. Vater %	0,3	38,8	2,3	7,2	7,0	2,3	28,6	20,7	8,7
Mkg 1 (3. TT)	32,0	28,6	28,1	22,2	24,9	22,9	25,0	24,0	24,6
Mkg 2 (3. TT)	38,1	33,7	33,2	27,5	28,1	26,9	27,1	28,8	29,3
Mkg 3 (3. TT)	38,8	34,6	33,7	28,5	29,1	27,6	27,7	29,3	29,9
EKA	27,1	27,6	26,9	31,6	26,9	29,1	30,1	28,7	28,6
Güte1 (%)	5,8	47,6	20,8	-5,5	33,3	37,7	39,7	35,3	40,9
Güte2 (%)	30,8	57,4	50,7	33,5	39,4	50,2	44,8	48,6	52,6
Güte3 (%)	20,2	53,0	50,3	24,7	32,2	47,0	33,4	53,3	49,8

*Vater

Tabelle A 4: Betriebe, die mit 2 Abrechnungseinheiten in den TOP 100 vertreten sind - betriebliche Kennzahlen

Betrieb	21	48	67	87	Ø
% Abwanderer	36,3	8,4	11,3	0,1	2,3
% Zuwanderer	12,4	16,7	0,3	5,1	1,3
% Rbt	0	0,1	0,5	0,3	0,5
\bar{x} -ZW _{Mkg} (Vater)	790,4	-44,2	322,1	374,5	471,6
\bar{x} -ZW _{Mkg}	376,7	-506,4	30,8	88,8	-108,5
σ -ZW _{Mkg} (Vater)	447,4	677,4	582,9	701,0	644,2
σ -ZW _{Mkg}	547,4	501,5	566,8	662,2	661,2
unbek. Vater %	0,7	3,4	7,7	7,0	8,7
unbek. Mutter %	0,1	2,1	4,9	6,2	7,0
\bar{x} - Mkg 1 (3. TT)	32,0	21,9	25,5	24,9	24,6
\bar{x} - Mkg 2 (3. TT)	38,1	25,4	31,8	28,1	29,3
\bar{x} - Mkg 3 (3. TT)	38,8	26,4	33,0	29,1	29,9
EKA	27,1	28,5	28,4	26,9	28,6
Inz. Leist.-Tiere	1,5	0,4	1,4	1,8	0,9

Selbständigkeitserklärung

Hiermit erkläre ich an Eides statt, dass ich die vorliegende Dissertation selbstständig und nur unter Verwendung der angegebenen Literatur und Hilfsmittel angefertigt habe.

Halle, 20.05.2008

Kerstin Brügemann

Lebenslauf

Persönliche Daten:

- geboren am 21.06.1980 in Grimma
- verheiratet, eine Tochter

Ausbildung und zusätzliche Qualifikationen:

- 09/92-07/99: Gymnasium Sankt Augustin zu Grimma, Abschluss: Abitur (Hauptfächer: Mathematik und Biologie)
- 10/99-02/04: Studium der Agrarwissenschaften an der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Abschluss: Diplom (Studienrichtung Nutztierwissenschaften)
- 05/03: Praktikantenprüfung - Beruf Landwirtin
- 08/03: Ausbildereignungsprüfung
- 02/04: Diplomarbeit zum Thema „Untersuchungen zum Einsatz von Bullen und zur Auswahl von Bullenmüttern in einem kooperativen Zuchtprogramm“

Praktika:

- 08/99: Rinderfarm GmbH Beiersdorf (Melken, Pflanzenschutz)
- 03/00-04/00: BioChem agrar in Cunnersdorf (Versuchsfeldpflege, Bonitur, Insektenzucht)
- 07/00-10/00: Kupfer GbR Neichen (Milchvieh und Ackerbau)
- 03/01: Eberstation in Grimma (Labortätigkeit)
- 08/01-10/01: Agrarunternehmen Burkartshain e.G. (Milchvieh, Ferkelerzeugung und Ackerbau)
- 08/02-10/02: Staatliches Amt für Landwirtschaft Wurzen (Aufnahme von Hochwasserschäden, Betriebsbesuche)
- 02/03: Leicoma PIG Zucht GmbH Polkenberg (Ferkelerzeugung)

Wissenschaftliche Tätigkeiten:

- 11/01-10/02: Durchführung eines Projektes zur Beurteilung von Tiergerechtigkeit in Schweinehaltungssystemen anhand Kritischer Kontrollpunkte (CCP) bei Prof. E. von Borell
- seit 02/04: wissenschaftlicher Mitarbeiter an der Professur für Tierzucht (Prof. H. H. Swalve)