



LfL

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft

**Schätzung quantitativ-genetischer
Parameter und Optimierung
des Zuchtprogramms
für das bayerische Piétrainschwein**



Schriftenreihe

2

2006

ISSN 1611-4159

Impressum:

Herausgeber: Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL)
Vöttinger Straße 38, 85354 Freising-Weihenstephan
Internet: <http://www.LfL.bayern.de>

Redaktion: Institut für Tierzucht
Prof. Dürrwaechter-Platz 1, 85586 Poing-Grub
E-Mail: Tierzucht@LfL.bayern.de
Tel.: 089/99141-101

1.Auflage Februar / 2006

Druck: Direkt Marketing & Digitaldruck, 85356 Freising / Attaching

© LfL

Department für Tierwissenschaften
Professur für Biometrische Methoden in der Tierzucht
der Technischen Universität München

Schätzung quantitativ-genetischer Parameter und Optimierung des Zuchtprogramms für das bayerische Piétrainschwein

David Habier

Vollständiger Abdruck der von der Fakultät Wissenschaftszentrum Weihenstephan für
Ernährung, Landnutzung und Umwelt der Technischen Universität München zur Erlangung
des akademischen Grades eines

Doktors der Agrarwissenschaften (Dr. agr.)

genehmigten Dissertation.

Vorsitzender: Univ.-Prof. Dr. med. vet., Dr. med. vet. habil. Johann Bauer

Prüfer der Dissertation: 1. Univ.-Prof. Dr. sc. agr., Dr. agr. habil. Leo Dempfle

2. Univ.-Prof. Dr. agr. habil. Henner Simianer,

Georg-August-Universität Göttingen

Die Dissertation wurde am 28.10.2005 bei der Technischen Universität München eingereicht
und durch die Fakultät Wissenschaftszentrum Weihenstephan für Ernährung, Landnutzung und
Umwelt am 11.01.2006 angenommen.

Inhaltsverzeichnis

Einleitung	1
1 Literaturüberblick	3
1.1 Ökonomische Gewichte	3
1.2 Beziehung zwischen Reinzucht- und Kreuzung	4
1.3 Genotyp-Umwelt-Interaktionen	4
1.4 Optimierung des Zuchtprogramms	5
2 Ökonomische Gewichte	7
2.1 Material und Methoden	7
2.1.1 Magerfleischanteil	9
2.1.2 Tägliche Zunahmen	9
2.1.3 Futterverwertung	10
2.1.4 Fleischbeschaffenheitsmerkmale	10
2.2 Ergebnisse	11
2.2.1 Magerfleischanteil	11
2.2.2 Mastleistungsmerkmale	12
2.2.3 Intramuskulärer Fettgehalt	13
2.2.4 pH-Wert	14
2.2.5 Zusammenfassung der Ergebnisse	15
2.3 Diskussion	15
3 Beziehung zwischen Reinzucht- und Kreuzungszuchtwert	19
4 Reinzucht- und Kreuzungsparameter	25
4.1 Material und Methoden	26
4.1.1 Material	26
4.1.2 Modellierung der Reinzuchtleistung	28
4.1.3 Modellierung der Kreuzungsleistung	30
4.1.4 Varianz am Halothan-Locus	32
4.1.5 Informativer Wert eines Reinzuchtieres	33
4.2 Ergebnisse	34
4.2.1 Additiv-genetische Varianz am Halothan-Locus	36
4.2.2 Informativer Wert eines Reinzuchtieres	38
4.3 Diskussion der Ergebnisse	39

5	Parameter für Leistungen in Großgruppen	47
5.1	Material und Methoden	47
5.1.1	Material	47
5.1.2	Modell für Mastleistungsmerkmale in Großgruppen	48
5.1.3	Modell für Schlachtleistungs- und Fleischbeschaffenheitsmerkmale in Großgruppen	50
5.1.4	Ergebnisse	50
5.1.5	Diskussion der Ergebnisse	51
6	Optimierung des Zuchtprogramms	57
6.1	Aktuelle Situation	57
6.1.1	Populationsstruktur	57
6.1.2	Idealisierte Zuchtpraxis und Leistungsprüfung	58
6.1.3	Realisierter Zuchtfortschritt	62
6.1.4	Effektive Populationsgröße	62
6.2	Modellkalkulationen	66
6.2.1	Methodik	66
6.2.2	Ergebnisse	79
6.2.3	Diskussion der Modellierung	86
6.3	Monte Carlo Simulation	87
6.3.1	Simulationsprogramm	87
6.3.2	Auswertungsdesign	89
6.3.3	Ergebnisse	90
7	Allgemeine Diskussion	97
	Zusammenfassung	115
A	Zuchtwertschätzmodelle in den Modellkalkulationen	117
B	Verwendete Populationsparameter in den Simulationsstudien	123
	Literaturverzeichnis	139

Tabellenverzeichnis

2.1	Mittelwert und phänotypische Standardabweichung von Leistungsmerkmalen der bayerischen Kreuzungspopulation	9
2.2	Erlöseinbußen in Abhängigkeit des intramuskulären Fettgehaltes in Euro	11
2.3	Erlöseinbußen in Abhängigkeit des pH ₁ und pH ₂₄ in Euro	11
2.4	Ökonomische Gewichte (λ) bezogen auf ein Mastschwein, natürlicher Zuchtfortschritt ($\Delta G/\Delta t$) und ökonomischer Zuchtfortschritt ($\Delta H/\Delta t$, Euro) pro Jahr bei Selektion auf nur ein Merkmal sowie realisierter Fortschritt bei Nichtberücksichtigung dieses Merkmals im Zuchtziel in % ($\Delta H^*/\Delta t$, %)	15
3.1	Genotypwerte und Genotypfrequenzen in der Kreuzungspopulation	19
3.2	Ableitung des Durchschnittseffektes α_{r_i} für Reinzuchtleistung bei zufälliger Anpaarung von Ebern der Vaterlinie an Sauen der Vaterlinie zur Erzeugung von Reinzuchttieren	20
3.3	Ableitung des Durchschnittseffektes α_{k_i} für Kreuzungsleistung bei zufälliger Anpaarung von Ebern der Vaterlinie an Sauen der Mutterlinie zur Erzeugung von Kreuzungsnachkommen	20
3.4	Ableitung des Durchschnittseffektes β_{k_i} für Kreuzungsleistung bei zufälliger Anpaarung von Sauen der Mutterlinie an Eber der Vaterlinie zur Erzeugung von Kreuzungstieren	20
3.5	Zuchtwerte von Ebern der Vaterlinie für Reinzucht- und Kreuzungsleistung, A_{s_r} bzw. A_{s_k} , sowie Zuchtwerte von Sauen der Mutterlinie für Kreuzungsleistung A_{d_k}	21
3.6	Additiv-genetische Varianzen für Reinzucht- und Kreuzungsleistung in der Vaterlinie, $\sigma_{A_{s_r}}^2$ bzw. $\sigma_{A_{s_k}}^2$, additiv-genetische Varianz für Kreuzungsleistung in der Mutterlinie $\sigma_{A_{d_k}}^2$, sowie die genetische Korrelation zwischen Reinzucht- und Kreuzungsleistung in der Vaterlinie $\rho_{A_{s_r} A_{s_k}}$. Die Allelfrequenzen in der Vater- und Mutterlinie betragen $p_s = 0,4$ bzw. $p_d = 0,7$, bei einem Genotypwert $a=10$	22
4.1	Verteilung der Prüftiere auf die Reinzucht- und Kreuzungsprüfung, die Leistungsprüfstationen in Bayern und weitere Kennzahlen zur Datenstruktur	26
4.2	Mittelwerte ($\hat{\mu}$) und Standardabweichungen ($\hat{\sigma}_p$) für Reinzuchtleistung	27
4.3	Mittelwerte ($\hat{\mu}$) und Standardabweichungen ($\hat{\sigma}_p$) für Kreuzungsleistung	27
4.4	Geschätzte Regressionskoeffizienten für das Mastendgewicht von Mastleistungs- und Schlachtkörpermerkmalen von Reinzucht- und Kreuzungstieren	29
4.5	VCE-Log-Likelihood-Werte des vollständigen und um den Betriebseffekt reduzierten Modells, Testgröße, Signifikanzniveau und Anteil der Betriebsvarianz an der Gesamtvarianz (b^2) für Kreuzungsmerkmale	32
4.6	Populationsparameter für Reinzuchtleistung auf Station	34
4.7	Populationsparameter für Kreuzungsleistung auf Station	35

4.8	Genetische und phänotypische Korrelationen (obere bzw. untere Dreiecksmatrix), Heritabilitäten (Diagonale) sowie c^2 -Effekte von Mast-, Schlacht- und Fleischbeschaffenheitsmerkmalen für Reinzuchtleistung auf Station (Gesamtdatensatz)	36
4.9	Genetische und phänotypische Korrelationen (obere bzw. untere Dreiecksmatrix), Heritabilitäten (Diagonale) sowie c^2 -Effekte von Mast-, Schlacht- und Fleischbeschaffenheitsmerkmalen für Kreuzungsleistung auf Station (Gesamtdatensatz)	36
4.10	Genetische Korrelationen von Mast-, Schlacht- und Fleischbeschaffenheitsmerkmalen auf Station für Reinzucht- und Kreuzungsleistung (Gesamtdatensatz) . .	37
4.11	Genotypdifferenzen, additiv-genetische Varianz des gesamten polygenen Zuchtwertes (σ_A^2), additiv-genetische Varianz am Hal-Locus (σ_{Hal}^2) bei einer Allelfrequenz von 0,5, Anteil von σ_{Hal}^2 an σ_A^2 in Prozent sowie Heritabilität nach der Korrektur von σ_{Hal}^2 für Mastleistungs-, Schlachtkörper- und Fleischbeschaffenheitsmerkmale von Reinzuchttieren	38
4.12	Anzahl Kreuzungsnachkommen, welche dieselbe Genauigkeit in der Schätzung des Kreuzungszuchtwertes erzielen, wie n_R unabhängige Reinzuchttiere (Prüfgruppen)	38
5.1	Verteilung der Prüftiere auf die beiden Haltungsverfahren und auf die Leistungsprüfstationen sowie weitere Kennzahlen zur Datenstruktur	48
5.2	Mittelwert ($\hat{\mu}$) und Standardabweichung ($\hat{\sigma}_p$) für Kreuzungsleistungen aus 2er-Buchten (n=13980) und Großbuchten (n=3454)	49
5.3	Geschätzte Populationsparameter für Leistungen von Kreuzungstieren in Großbuchten mit Abrufstation	51
5.4	Genetische und phänotypische Korrelationen (obere bzw. untere Dreiecksmatrix), Heritabilitäten (Diagonale) sowie c^2 -Effekte von Leistungsmerkmalen der Kreuzungsnachkommen in Großbuchten (Gesamtdatensatz)	52
5.5	Genetische Korrelationen zwischen Leistungsmerkmalen von Kreuzungstieren in 2er-Buchten und Großbuchten mit Abrufstation (Gesamtdatensatz)	52
6.1	Aktuelle Verteilung der Piétrainsauen auf Betriebsgrößenklassen im Januar 2005 sowie Anteil verkaufter KB- bzw. Natursprungeber	58
6.2	Idealisierte Zuchtpraxis bei der Vatterassen Piétrain in Bayern	60
6.3	Prozentualer Anteil nachkommengeprüfter Eber und Sauen, die zur nächsten Generation beitragen sowie die durchschnittliche Anzahl Sauen, die an Natursprung- bzw. KB-Eber angepaart werden. In Klammern steht die mittlere Zahl der jährlich geprüften Kandidaten aus den Geburtsjahrgänge von 1990 bis 1999	61
6.4	Generationsintervalle in Jahren	62
6.5	Genetischer und ökonomisch-genetischer Fortschritt pro Jahr ($\hat{\beta}$) in der bayerischen Piétrain-Population von Kreuzungsmerkmalen von 1990 bis 1999	62
6.6	Effektive Populationsgröße für die Geburtsjahrgänge 1990 bis 1999	63
6.7	Definitionen von Indices, Vektoren und Matrizen	71
6.8	Beispiel für die idealisierte Dreistufenselektion von männlichen und weiblichen Zuchttieren. Dabei sind $\mu_{m_i}(t)$ und $\mu_{f_i}(t)$ das genetische Mittel der i-ten männlichen bzw. weiblichen Kohorte zum Zeitpunkt t (Jahr/Geburtsjahr) und $\Delta H_{i_k j}$ der Zuchtfortschritt im Pfad ij und auf Stufe k	77
6.9	Konstante und variable Designparameter in den Modellkalkulationen	79

6.10	Anzahl der Zuchteber, die je Zyklus selektiert werden, in Abhängigkeit des Sau:Eber-Verhältnisses und der Einsatzlänge in Zyklen	90
6.11	Jährlicher Zuchtfortschritt im Magerfleischanteil in % in Abhängigkeit des Sau:Eber-Verhältnisses und der Einsatzlänge in Zyklen im Nachkommendesign 1 (32 Prüfeber pro Halbjahr)	91
6.12	Jährlicher Zuchtfortschritt im Magerfleischanteil in % in Abhängigkeit des Sau:Eber-Verhältnisses und der Einsatzlänge in Zyklen im Nachkommendesign 2 (32 Prüfeber pro Halbjahr)	91
6.13	Jährlicher Zuchtfortschritt im Magerfleischanteil in % in Abhängigkeit des Sau:Eber-Verhältnisses und der Einsatzlänge im Halbgeschwisterdesign (8 Prüfeber pro Halbjahr)	92
6.14	Jahreseffektive Populationsgröße in den Nachkommendesigns	94
6.15	Ökonomischer Zuchtfortschritt pro Jahr ($\Delta H/\Delta t$) in Euro, Jahreseffektive Populationsgröße und durchschnittliches Generationsintervall in den drei Hauptvarianten	95
7.1	Vorschläge zur Steigerung des jährlichen Zuchtfortschritts	110
7.2	Vorschläge zur Steigerung des jährlichen Zuchtfortschritts (Fortsetzung)	111
B.1	Additiv-genetische Kovarianzmatrix der Eigenleistungsmerkmale im Feld sowie der Reinzucht (R)- und Kreuzungsmerkmale (K) auf Station	124
B.2	Kovarianzmatrix der c^2 -Effekte der Eigenleistungsmerkmale im Feld sowie der Reinzucht (R)- und Kreuzungsmerkmale (K) auf Station	125
B.3	Kovarianzmatrix der Resteffekte der Eigenleistungsmerkmale im Feld sowie der Reinzucht- und Kreuzungsmerkmale auf Station	126

Abbildungsverzeichnis

2.1	Erlös und Grenzerlös je Mastschwein in Euro in Abhängigkeit vom Populationsmittel im Magerfleischanteil ($\sigma_p = 3,33\%$)	12
2.2	Faktorkosten und Grenzkosten je Mastschwein in Euro in Abhängigkeit vom Populationsmittel in den täglichen Zunahmen ($\sigma_p = 90\text{ g/Tag}$)	12
2.3	Wertminderung und Grenzkosten je Mastschwein in Euro in Abhängigkeit vom Populationsmittel im intramuskulären Fettgehalt ($\sigma_p = 0,3\%$)	13
2.4	Wertminderung und Grenzkosten je Mastschwein in Euro in Abhängigkeit vom Populationsmittel im pH ₁ und pH ₂₄ ($\sigma_p = 0,27$ bzw. $\sigma_p = 0,1$)	14
6.1	Inzuchtzuwachs in der bayerischen Piétrain-Population	64
6.2	Informationen eines männlichen Kandidaten auf den drei Selektionsstufen . . .	66
6.3	Genauigkeit (ρ) zwischen den wahren und geschätzten Zuchtwerten von Ebern (links) und Sauen (rechts) in Abhängigkeit des Reinzuchtanteils auf Station und der Anzahl geprüfter Ferkel je Reinzuchtwurf bei 35 Prüfebern pro Halbjahr . .	80
6.4	Zuchtfortschritt pro Generation in den Mutterpfaden ($\Delta H_{f.k.j}$) auf der 2. (links) und 3. (rechts) Selektionsstufe	82
6.5	Zuchtfortschritt pro Jahr in Abhängigkeit des Prüfdesigns, der Anzahl Prüfeber pro Halbjahr, des Reinzuchtanteils auf Station und der Ferkelzahl je Reinzuchtwurf	84
6.6	Ökonomischer Zuchtfortschritt pro Jahr in Abhängigkeit der Anzahl Prüfeber pro Halbjahr und der Anzahl Stammeber bei 20 % Reinzuchtprüfung (links) und 40 % Reinzuchtprüfung (rechts) [NKD ₂ : mehrfarbig, HSD: grau-weiß] . .	85
6.7	Ökonomischer Zuchtfortschritt pro Jahr in Abhängigkeit der Anzahl Prüfeber pro Halbjahr und der Anzahl Stammeber bei 40 % Reinzuchtprüfung, unter Berücksichtigung der Korrelation zwischen den Selektionskriterien verwandter Kandidatentiere [NKD ₂ : mehrfarbig, HSD: grau-weiß]	86
6.8	Idealisierte Zuchtpraxis bei der Vatterasse Piétrain in Bayern	88
6.9	Additiv-genetische Varianz zwischen eingesetzten Ebern (links) und Sauen (rechts) in Prozent des Anfangswertes	93
6.10	Korrelation zwischen dem Gesamtzuchtwert und dem Selektionskriterium auf der 2. (links) bzw. der 3. Stufe (rechts) der Eber	93

Einleitung

Schweinefleisch ist mit einem Verbrauch von 54,9 kg pro Kopf in 2004 die beliebteste Fleischart in Deutschland. Mit großem Abstand folgen das Geflügelfleisch mit 18,4 kg und das Rindfleisch mit 12,8 kg (LfL-Ernährungswirtschaft, 2004). Damit gehört Deutschland nach Spanien, Dänemark und Österreich zu den EU-Ländern mit dem höchsten Pro-Kopf Verbrauch an Schweinefleisch (Weiß, 2004). Dabei ist sowohl der Verbrauch als auch der Verzehr von Schweinefleisch in den letzten zehn Jahren weitgehend stabil geblieben. Mit der Produktion von 44 Mio. Schlachtschweinen pro Jahr wird ein Selbstversorgungsgrad um die 100 % erzielt. Bayern hat mit etwa 5,3 Mio. Schlachtschweinen in 2004 einen Anteil von knapp 12 % an dieser Produktion, erreicht damit aber nur einen Selbstversorgungsgrad von ca. 77 % (StMLF, 2004). Dies ist auf die ökonomisch schlechteren Standortbedingungen zurückzuführen, da durch die Entfernung zu den Importhäfen ein Wettbewerbsnachteil für die bayerische Schweineproduktion besteht. Nach der Viehzählung vom November 2004 werden in Bayern 380 Tsd. Sauen, 1,24 Mio. Ferkel und 2 Mio. Mastschweine gehalten (BLfSuD, 2004). Bei leicht rückläufiger Schweinepopulation war in den letzten Jahren ein starker Konzentrationsprozess festzustellen. So hat sich die Zahl der Mastschweine je Betrieb seit den frühen 90er Jahren auf durchschnittlich 129 verdreifacht und die Zahl der Zuchtsauen auf 36,2 verdoppelt. Nach dem bayerischen Agrarbericht 2004 liegt die Wachstumsschwelle zur Zeit bei Betrieben mit über 400 Mastschweinen bzw. über 100 Zuchtsauen. Im Vergleich zu Norddeutschland und den meisten EU-Ländern ist die bayerische Schweineproduktion dennoch kleinstrukturiert (ZDS, 2003b), so dass Degressions-effekte zur Kostenreduzierung schlechter genutzt werden können. Die Verkaufserlöse aus der Schweineproduktion hatten in 2004 einen Anteil von 27 % an der tierischen Erzeugung und einen Anteil von 15 % am landwirtschaftlichen Produktionswert in Bayern (StMLF, 2004).

Weltweit sind die heutigen Mastendprodukte bei intensiver Schweineproduktion Kreuzungstiere, die von speziellen Vater- und Mutterassen abstammen. Die Überlegenheit von Kreuzungsschweinen gegenüber Reinzuchttieren resultiert aus der Nutzung von Heterosisseffekten und den komplementären Eigenschaften der Elternlinien. In Bayern dominiert die Einfachkreuzung Pi*DL mit einem Anteil von 72 %, gefolgt von der 3-Wege-Kreuzung Pi*(DE*DL) mit knapp 24 %. Geringere Bedeutung haben dagegen die Kreuzungen Pi*BHZP und Pi*PIC mit je 2 % (LKV, 2004). Die Piétraineber werden von den bayerischen Vatterassenzüchtern produziert, die ihre Zuchttiere zur Verbesserung der Leistungseigenschaften der Kreuzungsnachkommen gezielt auswählen und anpaaren. Die dafür notwendigen Informationen stammen überwiegend aus den beiden Leistungsprüfanstalten in Grub und Schwarzenau, in denen sowohl Reinzucht- als auch Kreuzungstiere geprüft werden. Die Leistungsdaten dieser Prüftiere werden zur Schätzung von Zuchtwerten der Eber und Sauen in den Zuchtbetrieben genutzt. Seit 2001 wird das Haltungssystem auf den Leistungsprüfanstalten auf Großgruppen mit Abrufstationen umgerüstet, um die Stationsprüfung den kommerziellen Mastverfahren anzupassen. Eine Weiterentwicklung der Zuchtwertschätzung wird dadurch notwendig und es eröffnen sich neue

Möglichkeiten zur Optimierung der Leistungsprüfung.

Das übergeordnete Ziel dieser Arbeit sind Untersuchungen zur Verbesserung der Wettbewerbsfähigkeit der bayerischen Schweineproduktion durch die weitere Optimierung des Zuchtprogramms bei der Vatterrasse Piétrain. Als erstes wird ein Zuchtziel abgeleitet, damit das Mastendprodukt den Anforderungen von Produzenten, Vermarktern und Konsumenten von Schweinefleisch gerecht wird. Anschließend wird ein Zuchtwertschätzmodell entwickelt, das die Leistungen aus der Nachkommen- und Geschwisterprüfung auf Station zur Rangierung von Selektionskandidaten nach dem Zuchtziel optimal nutzt. Schließlich werden Simulationsstudien zur Optimierung der Leistungsprüfung und Zuchtpraxis durchgeführt, um Empfehlungen zur Steigerung des ökonomischen Zuchtfortschritts zu geben.

Kapitel 1

Literaturüberblick

1.1 Ökonomische Gewichte

Das Ziel der Züchtung landwirtschaftlicher Nutztiere ist die nachhaltige Verbesserung der Wirtschaftlichkeit der Tierproduktion unter Berücksichtigung von Ökologie und Tierschutz. Ein enger Zusammenhang zwischen der Züchtung und der Ökonomie ist daher offensichtlich. Folglich ist das Zuchtkriterium ein Gesamtzuchtwert, der sich aus der Summe der ökonomisch gewichteten Einzel-Merkmalszuchtwerte berechnet. Zur Ableitung der ökonomischen Gewichte, die den Beitrag eines Merkmals zur Wirtschaftlichkeit im Zuchtprogramm darstellen, wird als erstes eine Gewinnfunktion aufgestellt. Diese setzt sich aus Erlös- und Kostenfunktionen in Abhängigkeit von Merkmalsmittelwerten zusammen (Moav, 1966). Durch partielle Ableitung der Gewinnfunktion nach dem jeweiligen Merkmal lassen sich dann die ökonomischen Gewichte bestimmen (Hazel, 1943).

Moav (1973) wies jedoch darauf hin, dass die so berechneten ökonomischen Gewichte von der betrachteten Ausgangssituation abhängen (Volkswirtschaft, Produzenten, Mastschwein, Produkteinheit). Als Ausweg aus dem Dilemma schlugen Smith u. a. (1986) zwei Bedingungen zur Ableitung von ökonomischen Gewichten vor. Erstens müssen die fixen Kosten eines Zuchtprogramms zusammen mit den variablen Kosten pro Produkteinheit in die Berechnungen einbezogen werden und zweitens darf der Gewinn aus Zuchtfortschritt, der ebenso aus einer Veränderung der Unternehmensgröße entstehen könnte, nicht gezählt werden. Mit anderen Worten, die Produktion muss sich am Produktionsoptimum befinden und jeder Zuchtfortschritt hat Kapazitätsänderungen zur Folge, die als variable Kosten anzurechnen sind. Smith u. a. (1986) konnten unter diesen Bedingungen zeigen, dass alle Perspektiven zu denselben ökonomischen Gewichten führen. Sowohl McArthur (1987) als auch Amer und Fox (1992) kritisierten die unrealistischen Annahmen über das ökonomische Verhalten von Einzelbetrieben in diesem Modell. Aus diesem Grund schlugen Amer und Fox (1992) die Verwendung der neoklassischen Produktionstheorie vor und zeigten, dass die ökonomischen Gewichte, wie bei Smith u. a. (1986), unabhängig von der Perspektive sind. Amer und Fox (1992) verdeutlichten an ihrem Modell zudem, dass die Verteilung des Gewinns aus Züchtung auf Produzenten und Konsumenten von den Angebots- und Nachfrageelastizitäten abhängen.

Besondere Schwierigkeiten bereitet die Ableitung von ökonomischen Gewichten für Fleischbeschaffenheitsmerkmale, wie z.B. für den pH-Wert, den Saftverlust oder die Genußqualität, da sie auf dem Markt nicht gehandelt werden. Für die Berücksichtigung im Zuchtziel stehen zwei Methoden zur Verfügung. Eine Möglichkeit ist die Aufnahme von Nebenbedingungen ins

Zuchtziel, welche das angestrebte genetische Niveau der Fleischbeschaffenheitsmerkmale festlegen (Brascamp, 1984). Dadurch werden jedoch implizit ökonomische Gewichte willkürlich eingeführt. Die Alternative dazu sind Marktbefragungen, bei denen Konsumenten oder Handelsunternehmen nach ihrer Kaufbereitschaft hinsichtlich verschiedener Qualitätsklassen befragt werden. Diese Methode wird *Contingent Valuation* genannt (Mitchell und Carson, 1993). Ökonomische Gewichte für Fleischqualitätsmerkmale beim Schwein wurden von Von Rohr u. a. (1999) in der Schweiz und von Melton u. a. (1996) in den USA abgeleitet.

Ökonomische Gewichte für Mastleistungs-, Schlachtkörper- und z.T. auch Fleischbeschaffenheitsmerkmale beim Schwein finden sich bei Böckenhoff u. a. (1967), Böckenhoff u. a. (1977), De Vries (1989), Mohr u. a. (1993) sowie Krieter (1994).

1.2 Beziehung zwischen Reinzucht- und Kreuzungsleistungen

In Kreuzungszuchtprogrammen beim Schwein sind die genetischen Beziehungen zwischen Reinzucht- und Kreuzungsleistungen die entscheidenden Faktoren zur Beantwortung der Frage, ob eine Selektion mit Hilfe von Reinzucht- oder Kreuzungsleistungen einen höheren Selektionserfolg pro Jahr bei den Endprodukten erzielt. Im Kapitel 3 werden die Zusammenhänge detailliert dargestellt und die Schlußfolgerungen anhand diverser Literaturstellen diskutiert. Aus diesem Grund wird an dieser Stelle nicht näher darauf eingegangen. Neben den Heritabilitäten gibt vor allem die genetische Korrelation zwischen Reinzucht und Kreuzung Hinweise zur züchterischen Effizienz verschiedener Methoden. Eine ausführliche Zusammenstellungen von Schätzwerten der genetischen Korrelationen zwischen Reinzucht- und Kreuzungsleistungen für Produktionsmerkmale beim Schwein sind bei Brandt (1994), Schmutz (1995) und Fischer (1998) zu finden. Diese Parameter werden später zum Vergleich mit den in dieser Arbeit geschätzten Heritabilitäten und Korrelationen herangezogen. Im Allgemeinen liegen die genetischen Korrelationen in einem hohen Bereich, wobei die Werte der Schlachtleistungsmerkmale meistens höher sind als die der Mastleistungsmerkmale.

1.3 Genotyp-Umwelt-Interaktionen

In Zuchtprogrammen für Schweine stammen die Informationen zur Selektion von Kandidatentieren üblicherweise aus Zuchtbetrieben, Leistungsprüfanstalten oder kommerziellen Mastbetrieben. Das Ziel der Züchtung ist die Verbesserung der Leistungseigenschaften unter kommerziellen Mastbedingungen, weshalb die Übertragbarkeit des Selektionserfolges aus der Zucht- und Testumwelt in die Produktionsstufe von größter Bedeutung ist. Die genetischen Korrelationen zwischen den verschiedenen Umwelten dienen als Messgrößen dieser Übertragbarkeit (Falconer und Mackay, 1996). Weicht die genetische Korrelation von 1 ab, spricht man von Genotyp-Umwelt-Interaktionen, die zu Rangverschiebungen und somit zu unterschiedlichen Zuchterfolgen zwischen den Umwelten führen können (Dickerson, 1962). Standal (1977), Groeneveld u. a. (1984), Van Diepen und Kennedy (1989), Merks (1989), Schmutz (1995), Merks und Van Oijen (1994) sowie Binadel u. a. (1995) schätzten die genetischen Korrelationen zwischen Mast- und Schlachtleistungsmerkmalen in Zuchtbetrieben und zentraler Teststation. Die Autoren fanden überwiegend mittlere bis hohe genetische Korrelationen, wobei die Schätzwerte für die Schlachtleistungsmerkmale stets höher liegen als für Mastleistungsmerkmale. Niedrige

genetische Korrelationen schätzten hingegen Sehested und Janssen (1991) in einem Vergleich der Vollgeschwisterleistungen in Gruppenhaltung im Feld und der Einzelhaltung auf Station für die Futtermittelverwertung (0.02) und die täglichen Zunahmen (0.25). Der Schätzwert für die Rückenspeckdicke lag allerdings auch in dieser Untersuchung in einem hohen Bereich. Diese Ergebnisse geben jedoch keine Auskunft über die Übertragbarkeit in die Produktionsstufe. Untersuchungen zu genetischen Korrelationen zwischen Leistungen auf Station und Nachkommenleistungen in kommerziellen Mastbetrieben gibt es weit weniger als zwischen Station und Zuchtbetrieben. Während die genetischen Korrelationen für die Schlachtleistungsmerkmale zwischen Station und Produktion hoch sind (Tholen u. a., 2001), finden sich für die Mastleistungsmerkmale meist keine klaren genetischen Zusammenhänge (Claus u. a., 1984; Ketelaars, 1979; Merks und Van Kemenade, 1989; Tholen u. a., 1997). Merks (1989) leitet aus seinen Untersuchungen ab, dass der bedeutendste Faktor für das Auftreten von Genotyp-Umwelt-Interaktionen zwischen Zuchtstufen in der Wechselwirkung zwischen dem genetischen Potential der Tiere und dem Management in den Testbetrieben zu suchen ist. Deutlich höhere genetische Korrelationen sowohl für die Nettozunahme als auch die Schlachtleistungen wurden von Trappmann und Kirstgen (1995) für die westfälische Schweinepopulation geschätzt. In einer Literaturzusammenfassung von Webb und Curran (1986) werden die Haltung, Gruppengröße, Platzangebot, Fütterung, Wurfnnummer, Geschlecht, Grad der Umweltkontrolle, Hygienestatus sowie die Länge des Testabschnitts als die entscheidenden Faktoren für Genotyp-Umwelt-Interaktionen genannt. Cameron u. a. (1988) und Kanis (1990) untersuchten den Einfluß des Fütterungssystems (rationiert vs. ad libitum) und De Haer (1990), Labroue u. a. (1994) sowie Von Felde u. a. (1996) führten Untersuchungen zum Haltungssystem auf Station (Einzel- und Gruppenhaltung) durch.

1.4 Optimierung des Zuchtprogramms beim Schwein

Die Zuchtprogramme beim Schwein in Europa und Nordamerika sind ausschließlich Kreuzungszuchtprogramme, mit dem Ziel Heterosiseffekte zu nutzen und Antagonismen zu vermeiden (Sellier, 1976, 1982). Anders als bei der Erstellung synthetischer Populationen müssen die Endprodukte in Einfach- oder Mehrwegkreuzungen aus speziellen Vater- und Mutterlinien (Moav, 1966; Moav und Hill, 1966) ständig neu gebildet werden. Zur Verbesserung der Endprodukte wird Selektion innerhalb der Elternpopulationen durchgeführt, wobei die Information von Reinzucht- und/oder Kreuzungstieren stammt. Eine Methode zur effizienten Nutzung von Kreuzungsleistungen ist die *reziproke rekurrente Selektion* (RRS), die von Comstock (1945) beschrieben und in der Pflanzenzüchtung angewendet wurde. Zur Anpassung an die Gegebenheiten in der Tierzucht wurde dieses Verfahren modifiziert. Die verschiedenen Formen werden in einer Literaturzusammenfassung von Wei (1993) erläutert. Hervorzuheben ist die Halbgeschwister-RRS, in der selektierte Zuchtkandidaten zur Verkürzung des Generationsintervalls die nächste Zuchtgeneration und die Kreuzungsnachkommen zur Nachkommen- und Geschwisterprüfung gleichzeitig erzeugen. Sowohl Sellier (1982) als auch Wei (1993) vergleichen die Effizienz von RRS mit der Selektion nach Reinzuchtleistungen und führen die Ergebnisse von Selektionsexperimenten bei verschiedene Tierarten auf. Eine weitere Zusammenstellung für Selektionsexperimente beim Schwein findet sich bei Brandt (1994). Theoretische Aspekte zur Beziehung zwischen Reinzucht- und Kreuzungszuchtwert werden auch bei Fischer (1998) dargestellt. Wei (1993) vergleicht den Zuchtfortschritt von drei verschiedenen Selektionsstrategien bei unterschiedlichen genetischen Parametern: Selektion mit Hilfe von Reinzuchtleistungen, Selektion mit Hilfe von Kreuzungsleistungen sowie Selektion unter Verwendung beider Leistungsinformationen.

Unter Berücksichtigung wichtiger Kennzahlen aus der Investitionsrechnung führten Niebel und Fewson (1979a,b) Modellrechnungen zur Zuchtplanung beim Schwein durch. Dabei wird ein Vergleich verschiedener Prüfungsmethoden zur Zuchtauswahl von Ebern und Sauen durchgeführt und die Wirksamkeit der Einbeziehung von Fruchtbarkeitsmerkmalen in die Selektionsindices von Ebern und Sauen untersucht. Anhand von Simulationsstudien entwickelte Röhe (1990) Selektionsstrategien für die Anwendung des Tiermodells in geschlossenen Populationen, wie z.B. von Hybridzuchtunternehmen. Ein Vergleich der BLUP-Zuchtwertschätzung mit dem älteren Selektionsindexverfahren ist Teil dieser Arbeit. In einer umfassenden Untersuchung zur Zuchtplanung beim Schwein werden von Krieter (1994) zufällige und assortative Anpaarungsstrategien in einer zahlenmäßig begrenzten Basispopulation hinsichtlich der wichtigsten züchterischen Kenngrößen analysiert. Außerdem wird in einer deterministischen Simulation die Inzuchtentwicklung und der Selektionserfolg vorhergesagt.

Kapitel 2

Ökonomische Gewichte von Leistungsmerkmalen für Vatterassen in der bayerischen Schweinezucht

Tierzüchter nutzen ökonomische Gewichte in einem Zuchtprogramm, um biologische Merkmale entsprechend ihrer wirtschaftlichen Bedeutung zu charakterisieren. Sie stellen damit das Bindeglied zwischen der Züchtung und einer effizienten Tierproduktion dar. Bei der Erzeugung von Schweinefleisch wird das Produkt der Züchter über die Ferkelerzeuger und Mäster vermehrt und dann über die Vermarkter an die Konsumenten verkauft. Auf jeder dieser Marktstufen besitzt es einen Wert und verursacht Kosten, wobei die gewinnbestimmenden Merkmale auf jeder Stufe unterschiedlich sein können. Durch die Selektion auf Mast- und Schlachtleistungsmerkmale war es der Züchtung zunächst gelungen, die Verbraucherwünsche nach magerem und preiswertem Fleisch zu erfüllen. Seit den frühen 90er Jahren wurden auch die Fleischbeschaffenheitsmerkmale verbessert, jedoch blieb die direkte Zucht auf den Genusswert wegen der fehlenden Bezahlung unberücksichtigt. Zu befürchten ist deshalb eine abnehmende Vorliebe für Schweinefleisch mit dem Verlust von Marktanteilen an Substitutprodukte wie Geflügel- oder Rindfleisch. Für die bayerischen Schweinezüchter wäre es aber noch nachteiliger, wenn ein Trend nach schmackhafterem Schweinefleisch einsetzte und die Vermarkter auf Schweinefleisch aus anderen Regionen ausweichen würden. Da die zukünftigen Marktbedingungen nicht bekannt sind, ergeben sich Chancen und Risiken für die Züchter.

Ziel dieser Untersuchung ist die Herleitung aktueller ökonomischer Gewichte für Mastleistungs-, Schlachtkörper- und Fleischbeschaffenheitsmerkmale für Vatterassen in der bayerischen Schweinezucht.

2.1 Material und Methoden

Nach McArthur (1987) ist das ökonomische Gewicht definiert als der Betrag, um den der Gewinn am Produktionsoptimum bei einer zusätzlichen Einheit genetischen Fortschritts zunimmt. Der Gewinn ist nach Moav (1966) von der Reproduktionsleistung der Elternlinien sowie der Produktionseffizienz und Qualität der Nachkommen, die als kommerzielles Endprodukt vermarktet werden, abhängig. Der Gewinn π eines durchschnittlichen Mastschweins ist daher eine Funktion des Erlöses (P), der Produktionskosten (K_p) sowie der Reproduktionskosten (K_r) mit

$$\pi = P(\text{Qualität}|\mu_1) + K_p(\text{Input}|\mu_1) + K_r(\text{Input}|\mu_1, \mu_2, \mu_3),$$

wobei μ_1 , μ_2 und μ_3 Vektoren mit Populationsmittelwerten von Merkmalen der Kreuzungsnachkommen, der Vater- bzw. der Mutterlinie sind. Zerlegt man diese Gleichung in einzelne,

unabhängige Funktionen von gewinnbestimmenden Merkmalen, so ergibt sich

$$\pi = \sum_i \int w_i(x_i) p_i(x_i) f(x_i | \mu_i, \sigma_i) dx_i,$$

worin $w_i(x_i)$ die Mengenfunktion, $p_i(x_i)$ die Preis- bzw. Kostenfunktion und $f(x_i | \mu_i, \sigma_i)$ die Verteilung des Merkmals i in der Population angibt. Durch Ableitung der Gewinnfunktion bei gegebenen Merkmalsmittelwerten und -varianzen, berechnen sich die ökonomischen Gewichte λ_i aus

$$\lambda_i(\mu_i) = \int w_i(x_i) p_i(x_i) \frac{\partial}{\partial \mu_i} f(x_i | \mu_i, \sigma_i) dx_i. \quad (2.1)$$

In der Formel 2.1 und in allen weiteren Berechnungen wird unterstellt, dass die Merkmale normalverteilt sind und die Standardabweichungen konstant bleiben. Es ist jedoch anzumerken, dass sich die Varianzen häufig mit den Mittelwerten verändern. In der Tierzucht herrscht allerdings die paradoxe Situation vor, dass sich die Mittelwerte meist schneller ändern als die Varianzen (Dempfle, 1982).

Zur Berechnung unverzerrter Gewichte ist die Bindung an gegebene sozioökonomische Rahmenbedingungen erforderlich, deren Modellierung im Folgenden näher erläutert wird. In dieser Untersuchung wird eine neoklassische Produktionsfunktion mit abnehmendem Grenzertrag zugrunde gelegt. Die Produzenten von Schweinefleisch wirtschaften auf jeder Marktstufe am Optimum, so dass alle Managementressourcen vollständig und effizient genutzt werden. Jede zusätzliche Einheit genetischen Fortschritts erfordert somit Kapazitätsänderungen, die als variable Leistungen/Kosten anzusetzen sind. Blieben diese unberücksichtigt, würde der ökonomische Grenznutzen überschätzt, da ein Teil des Gewinns aus einer zuvor ineffizienten Wirtschaftsweise resultiert. Dem aggregierten Angebot auf jeder Marktstufe steht eine Nachfrage gegenüber, die gemeinsam zu einem Gleichgewichtspreis führen. Durch die Verwendung von Gleichgewichtspreisen auf Produkt- und Faktormärkten wird gewährleistet, dass die Produzenten- sowie die Konsumentenrente und somit auch die gesellschaftliche Wohlfahrt maximiert werden. Wer jedoch von den einzelnen Marktteilnehmern vom züchterischen Fortschritt am stärksten begünstigt wird, ist abhängig von den Elastizitäten der Angebots- und Nachfragefunktionen (Amer und Fox, 1992).

In der Tierzucht lässt sich das genetische Niveau einer Population je nach Generationsintervall nur mittel- bis langfristig verändern, so dass zukünftige Gleichgewichtspreise bekannt sein müssten. Da dies nie der Fall ist, werden aktuelle Preise eingesetzt. Die Züchterschaft hat allerdings bei der endgültigen Festlegung des Zuchtziels die Aufgabe, sich zusätzlich von Marktprognosen sowie strategischen Überlegungen leiten zu lassen.

Bei den verwendeten Populationsmittelwerten handelt es sich um durchschnittliche Leistungen aus dem Feld, die das aktuelle Management und das genetische Potential der bayerischen Population widerspiegeln. Die Populationsmittelwerte und die phänotypischen Standardabweichungen der bayerischen Kreuzungspopulation sind in Tabelle 2.1, in Anlehnung an den LKV-Bericht 'Fleischleistungsprüfung in Bayern 2003' (LKV, 2003) und den 5. Bayerischen Stichprobentest 2003 (Littmann u. a., 2003), aufgelistet.

Tabelle 2.1: Mittelwert ($\hat{\mu}$) und phänotypische Standardabweichung ($\hat{\sigma}_p$) von Leistungsmerkmalen der bayerischen Kreuzungspopulation

Merkmal	Kürzel	Einheit	$\hat{\mu}$	$\hat{\sigma}_p$
Magerfleischanteil	MFA	%	58,5	3,33
Tägliche Zunahmen	TZ	g/Tag	700	90,00
Futtermittelnutzung	FVW	kg/kg	2,92	0,21
pH ₁	pH ₁	*	6,33	0,27
pH ₂₄	pH ₂₄	*	5,46	0,1
Intramuskulärer Fettgehalt	ImF	%	1,3	0,30

*negativer dekadischer Logarithmus der H_3O^+ -Ionenkonzentration in Mol/l

2.1.1 Magerfleischanteil

Der Magerfleischanteil je Kilogramm Schlachtgewicht ist der wesentliche und in den meisten Preismasken der bayerischen Schlacht- und Handelsunternehmen einzige Parameter zur Klassifizierung und Bezahlung von Schlachtschweinen. Die Preismasken in Bayern sind sehr vielfältig und im Gegensatz zu denen in Nord- und Ostdeutschland wird bis zu 63 % Magerfleischanteil bezahlt. Um diese Unterschiede deutlich hervorzuheben, werden neben der durchschnittlichen Preisnotierung in 2003 drei weitere Preismasken ausgewertet. Eine magerfleischbetonte bayerische Maske, die 2004 eingeführte Maske der Südfleisch sowie die sogenannte Euro-Referenz-Maske der Vereinigung der Erzeugergemeinschaften für Vieh und Fleisch in Nordwest- und Ostdeutschland. Die durchschnittlichen Schlachtgewichte der Handelsklassen und die mittleren Preise wurden der Auswertung für das Jahr 2003 entnommen, die vom Institut für Ernährungswirtschaft und Markt der bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft unter Einbeziehung repräsentativer Schlachtbetriebe in Bayern erstellt wurde. Bei einem Vergleich der Schlachtgewichte über die Handelsklassen hinweg zeigt sich, dass die Schlachtgewichte von der obersten bis zur untersten Klasse kontinuierlich um insgesamt etwa zwei Kilogramm steigen. Zwischen den einzelnen Qualitätsgruppen lag die durchschnittliche Preisdifferenz in einem Bereich von 0,02-0,03 Euro/% Magerfleisch. Sowohl das durchschnittliche Gewicht je Klasse, als auch die Preisdifferenzen zwischen den Klassen gehen in die Berechnungsformeln ein (s. Gl. 2.1).

2.1.2 Tägliche Zunahmen

In der Schweinemast ist das Schlachtendgewicht, das vom jeweiligen Markt festgesetzt wird, für die Teilstückgewichte und Qualität des Schlachtkörpers von großer Bedeutung. Je höher die täglichen Zunahmen, umso kürzer ist bei optimalem Schlachtendgewicht die Mastdauer. Der Gewinn durch Zuchtfortschritt in den täglichen Zunahmen kann auf zwei Arten bestimmt werden. Zum einen über die steigende Umtriebsrate und Realisierung von Verkaufserlösen und zum anderen über die reduzierten Faktorkosten aus Stallplatz, Arbeit und variablen Kosten. In der vorliegenden Arbeit wurde die zweite Methode gewählt.

Auswertungen des LKV aus dem Jahr 2003 zufolge (LKV, 2003) stammten rund 48 % der Schlachtschweine aus Ringbetrieben mit mehr als 700 Mastplätzen. Dabei zeigten Betriebsgrößenklassen mit 500-1000 und 1000-1500 Plätzen mit über 5 % die stärksten Zuwachsraten in den letzten zehn Jahren. Aus diesem Grund wurden die Investitionskosten bei 1000 Mast-

plätzen von je 366 Euro/Platz (KTBL, 2003) angesetzt. Bei einem Zinssatz von 5 %, einer Nutzungsdauer von 15 Jahren und Unterhaltskosten von 2 % der Investitionskosten ergeben sich Faktoransprüche je Mastplatz von 42,6 Euro/Jahr. Für den Arbeitszeitbedarf wurden täglich sowie wöchentlich durchzuführende Arbeiten für 1000 Tiere angenommen, so dass je Tier und Tag 0,004 Akh zu 12 Euro anzurechnen sind. Die Kosten für Wasser, Energie und variable Maschinenkosten betragen je Masttag 0,022 bzw. 0,019 Euro (Weiß und Zickgraf, 2004). Der Gewichtszuwachs während der Mast wurde auf 87 kg festgesetzt, um über den Quotienten aus Gewichtszuwachs und tägliche Zunahmen die Mastdauer zu ermitteln. Auswirkungen auf einen reduzierten Futterverzehr und der damit verbundenen Kostensenkung werden hier nicht berücksichtigt, weil das Merkmal Futterverwertung getrennt behandelt wird.

2.1.3 Futterverwertung

Die Futterverwertung steht in Beziehung zu den Futterkosten, die in der Schweinemast etwa 38 % und in der Ferkelerzeugung 52 % (Weiß und Zickgraf, 2004) der variablen Kosten verursachen. Daher ist die Futterverwertung ein wichtiges Merkmal zur Steigerung der Produktionseffizienz. Bei gegebenem Preis pro kg Futtermischung sinken die Kosten linear mit verbesserter Futterverwertung. Folglich ist die Steigung unabhängig vom Populationsmittel und stellt bereits die Grenzkosten in diesem Merkmal dar. Die Futterkosten von 0,1638 Euro/kg wurden aus dem durchschnittlichen Futtermittelpreis eines zweiphasigen Regimes errechnet. Bei einem Gewichtszuwachs von 87 kg resultieren Grenzkosten von 14,5 Euro pro kg Futter/kg Gewichtszuwachs.

2.1.4 Fleischbeschaffenheitsmerkmale

Qualitätsmerkmale wie der Intramuskuläre Fettgehalt, der pH_1 , der pH_{24} , die Leitfähigkeit oder die Fleischfarbe finden bis heute keine Berücksichtigung in den Preismasken der bayrischen Vermarktungsunternehmen. Dennoch können sich diese Merkmale über die Akzeptanz des Schweinefleisches beim Verbraucher auf den Gewinn der gesamten Branche auswirken. Indem diese Qualitätskriterien auf dem Markt bisher nicht gehandelt werden, ist es schwierig, sie für das Zuchtziel ökonomisch zu bewerten. Eine Methode, um diesen Merkmalen ein ökonomisches Gewicht zu verleihen, ist die *Contingent Valuation* (Mitchell und Carson, 1993; Wronka, 2000), mit der sich die Zahlungsbereitschaft von Konsumenten oder Vermarktern für bessere Fleischqualität abschätzen lässt. Die Alternative dazu wäre ein Selektionsindex mit Nebenbedingungen, bei dem aber indirekt ökonomische Gewichte unterstellt werden.

2.1.4.1 Intramuskulärer Fettgehalt

Wie einige Studien zeigen, wird der Marmorierung des Fleisches bezüglich der Saftigkeit, Zartheit und somit der Essqualität eine entscheidende Rolle zugesprochen. Mehrere Gründe werden in der Literatur dafür angegeben. Das Fleisch wird zarter, da das intramuskuläre Fett die Muskelstruktur so verändert, dass kleine, separate Muskelbündel entstehen können, was die Scherkraft der Muskelfasern reduziert. Die Saftigkeit ergibt sich vermutlich aus einem höheren Speichelfluss, während der bessere Geschmack aus den Reaktionen des Fettes beim Kochen resultiert (Warriss, 2000). Nach Untersuchungen von Bejerholm und Barton-Gade (1996) und auch von Fernández u. a. (1999) kann mit wahrnehmbaren Effekten auf die sensorische Qualität erst ab Werten über 2 % gerechnet werden. Zur Herleitung von ökonomischen Gewichten

wurden die Ergebnisse einer in der Schweiz durchgeführten *Contingent Valuation* herangezogen (Von Rohr u. a., 1999). Befragt wurden Handels- und Verarbeitungsunternehmen von Schweinefleisch hinsichtlich ihrer Zahlungsbereitschaft für intramuskuläres Fett. Die Ergebnisse wurden relativ zum durchschnittlichen Marktpreis der Schweiz angegeben. Um sie an die bayerischen Verhältnisse anzugleichen, wurde der mittlere Schlachtpreis des Jahres 2003 (LfL-Ernährungswirtschaft, 2003) verwendet, wo-raus sich die in Tabelle 2.2 beschriebenen Erlöseinbußen je kg Schlachtgewicht errechnen.

Tabelle 2.2: Erlöseinbußen in Abhängigkeit des intramuskulären Fettgehaltes in Euro

	Klasse 1	Klasse 2	Klasse 3	Klasse 4
ImF, %	< 1,0	1,0-1,5	1,5-2,0	2,0-2,5
Euro	-0,1143	-0,0635	-0,0127	0

2.1.4.2 pH-Wert

Der pH_1 -Wert, gemessen 45 Minuten nach dem Schlachten, sowie der pH_{24} -Wert, gemessen 24 Stunden nach dem Schlachten, sind wichtige Merkmale, die in Beziehung zu Saftverlust, Textur, Zartheit und Haltbarkeit des Fleisches stehen. Beide werden an den bayerischen Leistungsprüfanstalten erhoben. Die Preisdifferenzen zwischen Qualitätsklassen wurden wiederum der Arbeit von Von Rohr u. a. (1999) entnommen. Die Klasseneinteilung und deren Bewertungen sind in Tabelle 2.3 angegeben. Die Vorgehensweise entspricht der im vorherigen Abschnitt vorgestellten.

Tabelle 2.3: Erlöseinbußen in Abhängigkeit des pH_1 und pH_{24} in Euro

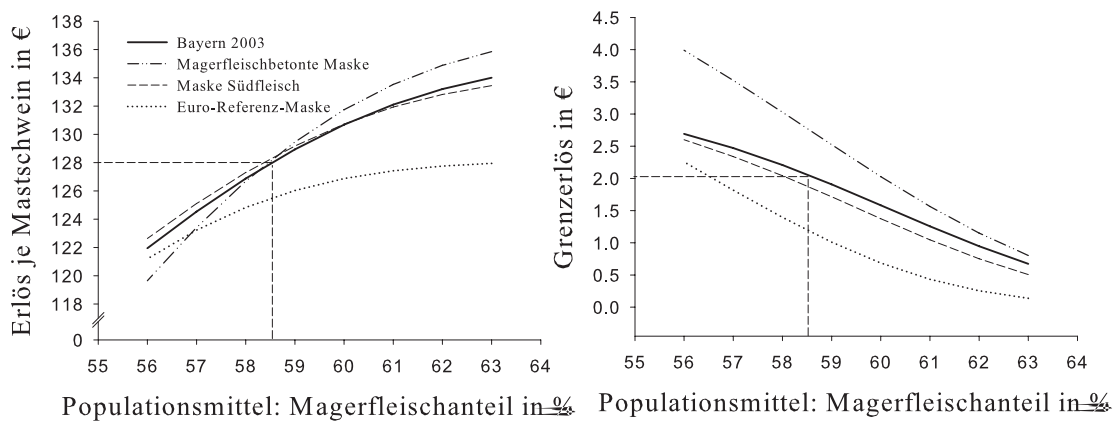
	Klasse 1	Klasse 2	Klasse 3	Klasse 4
pH_1	<5,6	5,6-5,8	5,8-6,0	>6,0
Euro	-0,4572	-0,1778	-0,0762	0
pH_{24}	<6,2	>6,2		
Euro	0	-0,203		

2.2 Ergebnisse

2.2.1 Magerfleischanteil

Bei einer phänotypischen Standardabweichung von 3,33 % resultieren die in Abbildung 2.1 dargestellten Erlös- und Grenzerlösfunktionen. Die magerfleischbetonte Maske zeichnet sich im Vergleich zur Südfleisch-Maske durch höhere Preisz- und Abschläge über bzw. unter 56 % Magerfleischanteil aus. Dadurch besitzt die Erlösfunktion an jeder Stelle eine höhere Steigung und somit größere ökonomische Gewichte. Die Ableitungsfunktion für den Durchschnitt in 'Bayern 2003' liegt wesentlich näher an der Ableitungsfunktion der Südfleisch-Maske als an der magerfleischbetonten Kurve, die vielmehr als obere Grenze zu betrachten ist. In der Euro-Referenz-Maske beginnt die höchst bezahlte Klasse bereits mit 58 %, weshalb der Grenzerlös

Abbildung 2.1: Erlös und Grenzerlös je Mastschwein in Euro in Abhängigkeit vom Populationsmittel im Magerfleischanteil ($\sigma_p = 3,33\%$)

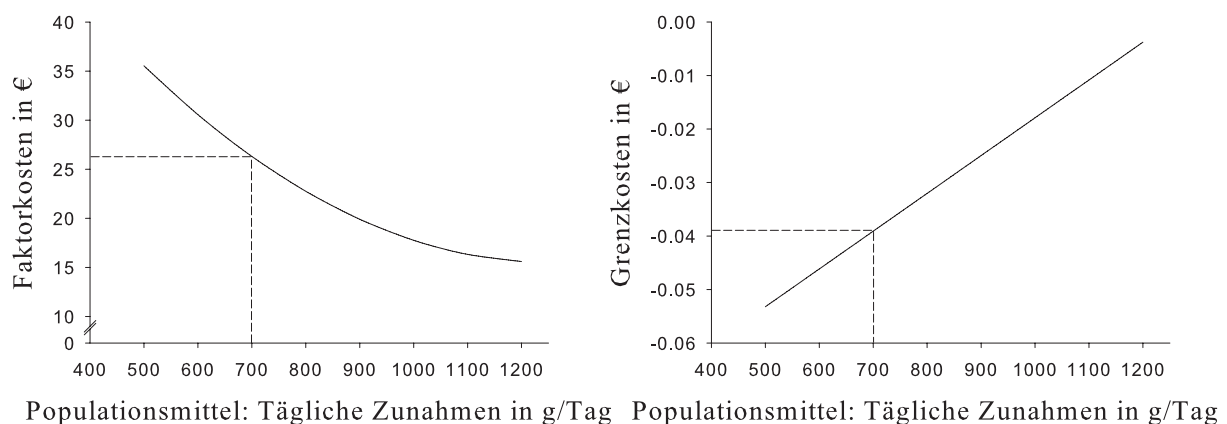


deutlich kleiner als im bayerischen Bezahlungssystem ist. Ausgehend von der durchschnittlichen Preismaske 'Bayern 2003' ist die Züchtung bis zu einem Magerfleischanteil von etwa 65 % effizient, sofern die sonstigen Bedingungen konstant bleiben (praktisch alle Schlachtschweine sind dann in der höchsten Klasse). Je höher das Populationsmittel ist, umso kleiner wird das ökonomische Gewicht. Das wirtschaftliche Gewicht von 2,06 Euro/% Magerfleisch wurde beim mittleren Magerfleischanteil der in Bayern vermarkteten Schlachtschweine von 58,5 % berechnet.

2.2.2 Mastleistungsmerkmale

In Abbildung 2.2 sind die Faktor- und Grenzkosten jeweils als Funktion der durchschnittlichen täglichen Zunahmen aufgetragen. Da die Kosten mit zunehmender Wachstumsintensität sinken,

Abbildung 2.2: Faktorkosten und Grenzkosten je Mastschwein in Euro in Abhängigkeit vom Populationsmittel in den täglichen Zunahmen ($\sigma_p = 90\text{ g/Tag}$)



ist die Steigung in den Faktorkosten stets negativ. Die Grenzkosten entsprechen dem Grenznutzen einer zusätzlichen Einheit, so dass diese unter Vorzeichenwechsel als ökonomische Gewichte für das Merkmal tägliche Zunahmen verwendet werden können. Das ökonomische Gewicht

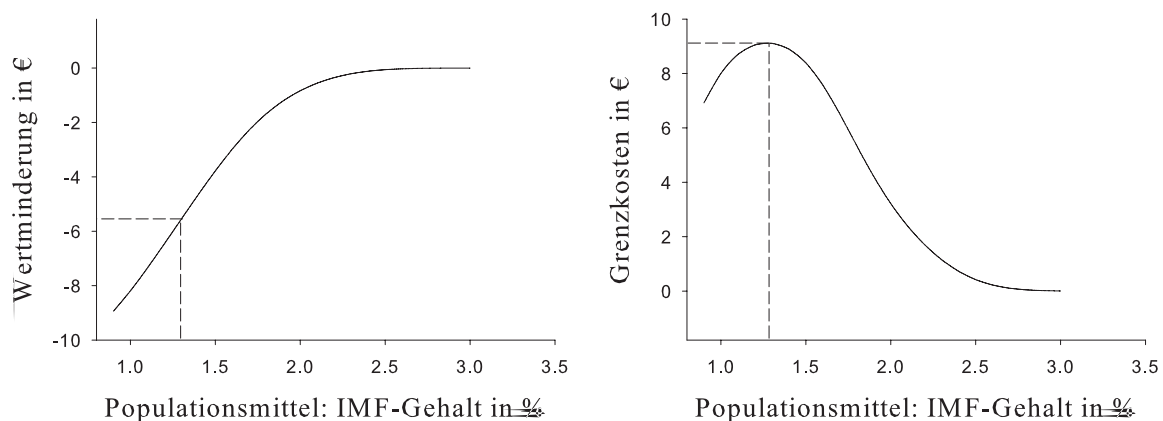
von 0,04 Euro/g ergibt sich schließlich aus den mittleren täglichen Zunahmen des Jahres 2003 von knapp 700 g (LKV, 2003).

Eine züchterische Verbesserung der Futterverwertung bedeutet die Senkung des Futteraufwandes je Kilogramm Gewichtszuwachs. Um dies über ein ökonomisches Gewicht im Gesamtzuchtgewicht zu erreichen, müssen die Grenzkosten negativ eingehen. Das ökonomische Gewicht ist daher -14,5 Euro/(kg/kg).

2.2.3 Intramuskulärer Fettgehalt

Die Wertminderung je Mastschwein sowie die Grenzkosten je Prozent intramuskuläres Fett sind in Abbildung 2.3 dargestellt. Aus dem ansteigenden Verlauf der Wertminderungsfunktion kann

Abbildung 2.3: Wertminderung und Grenzkosten je Mastschwein in Euro in Abhängigkeit vom Populationsmittel im intramuskulären Fettgehalt ($\sigma_p = 0,3 \%$)



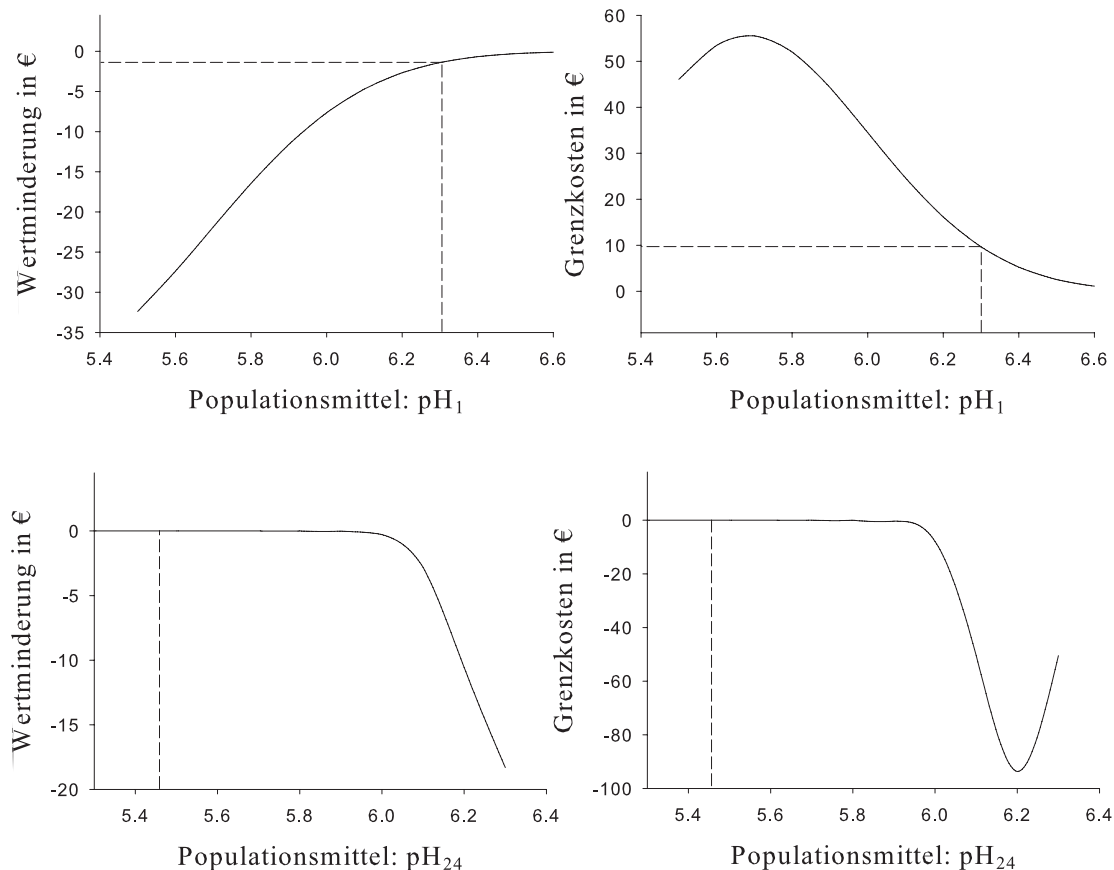
der Schluss gezogen werden, dass sich die Züchtung bis etwa 2,5 % lohnen sollte. Die Ableitungsfunktion besitzt bei etwa 1,3 % ein Maximum, was bedeutet, dass niedrigere ImF-Werte geringere Grenzkosten und damit für die Züchtung kleinere ökonomische Gewichte ergeben. Auf den ersten Blick erscheint dies unplausibel, weil die züchterische Bedeutung des Merkmals mindestens genauso groß sein sollte wie am Maximum. Über viele Generationen gesehen mag dies unter der Annahme, dass der intramuskuläre Fettgehalt in Zukunft ökonomisch wertvoll ist, zutreffen. Dies setzt allerdings sichere Marktprognosen voraus. Dieses Ergebnis resultiert aber daraus, dass ein Großteil der Schlachtschweine heute den maximalen Preisabzug erhalten würde. Bei Selektion für nur eine Generation wäre es daher ökonomisch vorteilhafter, verstärkt auf die anderen Merkmale des Zuchtziels zu züchten, so dass niedrigere ökonomische Gewichte gerechtfertigt wären.

Die aktuellsten Messungen liegen aus dem 5. Bayerischen Stichprobentest des Prüffjahres 2003 vor (Littmann u. a., 2003), in dem die Nachkommen der Kreuzung Pi*(DE*DL) einen mittleren intramuskulären Fettgehalt von 1,3 % aufwiesen. Dies führt zu einem ökonomischen Gewicht von 9,6 Euro/%.

2.2.4 pH-Wert

Die Wertminderung je Mastschwein sowie die Grenzkosten sind in der Abbildung 2.4 dargestellt. Ein pH_1 -Wert unter 6 führt aufgrund zunehmender PSE-Häufigkeiten zu einem Wertver-

Abbildung 2.4: Wertminderung und Grenzkosten je Mastschwein in Euro in Abhängigkeit vom Populationsmittel im pH_1 und pH_{24} ($\sigma_p = 0,27$ bzw. $\sigma_p = 0,1$)



lust des Fleisches, der sich in Abbildung 2.4 klar widerspiegelt. Diese Wertminderung steigt mit abnehmendem pH_1 , so dass die Steigung der Kurve positiv ist. Das maximale ökonomische Gewicht von knapp 60 Euro wird bei einem pH-Wert von etwa 5,7 erreicht. Mit zunehmendem pH_1 sinkt das ökonomische Gewicht und konvergiert schließlich gegen Null. Im Gegensatz dazu führen pH_{24} -Werte über 6 zu einer Wertminderung des durchschnittlichen Schlachtschweines, die bis etwa 6,4 zunehmen. Darüber hinaus bleiben sie mit ungefähr 20 Euro konstant. Der Grenznutzen aus einer Verbesserung der Fleischqualität hinsichtlich des pH_{24} steigt bis 6,2 an, fällt jedoch anschließend wieder. Dies ist nicht damit zu erklären, dass die Bedeutung dieser unerwünschten Fleischbeschaffenheit abnimmt. Vielmehr kommt auch hier, genauso wie beim ImF, zum Ausdruck, dass eine wirtschaftlich effiziente Zucht erschwert ist, weil ein Großteil der Population pH_{24} -Werte über 6,2 aufweist. Die Populationsmittelwerte der Kreuzungstiere betragen für den pH_1 6,33 und für den pH_{24} 5,46, aus denen sich die ökonomischen Gewichte 7,66 Euro bzw. 0 Euro errechnen.

2.2.5 Zusammenfassung der Ergebnisse

In der folgenden Tabelle sind die ökonomischen Gewichte der Merkmale Magerfleischanteil (MFA), tägliche Zunahmen (TZ), Futterverwertung (FVW), pH₁ sowie intramuskulärer Fettgehalt (ImF) nochmals zusammengefasst. Zur Feststellung ihrer Bedeutung für die Züchtung wurden weitere Berechnungen angestellt. Unter Verwendung aller vorhandenen Informationen (Eigen- und Verwandteninformation der berücksichtigten Merkmale) gibt $\Delta G/\Delta t$ den naturalen und $\Delta H/\Delta t$ den ökonomischen Selektionserfolg an, wenn das betreffende Merkmal das alleinige Selektionskriterium darstellt. $\Delta H^*/\Delta t$ gibt dagegen an, welchen Anteil des maximalen Selektionserfolges erzielt wird, wenn das ökonomische Gewicht des betreffenden Merkmals gleich Null gesetzt wird und für alle übrigen Merkmale die richtigen ökonomischen Gewichte verwendet werden. Diese Ergebnisse basieren auf Modellkalkulationen, in denen die Selektionspraxis der Züchter und die Leistungsprüfung in Bayern simuliert wird. Eine detaillierte Beschreibung der Vorgehensweise sowie die geschätzten genetischen und nicht-genetischen Parameter werden in den folgenden Kapiteln präsentiert.

Tabelle 2.4: Ökonomische Gewichte (λ) bezogen auf ein Mastschwein, natürlicher Zuchtfortschritt ($\Delta G/\Delta t$) und ökonomischer Zuchtfortschritt ($\Delta H/\Delta t$, Euro) pro Jahr bei Selektion auf nur ein Merkmal sowie realisierter Fortschritt bei Nichtberücksichtigung dieses Merkmals im Zuchtziel in % ($\Delta H^*/\Delta t$, %)

Merkmal, Einheit (E)	μ	σ_p	h^2	λ Euro/E	$\Delta G/\Delta t$ E	$\Delta H/\Delta t$ Euro	$\Delta H^*/\Delta t$ %
MFA, %	58,5	3,33	0,44	2,06	0,69	0,25	69
TZ, g/Tag	700	90,00	0,27	0,04	18,70	0,21	93
FVW, kg/kg	2,92	0,21	0,31	-14,50	-0,05	0,40	97
pH ₁ ,*	6,33	0,27	0,32	7,66	0,08	0,10	95
pH ₂₄ ,*	5,46	0,10	0,16	0	0,05	0,02	100
ImF, %	1,3	0,30	0,43	9,11	0,07	0,11	94

*negativer dekadischer Logarithmus der H₃O⁺-Ionenkonzentration in Mol/l

2.3 Diskussion

Die Ableitung von ökonomischen Gewichten kann je nach Perspektive einzelner Marktteilnehmer, für die unterschiedliche ökonomische Rahmenbedingungen gelten, auf verschiedene Weisen durchgeführt werden. Die wirtschaftlich relevanten Merkmale des Gesamtzuchtwertes sind daher nicht zwangsläufig dieselben. Eine Methode ist die Modellierung eines geschlossenen Betriebes mit integrierter Ferkelerzeugung und Schweinemast. Den Reproduktions- und Produktionsmerkmalen kommt dabei die größte Bedeutung zu, während die ökonomischen Gewichte von Qualitätsmerkmalen wegen der fehlenden direkten Bezahlung durch den Vermarkter Null sind. Eine alternative Methode ist die getrennte Betrachtung von Ferkelerzeugung und Schweinemast. Beide Methoden sollten aber zu gleichen Ergebnissen führen, da sich durch die Marktprozesse langfristig ein Gleichgewicht einstellt, in dem das gezüchtete Schwein für die Gesamtproduktion optimal ist.

Aus der Sicht der Zuchtorganisation sollten dieselben Merkmale von Bedeutung sein wie für die Produktionsbetriebe, für die sie ihre Zuchtarbeit leisten. Ihr Marktanteil steht in einem engen Verhältnis zur Wettbewerbsfähigkeit ihrer Kunden. Damit ergeben sich im Hinblick auf die Qualitätsmerkmale die gleichen Schwierigkeiten wie zuvor beschrieben. Ausgehend von einer gesamtwirtschaftlichen Betrachtung wurden in dieser Untersuchung nicht nur die Produzenten und Vermarkter von Schweinefleisch einbezogen, sondern auch die Konsumenten, die durch ihre Nachfragepräferenzen das Angebot auf allen Marktstufen beeinflussen. In der Konsequenz ist der Zuchtfortschritt in den marktfähigen Merkmalen zwar geringer, dies reduziert den ökonomischen Gesamtfortschritt aber nur scheinbar. Tatsächlich werden mit einer *Contingent Valuation* Informationen über die wahre Bedeutung von Qualitätsmerkmalen gesammelt, die eine Rechtfertigung zur züchterischen Bearbeitung schaffen. Langfristig sollte man daher dem ökonomischen Optimum näher sein als ohne Berücksichtigung der Fleischbeschaffenheitsmerkmale. Eine *Contingent Valuation* ist jedoch zeit- und kostenintensiv. Deshalb sollte zunächst geprüft werden, ob Untersuchungsergebnisse aus anderen Zuchtregionen auf den heimischen Markt übertragbar sind. Damit stellt sich die Frage, wie stark sich Verbraucherpräferenzen verschiedener Regionen unterscheiden. Eine Methodik, die sich mit dieser Problematik beschäftigt, ist der *Benefit Transfer* (Mitchell und Carson, 1993; Wronka, 2000). Dieselben Probleme ergeben sich übrigens, wenn Preise aus Markenprogrammen oder ökologischer Produktion übertragen werden sollen. Inwieweit Konsumenten dieser Premiumprodukte mit dem durchschnittlichen und zukünftigen Konsumenten vergleichbar sind, ist äußerst fraglich.

Der Verbraucher wird mittel- und langfristig immer - in Abhängigkeit von Werten, Einstellungen und Meinungen über die Eigenschaften eines Produktes - ein Unsicherheitsfaktor für die Züchtung bleiben. Um die Chancen zu maximieren und Risiken zu minimieren, bedarf es einer Diskussion, die zu einem Konsens zwischen Züchtern, Produzenten, Verarbeitern und Verbrauchervertretern führt. Diese Arbeit soll einen wissenschaftlichen Beitrag zu dieser Diskussion leisten.

Zur Rangierung der Merkmale hinsichtlich ihrer ökonomischen Bedeutung für das Zuchtziel ist die Betrachtung der relativen Gewichte nicht geeignet. Erst der Beitrag zum ökonomisch-genetischen Fortschritt, der neben dem wirtschaftlichen Gewicht auch von den Populationsparametern abhängt, lässt genauere Schlussfolgerungen zu. In der Tabelle 2.4 ist der ökonomische Zuchtfortschritt pro Jahr bei alleiniger Selektion auf das entsprechende Merkmal angegeben ($\Delta H / \Delta t$, Euro). Über die günstigen genetischen Korrelationen zum Magerfleischanteil und zu den täglichen Zunahmen dominiert die Futterverwertung mit 0,40 Euro/Jahr deutlich über die übrigen Merkmale des Gesamtzuchtwertes. An zweiter und dritter Stelle rangieren der Magerfleischanteil sowie die täglichen Zunahmen, die 38 % bzw. 48 % weniger erwirtschaften würden. Die Ursache dafür ist vor allem der große genetische Antagonismus zwischen dem Magerfleischanteil und den täglichen Zunahmen. Im Vergleich zur Futterverwertung würde der ökonomische Fortschritt, der über eine Selektion auf den pH₁ oder den intramuskulären Fettgehalt erzielt werden könnte, mit etwa 0,1 Euro/Jahr noch geringer ausfallen. Dies erklärt sich daher, weil einerseits die genetischen Korrelationen zu den täglichen Zunahmen klein sind und weil sie andererseits ungünstige genetische Korrelationen zum Magerfleischanteil und zur Futterverwertung besitzen.

Die letzte Spalte in Tabelle 2.4 gibt schließlich den realisierten ökonomischen Zuchtfortschritt ohne dieses Merkmal im Gesamtzuchtwert an. Dieser Parameter ist zur Rangierung der Merkmale hinsichtlich ihrer ökonomischen Bedeutung besser geeignet, weil die Restriktionen bezüg-

lich des Zuchtziels kleiner sind. Setzt man das ökonomische Gewicht für den Magerfleischanteil gleich Null, so werden nur 69 % des maximalen ökonomischen Gesamtfortschritts erzielt. Im Vergleich zu den Merkmalen tägliche Zunahmen und intramuskulärer Fettgehalt, die mit 93 % bzw. 94 % dahinter rangieren, zeigt sich hier eine herausragende Bedeutung des Magerfleischanteils für das Zuchtziel. Noch vor der Futtermittelverwertung mit 97 % ist der pH_1 mit 95 % zu finden. Die geringe ökonomische Bedeutung der Futtermittelverwertung in diesem Zuchtziel, das auf tägliche Zunahmen und besonders auf Magerfleischanteil ausgerichtet ist, ist nicht verwunderlich, da die genetischen Korrelationen den naturalen Zuchtfortschritt in der Futtermittelverwertung begünstigen.

In die Diskussion um die endgültige Festlegung des Zuchtziels durch die Züchterschaft sind langfristige Tendenzen, die auf die zukünftigen Marktbedingungen hindeuten, einzubeziehen. Die ökonomischen Gewichte der Mastleistungsmerkmale tägliche Zunahmen und Futtermittelverwertung sollten sich kaum nennenswert ändern, da sich die Kosten für Stallplatz, Arbeit und Futtermittel schon jetzt auf einem niedrigen und stabilen Niveau befinden. Kurzfristige oder zyklische Preisänderungen in der Bezahlung der Schlachtschweine dürfen auch bei der Ableitung der ökonomischen Gewichte für den Magerfleischanteil und die Qualitätsmerkmale keine Rolle spielen. Beim Magerfleischanteil bestimmen vor allem die Preisdifferenzen zwischen den Handelsklassen die Steigung der Erlöskurve und weniger der durchschnittliche Preis je Kilogramm Schlachtgewicht. Dies wird beim Vergleich der magerfleischbetonten Preismaske mit der Euro-Referenz-Maske besonders deutlich, die mit Grenzerlösen von 2,77 Euro/% bzw. 1,26 Euro/% am Populationsmittel eine obere und untere Grenze angeben. Richtungsweisend könnte die aktuelle Preismaske der Südfleisch sein, die auf eine geringere Bezahlung von hohen Magerfleischanteilen in der Zukunft hinweist. Die Differenz zwischen dem ökonomischen Gewicht der durchschnittlichen Preismaske 2003 und der Südfleisch-Maske (2,06 vs. 1,89 Euro/%) ändert jedoch nicht die herausragende Bedeutung des Magerfleischanteils für den Gesamtzucht-wert.

Mit einer möglichen Einführung des AutoFOM werden die Schlacht- und Vermarktungsbetriebe von der Bezahlung nach Magerfleischanteil auf ein Preissystem umstellen, das die Teilstückgewichte Schinken, Schulter, Lachs und Bauch sowie den Bauchfleischanteil bewertet. Die züchterischen Konsequenzen stehen in einem engen Zusammenhang mit den genetischen Korrelationen zwischen diesen Teilstückgewichten und dem Magerfleischanteil. Nach Untersuchungen von Tholen u. a. (2001) sind die genetischen Korrelationen zwischen den verschiedenen AutoFOM Schlachtmerkmalen und dem geschätzten Magerfleischanteil nach Bonner Formel nahe 1, so dass die Verbesserung der wertvollen Teilstückgewichte über den Magerfleischanteil eine empfehlenswerte Zuchtstrategie sein sollte (Tholen u. a., 2004).

Häufig werden von den Züchtern Bedenken hinsichtlich einer Aufnahme des intramuskulären Fettgehaltes in den Gesamtzucht-wert geäußert. Die Selektion auf den Magerfleischanteil würde ineffizient werden und die Gefahr einer Verfettung der Mastschweine steigen. Dem ist zu entgegen, dass die genetische Korrelation zwischen dem intramuskulären Fett und dem Magerfleischanteil von -0,3 (Götz u. a., 2001) eine Verbesserung beider Merkmale nicht ausschließt. Außerdem lässt die niedrige genetische Korrelation zwischen dem intramuskulären Fett und der Rückenspeckdicke von nur 0,2 (Götz u. a., 2001), bei gleichzeitiger Selektion auf Magerfleisch, keine unerwünschte Steigerung der Rückenspeckdicke befürchten. Sensitivitätsanalysen zum genetischen Fortschritt in den Einzelmerkmalen bestätigen dies.

Der pH_{24} liegt bereits in einem günstigen Bereich, so dass sein ökonomisches Gewicht Null ist. Der Bauchfleischanteil ist zwar Bestandteil des aktuellen Zuchtziels, jedoch existiert in Bayern weder ein Bezahlungssystem noch sind Felddaten vorhanden. Dadurch ist es schwierig, dieses Merkmal ökonomisch exakt zu erfassen. Bei der Westfleisch wird aber seit der Einführung des AutoFOM auch der Bauchfleischanteil geschätzt und zur Preisfindung herangezogen. Schlachtschweine werden in diesem Preissystem in die drei Kategorien über 50, 45-50 und unter 45 Prozent Bauchfleisch klassifiziert, auf die 1, 0,8 bzw. 0,5 Punkte je Kilogramm vergeben werden. Maximal werden 16 kg Bauchfleisch bezahlt. Um den Auszahlungspreis zu berechnen, wird jeder Punkt mit einem Basispreis von etwa 1,2 Euro multipliziert. Überträgt man dieses Preissystem auf die bayerische Kreuzungspopulation, können Erlös- und Grenzerlösfunktionen erstellt werden. Sie ähneln in ihrer Gestalt den Kurven für den Magerfleischanteil, erreichen das Plateau allerdings bereits bei 57 %. In der bayerischen Kreuzungspopulation sind die Magerfleischanteile generell höher als in Norddeutschland, so dass es schwierig ist, eine Übertragung dieses Preissystems auf die bayerische Population zu rechtfertigen. Da der Bauchfleischanteil aber eine hohe genetische Korrelation zum Magerfleischanteil aufweist und somit ein Zuchterfolg gesichert ist, wurde in dieser Untersuchung keine ökonomische Bewertung vorgenommen. Diese hohe genetische Korrelation resultiert aus der Berechnungsformel für den Bauchfleischanteil, in welche dieselben Schlachtkörpermerkmale (Rückenspeckdicke, Seitenspeck, Fleischfläche, Fettfläche) wie in die Bonner Formel für den Magerfleischanteil eingehen. Der Unterschied basiert auf einer höheren Gewichtung der Fettmaße und einer niedrigeren Gewichtung der Muskelfläche. Bevor weitere ökonomische Analysen zur Bauchbewertung durchgeführt werden, sollte auf den Mastprüfanstalten ein Messverfahren etabliert werden, das den Fleischanteil im Bauch weitgehend unabhängig vom Fleischanteil anderer Teilstücke des Schlachtkörpers erfasst.

Aufgrund obiger Ergebnisse können der bayerischen Züchterschaft folgende Empfehlungen gegeben werden: Die Züchtung ist auch weiterhin auf Magerfleisch auszurichten, wobei dem intramuskulären Fettgehalt mit der Aufnahme ins Zuchtziel für Vatterassen eine größere Bedeutung zukommen sollte. Es ist an der Züchterschaft die Chancen und Risiken, die sich mit diesem Merkmal ergeben, abzuwägen. Die Mastleistungsmerkmale dürfen im Gesamtzuchtwert natürlich nicht fehlen, jedoch besitzen sie im Vergleich zum Magerfleischanteil eine deutlich geringere Bedeutung. Obwohl der pH_1 in einem sehr günstigen Bereich liegt, ist bei einer weiterhin starken Selektion auf Magerfleischanteil die Fleischbeschaffenheit und insbesondere der pH_1 zu berücksichtigen. Der pH_1 muss daher im Zuchtziel erscheinen. Weitere Entscheidungshilfen können mit einer Sensitivitätsanalyse gegeben werden, welche die Selektionspraxis, die Leistungsprüfung sowie das Zuchtwertschätzmodell für Reinzucht- und Kreuzungsleistungen berücksichtigt. Mit dieser empirischen Vorgehensweise lässt sich der genetische Fortschritt pro Jahr in jedem Merkmal abschätzen. Über den Vergleich verschiedener Zuchtzielvarianten soll die Züchterschaft mit den langfristigen Auswirkungen vertraut gemacht werden. Dies kann eine *Contingent Valuation* oder ein *Benefit Transfer*, die aus Zeit- und Kostengründen nicht durchgeführt wurden, natürlich nicht ersetzen. Zu empfehlen sind daher weiterführende Untersuchungen, die diese Methoden auf den bayerischen Markt unter Einbeziehung der bayerischen Kreuzungspopulation anwenden.

Kapitel 3

Beziehung zwischen Reinzucht- und Kreuzungszuchtwert

Der Zuchtwert eines Tieres ist definiert als die zweifache wahre Abweichung des Durchschnitts seiner Nachkommen vom Populationsmittel. Handelt es sich dabei um Reinzuchtnachkommen, dann spricht man vom Zuchtwert für Reinzuchtleistung, während man bei Kreuzungsnachkommen den Zuchtwert für Kreuzungsleistung meint. Im Folgenden werden die Eigenschaften und die Beziehungen zwischen diesen Zuchtwerten abgeleitet.

Ausgangspunkt dieser Untersuchung ist ein 1-Locus-Modell mit den zwei Allelen A_1 und A_2 . Der Wert des homozygoten Genotyps A_1A_1 sei $+a$, der des homozygoten Genotyps A_2A_2 $-a$ und der des heterozygoten Genotyps d . Die Genfrequenzen von A_1 und A_2 seien in der Vaterlinie p_s bzw. q_s und in der Mutterlinie p_d bzw. q_d . Die Allelfrequenz der Mutterlinie muss nicht unbedingt die einer einzelnen Rasse sein, sondern kann auch aus einer Mehr-Wege-Kreuzung resultieren. Es wird angenommen, dass keine Interaktionen zu anderen Loci existieren (Epistasie) und die Genotypwerte in der Vater- und Mutterlinie identisch sind. Das Reinzuchtmittel der Vaterlinie ist dann nach Falconer und Mackay (1996)

$$\mu_s = a(p_s - q_s) + 2p_sq_sd.$$

Das Mittel der Kreuzungspopulation kann über die Genotypfrequenzen abgeleitet werden (Tabelle 3.1).

Tabelle 3.1: Genotypwerte und Genotypfrequenzen in der Kreuzungspopulation

	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2
Genotypwert	$+a$	d	$-a$
Genotypfrequenz	p_sp_d	$p_sq_d + q_sp_d$	q_sq_d

Durch Gewichtung der Genotypwerte mit ihren Frequenzen ergibt sich das Kreuzungsmittel mit

$$\mu_k = a(p_sp_d - q_sq_d) + d(p_sq_d + q_sp_d).$$

Die Genfrequenz in der Kreuzungspopulation berechnet sich aus

$$\begin{aligned} p_k &= f(A_1A_1) + \frac{1}{2}f(A_1A_2) \\ &= p_sp_d + \frac{1}{2}(p_sq_d + q_sp_d) \end{aligned}$$

$$= \frac{1}{2}(p_s + p_d).$$

Diese Genfrequenz ist plausibel, da zwangsläufig die eine Hälfte der Gene aus der Vaterlinie und die andere Hälfte aus der Mutterlinie stammen muss.

Der additiv-genetische Effekt eines Allels wird in der quantitativen Genetik über den Durchschnittseffekt beschrieben. Der Durchschnittseffekt eines Allels ist definiert als die mittlere Abweichung vom Populationsmittel von Tieren, die das betreffende Allel von einem Elter erhalten haben und das andere zufällig aus der angepaarten Population (Falconer und Mackay, 1996, S. 113). In den folgenden Tabellen 3.2 bis 3.4 werden die Durchschnittseffekte für Eber der Vaterlinie in Reinzuchtnachkommen sowie für Eber der Vaterlinie und Sauen der Mutterlinie in Kreuzungsnachkommen abgeleitet. Dabei wird $\alpha_s = [a + d(q_s - p_s)]$ auch als Gensubstitutionseffekt in der Vaterlinie und $\alpha_d = [a + d(q_d - p_d)]$ als Gensubstitutionseffekt in der Mutterlinie bezeichnet.

Tabelle 3.2: Ableitung des Durchschnittseffektes α_{r_i} für Reinzuchtleistung bei zufälliger Anpaarung von Ebern der Vaterlinie an Sauen der Vaterlinie zur Erzeugung von Reinzuchttieren

Gamete	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2	Nachkommenmittel	Durchschnittseffekt
A_1	$p_s a$	$q_s d$	-	$p_s a + q_s d = \mu_s + \alpha_{r_1}$	$\alpha_{r_1} = q_s [a + d(q_s - p_s)]$
A_2	-	$p_s d$	$-q_s a$	$p_s d - q_s a = \mu_s + \alpha_{r_2}$	$\alpha_{r_2} = -p_s [a + d(q_s - p_s)]$

Tabelle 3.3: Ableitung des Durchschnittseffektes α_{k_i} für Kreuzungsleistung bei zufälliger Anpaarung von Ebern der Vaterlinie an Sauen der Mutterlinie zur Erzeugung von Kreuzungsnachkommen

Gamete	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2	Nachkommenmittel	Durchschnittseffekt
A_1	$p_d a$	$q_d d$	-	$p_d a + q_d d = \mu_k + \alpha_{k_1}$	$\alpha_{k_1} = q_s [a + d(q_d - p_d)]$
A_2	-	$p_d d$	$-q_d a$	$p_d d - q_d a = \mu_k + \alpha_{k_2}$	$\alpha_{k_2} = -p_s [a + d(q_d - p_d)]$

Tabelle 3.4: Ableitung des Durchschnittseffektes β_{k_i} für Kreuzungsleistung bei zufälliger Anpaarung von Sauen der Mutterlinie an Eber der Vaterlinie zur Erzeugung von Kreuzungstieren

Gamete	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2	Nachkommenmittel	Durchschnittseffekt
A_1	$p_s a$	$q_s d$	-	$p_s a + q_s d = \mu_k + \beta_{k_1}$	$\beta_{k_1} = q_d [a + d(q_s - p_s)]$
A_2	-	$p_s d$	$-q_s a$	$p_s d - q_s a = \mu_k + \beta_{k_2}$	$\beta_{k_2} = -p_d [a + d(q_s - p_s)]$

Der Zuchtwert eines Elterntieres ergibt sich dann aus der Summe der Durchschnittseffekte der Allele. Die Zuchtwerte von Ebern der Vaterlinie für Reinzucht- und Kreuzungsleistung, A_{s_r} bzw. A_{s_k} , sowie die Zuchtwerte von Sauen der Mutterlinie für Kreuzungsleistung A_{d_k} sind in Tabelle 3.5 zusammengefasst.

Tabelle 3.5: Zuchtwerte von Ebern der Vaterlinie für Reinzucht- und Kreuzungsleistung, A_{s_r} bzw. A_{s_k} , sowie Zuchtwerte von Sauen der Mutterlinie für Kreuzungsleistung A_{d_k}

Genotyp	A_{s_r}	A_{s_k}	A_{d_k}
A_1A_1	$2q_s\alpha_s$	$2q_s\alpha_d$	$2q_d\alpha_s$
A_1A_2	$(q_s - p_s)\alpha_s$	$(q_s - p_s)\alpha_d$	$(q_d - p_d)\alpha_s$
A_2A_2	$-2p_s\alpha_s$	$-2p_s\alpha_d$	$-2p_d\alpha_s$

Zur Herleitung der additiv-genetischen Varianz ist lediglich der Durchschnitt der quadrierten Zuchtwerte zu berechnen, da die Zuchtwerte bereits als Abweichung vom Populationsmittel definiert sind. Die additiv-genetischen Varianzen sind somit

$$\begin{aligned}
 Var(A_{s_r}) &= p_s^2(2q_s\alpha_s)^2 + 2p_sq_s[(q_s - p_s)\alpha_s]^2 + q_s^2(-2p_s\alpha_s)^2 \\
 &= 4p_s^2q_s^2\alpha_s^2 + 2p_sq_s(q_s - p_s)^2\alpha_s^2 + 4p_s^2q_s^2\alpha_s^2 \\
 &= 2p_sq_s\alpha_s^2(2p_sq_s + q_s^2 - 2p_sq_s + p_s^2 + 2p_sq_s) \\
 &= 2p_sq_s\alpha_s^2(p_s^2 + 2p_sq_s + q_s^2) \\
 &= 2p_sq_s\alpha_s^2 \\
 &= 2p_sq_s[a + d(q_s - p_s)]^2
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 Var(A_{s_k}) &= 2p_sq_s\alpha_d^2 \\
 &= 2p_sq_s[a + d(q_d - p_d)]^2,
 \end{aligned}$$

bzw.

$$\begin{aligned}
 Var(A_{d_k}) &= p_d^2(2q_d\alpha_s)^2 + 2p_dq_d[(q_d - p_d)\alpha_s]^2 + q_d^2(-2p_d\alpha_s)^2 \\
 &= 2p_dq_d\alpha_s^2 \\
 &= 2p_dq_d[a + d(q_s - p_s)]^2.
 \end{aligned}$$

Daraus kann geschlossen werden, dass die additiv-genetischen Varianzen für Kreuzungsleistung in der Vater- und Mutterlinie nur dann identisch sind, wenn $p_s = p_d$ ist. Außerdem ist die additiv-genetische Varianz einer Elternlinie in Reinzucht gleich der additiv-genetischen Varianz in Kreuzung, wenn $d = 0$ oder $p_s = p_d$. Soll die Leistungsinformation eines Kreuzungstieres sowohl für die Vaterlinie als auch die Mutterlinie genutzt werden, sind folglich zwei Varianzkomponenten bzw. Kovarianzen zu schätzen. In dieser Arbeit konzentrieren wir uns jedoch ausschließlich auf den Informationsbeitrag für die Vaterlinie und damit um die Schätzung der Zuchtwerte A_{s_r} und A_{s_k} .

Die Kovarianz zwischen den Zuchtwerten für Reinzucht- und Kreuzungsleistung in der Vaterlinie berechnet sich aus dem durchschnittlichen Kreuzprodukt der Zuchtwerte:

$$\begin{aligned}
 Cov(A_{s_r}, A_{s_k}) &= p_s^2(2q_s\alpha_s)(2q_s\alpha_d) + 2p_sq_s[(q_s - p_s)\alpha_s][(q_s - p_s)\alpha_d] + q_s^2(-2p_s\alpha_s)(-2p_s\alpha_d) \\
 &= 4p_s^2q_s^2\alpha_s\alpha_d + 2p_sq_s(q_s - p_s)^2\alpha_s\alpha_d + 4p_s^2q_s^2\alpha_s\alpha_d \\
 &= 2p_sq_s\alpha_s\alpha_d(2p_sq_s + q_s^2 - 2p_sq_s + p_s^2 + 2p_sq_s)
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
&= 2p_s q_s \alpha_s \alpha_d (p_s^2 + 2p_s q_s + q_s^2) \\
&= 2p_s q_s \alpha_s \alpha_d \\
&= 2p_s q_s [a + d(q_s - p_s)][a + d(q_d - p_d)].
\end{aligned}$$

Die Korrelation zwischen den Zuchtwerten ergibt sich daher mit

$$\rho_{A_{s_r} A_{s_k}} = \frac{2p_s q_s \alpha_s \alpha_d}{\sqrt{4p_s^2 q_s^2 \alpha_s^2 \alpha_d^2}} = -1 \text{ oder } 1.$$

Eine Korrelation von -1 kann nur bei $|d| > a$, also bei Überdominanz (Heterozygotenüberlegenheit), auftreten. Im Mehr-Locus Fall (j ungekoppelte Loci) gilt

$$\rho_{A_{s_r} A_{s_k}} = \frac{\sum_j p_{s_j} q_{s_j} \alpha_{s_j} \alpha_{d_j}}{\sqrt{\sum_j p_{s_j}^2 q_{s_j}^2 \alpha_{s_j}^2 \alpha_{d_j}^2}}.$$

Sind die Genfrequenzen beider Linien identisch und/oder d aller Loci Null, so ist $Var(A_{s_r}) = Var(A_{s_k}) = Cov(A_{s_r}, A_{s_k})$ und die genetische Korrelation 1. Bisher wurden epistatische Interaktionen vernachlässigt, jedoch tragen diese zur Ähnlichkeit zwischen verwandten Tieren bei. Wird die Kovarianz aus einer Halbgeschwisterkorrelation geschätzt, treten ausschließlich additive Interaktionen mit einem Faktor von 1/16 auf (Falconer und Mackay, 1996). Der Beitrag zur Kovarianz sollte daher gering sein, insbesondere wenn mehr als zwei Loci an der Interaktion beteiligt sind.

An einem kleinen Beispiel, das in Tabelle 3.6 dargestellt ist, können die Schlussfolgerungen bei verschiedenen Dominanzszenarien überprüft werden.

Tabelle 3.6: Additiv-genetische Varianzen für Reinzucht- und Kreuzungsleistung in der Vaterlinie, $\sigma_{A_{s_r}}^2$ bzw. $\sigma_{A_{s_k}}^2$, additiv-genetische Varianz für Kreuzungsleistung in der Mutterlinie $\sigma_{A_{d_k}}^2$, sowie die genetische Korrelation zwischen Reinzucht- und Kreuzungsleistung in der Vaterlinie $\rho_{A_{s_r} A_{s_k}}$. Die Allelfrequenzen in der Vater- und Mutterlinie betragen $p_s = 0,4$ bzw. $p_d = 0,7$, bei einem Genotypwert $a=10$

Dominanz	keine (d=0)	partielle (d=5)	vollständige (d=10)	Überdominanz (d=15)
α_s	10	11	12	13
α_d	10	8	6	4
$\sigma_{A_{s_r}}^2$	48	58	69	81
$\sigma_{A_{s_k}}^2$	48	31	17	8
$\sigma_{A_{d_k}}^2$	21	25	30	35
$\rho_{A_{s_r} A_{s_k}}$	1	1	1	-1

Es kann gezeigt werden, dass bei einer Selektion mit Hilfe des Zuchtwertes für Kreuzungsleistung ausschließlich die additiv-genetische Varianz für Kreuzungsleistung genutzt wird. Die nicht-additiv-genetische Varianz könnte zusätzlich genutzt werden, wenn die Vollgeschwister-

leistungen von Kreuzungstieren als Selektionskriterium verwendet werden, um damit die Eltern in beiden Linien zu selektieren. Comstock (1945) schlug ein Testdesign vor, in dem die Nachkommen aus reziproken Kreuzungen der Vater- und Mutterlinie geprüft werden. Die Eltern mit den besten Kreuzungsnachkommen werden dann innerhalb ihrer Reinzuchtpopulation selektiert. Diese sogenannte reziproke rekurrente Selektion (RRS) wurde von Bell u. a. (1955) erstmals bei Tieren (*Drosophila*) angewendet. Die Effizienz von RRS im Vergleich zu einer Selektion mittels Reinzuchtleistungen (SRL) wurde von Dickerson (1952), Griffing (1962, 1963), Hill (1970), Arthur und Abplanalp (1970) und Wei (1993) untersucht. Die relative Effizienz beider Zuchtstrategien, hinsichtlich Zuchtfortschritt pro Generation und Selektionsgrenze, wird stark durch den Dominanzgrad und die Allelfrequenzen beeinflusst. Bei additiven oder partiell bis vollständig dominanten Allelwirkungen führen sowohl RRS als auch SRL zu einer Fixierung günstiger Allele. Der genetische Fortschritt und die Selektionsgrenze sollten deshalb annähernd gleich sein, solange gleiche Selektionsintensitäten und Generationsintervalle unterstellt werden. Bei Überdominanz führt RRS hingegen zu einer divergenten Allelfrequenzänderung in den Elternlinien, sobald die Frequenzen vom ursprünglichen Gleichgewicht innerhalb der Reinzuchtpopulationen abweichen. Die Selektionsgrenze ist unter RRS dann erreicht, wenn die Allele in beiden Populationen fixiert und alle Kreuzungen heterozygot sind. Im 1-Locus Fall ist Überdominanz die Voraussetzung, dass RRS der SRL überlegen ist. Bell u. a. (1952) wiesen zudem darauf hin, dass bei Epistasie eine RRS effizienter sein sollte, da die Frequenz günstiger epistatischer Kombinationen erhöht ist. Ein aussagefähiger Parameter zum Vergleich von Kreuzungszuchtprogrammen ist die Korrelation zwischen Reinzucht- und Kreuzungsleistung $\rho_{A_{s_r} A_{s_k}}$. Je höher diese Korrelation ist, desto weniger sollte die RRS der Reinzuchtstrategie überlegen sein. Nicht zu vergessen sind die Heritabilitäten von Reinzucht- und Kreuzungsleistung, die Auskunft über den informativen Wert einer Leistung für die Zuchtwertschätzung geben. Weitere wichtige Aspekte sollten beachtet werden: Bei einer positiven genetischen Korrelation führt Selektion zur Fixierung von Allelen, die sowohl für Reinzucht- als auch für Kreuzungsleistung codieren. Die genetische Korrelation kann deshalb sinken und sogar negativ werden, wenn Loci mit Überdominanz an der Leistungsausprägung beteiligt sind. Viele Autoren, wie u.a. Comstock und Robinson (1957), Pirchner und Von Krosigk (1973) und Pirchner und Mergel (1977), haben über ein Absinken der Korrelation nach Selektion berichtet und damit auf die zunehmende Bedeutung der nicht-additiv genetischen Varianz hingewiesen. Im Vergleich von RRS und SRL ist nicht nur der informative Wert von Reinzucht- und Kreuzungsleistung entscheidend, sondern auch das Generationsintervall und die Selektionsintensität. Denn eine Nachkommenschaftsprüfung hat gegenüber einer Eigenleistungsprüfung generell den Nachteil eines höheren Generationsintervalls und einer kleineren Selektionsintensität. Letztlich kann das optimale Zuchtprogramm nur unter Berücksichtigung aller Einflussgrößen auf den genetischen Fortschritt pro Jahr, der vorhandenen Populationsstruktur, der Prüfkapazität sowie den wirtschaftlichen Rahmenbedingungen gefunden werden (s. Kapitel 6).

Die Umsetzung einer reziprok rekurrenten Selektion in die bayerische Zuchtpraxis ist wohl auszuschließen. Zur Erzeugung der Kreuzungsnachkommen müssten die Zuchttiere der Vater- und Mutterassen reziprok verpaart werden. Dadurch würde das Generationsintervall in den Mutterpfaden beider Elternlinien steigen und weniger Zuchtkandidaten würden zur Selektion stehen. Beides senkt den Zuchtfortschritt pro Jahr. Dies würde den Vorteil einer Nutzung von nicht-additiv-genetischer Varianz sicherlich aufwiegen. Außerdem könnten die Züchter weniger Zuchttiere zum Verkauf an die Ferkelerzeugung produzieren, was sich nachteilig auf den Gewinn auswirken würde. Um genauere Aussagen geben zu können, müssten als erstes die nicht-additiv-genetischen Varianzen geschätzt werden. Dies erfordert jedoch ein sehr aufwän-

diges und kostspieliges Prüfdesign.

Kapitel 4

Populationsparameter für Leistungsmerkmale von Reinzucht- und Kreuzungsschweinen auf Station

In der bayerischen Nachkommen- und Geschwisterprüfung auf Station werden für die Vatterrasse Piétrain sowohl Reinzucht- als auch Kreuzungstiere getestet. Bisher wurde die Information von Reinzuchttieren genutzt, um Zuchtwerte für Reinzuchtleistung aller Eber und Sauen in der Zuchtstufe zu schätzen. Die Daten von Kreuzungstieren wurden hingegen ausschließlich zur Schätzung von Kreuzungszuchtwerten der Besamungseber und ihrer Vorfahren verwendet. Dies hatte zur Folge, dass viele Natursprungeber und Zuchtsauen keinen Zuchtwert für Kreuzungsleistung besaßen. Das bedeutendste Kriterium zur Selektion und Anpaarung von Zuchttieren war daher bisher der Zuchtwert für Reinzuchtleistung. Die Leistungsdaten von Kreuzungstieren, die viermal umfangreicher sind als die von Reinzuchttieren, wurden somit unzureichend für Selektionsentscheidungen genutzt. Eine Zuchtwertschätzung mit Hilfe von Reinzucht- und Kreuzungsleistungen ist die bessere Lösung. Darauf wiesen schon Hill (1971), Jacobec u. a. (1974), Sellier (1982), Bichard und David (1986), Orozco (1986), Singh und Dempfle (1989) sowie Wei (1993) hin. Für Natursprungeber und Zuchtsauen wird die Halbgeschwisterinformation aus der Kreuzungsprüfung und für Besamungseber die Voll- und Halbgeschwisterinformation aus der Reinzuchtprüfung für eine genauere Zuchtwertschätzung verfügbar. Alle Zuchttiere besitzen dann Zuchtwerte für Reinzucht- und Kreuzungsleistungen. Die rasanten Entwicklungen in der Rechentechnik ermöglichen die Verwendung komplexer Modelle, in denen Reinzucht- und Kreuzungsleistungen als genetisch verschiedene Merkmale definiert werden können. Dies setzt die Kenntnis der genetischen Korrelationen zwischen Reinzucht- und Kreuzungsmerkmalen voraus.

Seit dem Prüfwahl 2001 werden die Kreuzungstiere nicht mehr nur in 2er-Buchten, sondern auch in Großbuchten mit Abrufstation aufgestellt. Ob es sich bei den Leistungsdaten aus diesen beiden Aufstallungssystemen um genetisch verschiedene Merkmale handelt, bleibt nachfolgenden Untersuchungen vorbehalten. Deshalb werden in dieser Untersuchung nur die Leistungen von Tieren aus 2er-Buchten ausgewertet.

Ziel dieses Kapitels ist die Entwicklung eines Zuchtwertschätzmodells für Reinzucht- und Kreuzungsleistungen auf Station und die Schätzung der dafür notwendigen Populationsparameter.

4.1 Material und Methoden

4.1.1 Material

Die Datengrundlage bilden Ergebnisse aus den beiden bayerischen Leistungsprüfanstalten (LPA) in Grub und Schwarzenau. Die Prüfung wird gemäß der vom Ausschuss für Leistungsprüfung und Zuchtwertschätzung beim Schwein sowie der vom Zentralverband der Deutschen Schweineproduktion beschlossenen Richtlinien auf Mastleistung, Schlachtkörperwert und Fleischbeschaffenheit durchgeführt. Für die Vatterassen werden ausschließlich weibliche Tiere getestet, wobei die Reinzuchttiere aus Zuchtbetrieben und die Kreuzungstiere aus Ferkelerzeugerbetrieben stammen. Nach einer Quarantänezeit von sechs bis acht Wochen werden zwei Wurfgeschwister in einer 2er-Bucht aufgestellt. Der Prüfabschnitt ist gewichtsabhängig in einem Bereich von 30 bis 105 kg Lebendgewicht. Die Prüfferkel sind bei Prüfbeginn im Mittel 85 Tage alt.

Es sind Parameter zu schätzen, mit denen die Genauigkeit der Rangierung von Kandidatentieren mittels geschätzter Zuchtwerte maximiert wird. Deshalb sollte ein Datensatz verwendet werden, der die aktuelle Prüfsituation und Population widerspiegelt. In den vergangenen 10 Jahren gab es einige Änderungen in der Leistungsprüfung auf Station. So wurde 1994 die Quarantäne eingeführt und 1997 zeitlich verlängert, wodurch der umweltbedingte Betriebseinfluss kleiner wurde (Sörensen u. a., 1993). Die Prüfung von Besamungsebern mit Kreuzungsnachkommen nahm stark zu, während gleichzeitig die Zahl der Herkunftsbetriebe von 300 auf 150 zurückging. Außerdem ist die Berechnung der täglichen Zunahmen und der Futterverwertung in 2000 letztmalig angepasst worden. Aus diesen Gründen werden die Prüfergebnisse ab dem Jahr 2000 zur Parameterschätzung herangezogen, wobei nur die 2er-Buchten ausgewertet werden, in denen beide Wurfgeschwister die Prüfung beendet haben. Nach Plausibilitätstests und der Beseitigung von Ausreißern resultiert der in Tabelle 4.1 skizzierte Datensatz. Dieser enthält 4276 Reinzuchttiere aus 60 Zuchtbetrieben sowie 13980 Kreuzungstiere aus 221 Ferkelerzeugerbetrieben. Unter den Kreuzungstieren befinden sich 10463 Nachkommen von DL-Sauen und 3517 Nachkommen von Hybridsauen (DE*DL). Die durchschnittliche Nachkommenzahl je Eber be-

Tabelle 4.1: Verteilung der Prüftiere auf die Reinzucht- und Kreuzungsprüfung, die Leistungsprüfstationen in Bayern und weitere Kennzahlen zur Datenstruktur

Anzahl	gesamt	Grub	Schwarzenau	Betriebe	Väter	Tiere/Vater
Reinzucht	4276	2224	2052	60	682	6,3
Kreuzung	13980	8856	5124	221	1332	10,5

trägt in der Reinzuchtprüfung 6,3 und in der Kreuzungsprüfung 10,5. Dieser Unterschied ist mit den bisher gültigen Richtlinien des bayerischen Staatsministeriums zur Prüfung von Besamungsebern zu erklären, da für Natursprungeber vier und für Besamungseber acht Prüfgruppen angestrebt wurden. Die genetische Korrelation zwischen Reinzucht- und Kreuzungsleistungen wird im wesentlichen über die Halbgeschwisterfamilien von Besamungsebern geschätzt. Die Genauigkeit der Schätzung wird daher weitgehend von der Anzahl Väter mit Reinzucht- und Kreuzungsnachkommen sowie der Größe der Halbgeschwisterfamilien bestimmt. Im Datenmaterial befinden sich 332 Eber mit Information aus beiden Prüfungsformen, von denen 138 jeweils mindestens fünf Nachkommen in der Reinzucht- und Kreuzungsprüfung haben. In den

folgenden Tabellen 4.2 und 4.3 sind die Mittelwerte und Standardabweichungen der Leistungsmerkmale von Reinzucht- und Kreuzungstieren aufgelistet.

Tabelle 4.2: Mittelwerte ($\hat{\mu}$) und Standardabweichungen ($\hat{\sigma}_p$) für Reinzuchtleistung (n = 4276)

Merkmal, Einheit	Kürzel	$\hat{\mu}$	$\hat{\sigma}_p$
Tägliche Zunahmen, g/Tag	TZ _R	755,09	79,01
Futtermverwertung, kg/kg	FVW _R	2,42	0,19
Magerfleischanteil, %	MFA _R	66,11	2,13
Bauchfleischanteil, %	BFL _R	65,83	3,05
Rückenspeckdicke, cm	RSP _R	1,68	0,30
Leitfähigkeit ₂₄ im Rückenmuskel	LF _R	6,11	2,80
pH ₁ im Rückenmuskel	pH _{1R}	6,20	0,36
pH ₂₄ im Rückenmuskel	pH _{24R}	5,44	0,09
Fleischbeschaffenheitszahl	FBZ _R	65,89	9,08
intramuskulärer Fettgehalt, %	ImF _R	1,10	0,31

Tabelle 4.3: Mittelwerte ($\hat{\mu}$) und Standardabweichungen ($\hat{\sigma}_p$) für Kreuzungsleistung (n = 13980)

Merkmal, Einheit	Kürzel	$\hat{\mu}$	$\hat{\sigma}_p$
Tägliche Zunahmen, g/Tag	TZ _K	819,03	82,36
Futtermverwertung, kg/kg	FVW _K	2,47	0,19
Magerfleischanteil, %	MFA _K	63,12	1,98
Bauchfleischanteil, %	BFL _K	62,00	2,68
Rückenspeckdicke, cm	RSP _K	1,95	0,31
Leitfähigkeit ₂₄ im Rückenmuskel	LF _K	4,88	2,18
pH ₁ im Rückenmuskel	pH _{1K}	6,36	0,26
pH ₂₄ im Rückenmuskel	pH _{24K}	5,47	0,10
Fleischbeschaffenheitszahl	FBZ _K	68,55	7,90

Der Vergleich der Leistungen von Reinzucht- und Kreuzungstieren zeigt deutliche Unterschiede sowohl in den Mast- und Schlachtleistungsmerkmalen als auch in der Fleischbeschaffenheit. Die Kreuzungstiere zeichnen sich durch ein höheres Wachstumsniveau von etwa 65 g/Tag sowie durch eine bessere Fleischbeschaffenheit aus. Die Merkmale pH₁ und pH₂₄ liegen in einem Bereich, in dem die PSE- bzw. DFD-Problematik nicht mehr relevant ist. Die Reinzuchttiere haben dagegen eine wesentlich kleinere Fettauflage und besitzen daher einen höheren Magerfleischanteil. Außerdem sind die Reinzuchttiere den Kreuzungstieren in der Futtermverwertung überlegen. Der intramuskuläre Fettgehalt wurde bisher fast ausschließlich an Reinzuchttieren gemessen, so dass keine Kreuzungsparameter für dieses Merkmal geschätzt werden können. Durch das unterschiedliche Wachstumsniveau ist die durchschnittliche Mastdauer von Reinzuchttieren mit 103 Tagen höher als die von Kreuzungstieren mit 97 Tagen.

Das Pedigree wurde ausgehend von den Prüftieren vier Generationen rückwärts aufgestellt.

4.1.2 Modellierung der Reinzuchtleistung

Die Leistungsbeobachtung eines Reinzuchtieres l im Merkmal i wird durch das Modell

$$y_{ijkl} = \mu_i + b_i x_{jkl} + \alpha_{ij} + c_{ijk} + A_{ijkl} + e_{ijkl} \quad (4.1)$$

beschrieben, wobei μ_i das Populationsmittel, b_i ein fixer Regressionskoeffizient für Mast- und Schlachtleistungsmerkmale und x_{jkl} das Mastendgewicht darstellt. α_{ij} ist der fixe Effekt der LPA*Schlachtperiode für Schlachtleistungs- und Fleischbeschaffenheitsmerkmale bzw. LPA*-Prüfbeginnperiode für Mastleistungsmerkmale (Periode entspricht zwei Wochen). Desweiteren enthält das Modell mit c_{ijk} den zufälligen Effekt der Prüfgruppe k (zwei Wurfgeschwister in einer 2er-Bucht), den zufälligen, additiv-genetischen Effekt des Prüftieres l , A_{ijkl} , sowie die zufällige Restabweichung e_{ijkl} .

Die Aufstallung und Schlachtung der Tiere wird im wöchentlichen Rhythmus jeweils an einem Tag in der Woche durchgeführt. Zur Korrektur von Einflüssen durch die Meßtechniker, der Kalibrierung der Meßgeräte und des Wetters (u.a. Luftdruck, -feuchtigkeit, Fön), wäre es bei den Schlacht- und Fleischbeschaffenheitsmerkmalen sinnvoll, Prüftiere zu vergleichen, die in derselben Mastprüfanstalt und am selben Tag geschlachtet wurden. Zwar ist die durchschnittliche Besetzung eines solchen Effektes mit 10 Tieren zur Zeit nicht allzu ungünstig, jedoch nimmt die Zahl der auf Station geprüften Reinzuchttiere stetig ab, so dass die mittlere Anzahl in Zukunft wohl kleiner sein wird. Aus diesem Grund werden Reinzuchttiere aus zwei Schlachttagen innerhalb einer Mastprüfstation verglichen, obwohl dann messtagspezifische Effekt nicht mehr erfasst werden können. Die Prüfgruppe ist mit dem Schlachttag weder richtig kreuzklassifiziert noch vollständig darin genestet. Deshalb wird bei den Mastleistungsmerkmalen anstelle der Schlachtperiode die Prüfbeginnperiode modelliert, worin die Prüfgruppen vollständig genestet sind.

Der Prüfgruppeneffekt wird von maternalen Effekten (u.a. Parität der Mutter), Dominanzeffekten sowie der Wurf-, Betriebs- und Buchtumwelt beeinflusst. Da eine Prüfgruppe aus maximal zwei Tieren besteht, kann dieser Effekt nur ungenau geschätzt werden, was die Schätzgenauigkeit des Zuchtwertes beeinträchtigt. Daher stellt sich die Frage, welche Auswirkungen ein Modell ohne Gruppeneffekt auf die Schätzparameter hätte. Mit Hilfe einer MIVQUE-Analyse an einem reduzierten Modell ohne den Gruppeneffekt konnte eine erhebliche Überschätzung der additiv-genetischen Varianz nachgewiesen werden. Diese resultiert aus der Ähnlichkeit zwischen Wurfgeschwistern, die in den additiv-genetischen Effekt eingeht. Die Ähnlichkeit beruht vor allem auf der gemeinsamen Wurf- und Buchtumwelt sowie den Dominanzeffekten. Die Verzerrung ist dabei umso größer, je mehr Vollgeschwister im Verhältnis zu Halbgeschwistern im Datenmaterial enthalten sind und je größer die Varianz zwischen Prüfgruppen ist.

Ein Betrieb-Jahr-Effekt, der für umweltbedingte Einflüsse des Herkunftsbetriebes, wie das Fütterungsregime (kompensatorisches Wachstum), den Hygienestatus oder Krankheiten korrigieren sollte, ist wegen der relativ geringen Anzahl an Zuchtbetrieben ausreichend besetzt und war bei den Modelluntersuchungen hoch signifikant. Die Aufnahme eines Betrieb-Jahr-Effektes birgt jedoch die Gefahr einer Korrektur von genetischen Differenzen zwischen den Herden, weil eine genetische Verknüpfung der Betriebe kaum vorhanden ist. Dies zeigt sich darin, dass die Zuchtsauen zu 64 % mit Natursprungebern aus dem eigenen Betrieb und nur zu 36 % mit Besamungsebern verpaart wurden. Aus diesem Grund wird kein Betriebseffekt modelliert, weshalb die Betriebsumwelt in den Effekt der Prüfgruppe eingeht.

Da nur einmal pro Woche geschlachtet wird, kann das angestrebte Mastendgewicht von 105 kg selten eingehalten werden. Bedenkt man aber das physiologische Wachstum der Mastschweine zum Ende der Mast, so werden die Mast- und Schlachtleistungen entscheidend vom Mastendgewicht beeinflusst. Die täglichen Zunahmen sollten sinken, während die Fettretention steigen sollte (Kirchgessner, 1997). Eine Regression auf das Mastendgewicht ist daher für eine korrekte Zuchtwertschätzung unerlässlich. Der Regressionskoeffizient für die täglichen Zunahmen ist mit 13,1 (g/Tag)/kg positiv, was bedeutet, dass das Zunahmenniveau zum Ende der Mast noch über dem Durchschnitt der gesamten Mast liegt. Die Regressionskoeffizienten der Fleischanteilsmerkmale sind negativ und der des intramuskulären Fettgehaltes positiv, was die zunehmende Verfettung mit höherem Mastendgewicht bestätigt. Der Energiegehalt von Fettgewebe (niedriger Wassergehalt) ist fast doppelt so hoch wie von Muskelfleisch, weshalb mit zunehmender Fettretention, trotz des höheren Teilwirkungsgrades im Vergleich zum Muskelansatz, wesentlich mehr Futterenergie benötigt wird (Kirchgessner, 1997). Der Futteraufwand je zusätzliches Kilogramm Körpergewicht sollte daher zum Ende der Mast steigen. Als Regressorvariable für die Futterverwertung wird, anders als bei den übrigen Merkmalen, das durchschnittliche Mastendgewicht der Prüfgruppe verwendet (s. nachfolgendes Modell für Futterverwertung). Der Regressionskoeffizient ist allerdings entgegen der Erwartung negativ, so dass die Futterverwertung zu Mastende besser als im Durchschnitt der vorangegangenen Mastperiode ist.

Tabelle 4.4: Geschätzte Regressionskoeffizienten für das Mastendgewicht von Mastleistungs- und Schlachtkörpermerkmalen von Reinzucht- und Kreuzungstieren

Merkmal	TZ	FWW	MFA	BFL	RSP	ImF
Einheit	$\frac{g/Tag}{kg}$	$\frac{kg/kg}{kg}$	%/kg	%/kg	cm/kg	%/kg
Reinzucht	13,1	-0,17	-0,21	-0,27	0,02	0,005
Kreuzung	9,9	-0,13	-0,15	-0,14	0,02	-

Die **Modellierung der Futterverwertung** unterscheidet sich von den anderen Merkmalen, weil sie in 2er-Buchten nur als Mittelwert der Prüfgruppe erfasst werden kann. Der c_{ijk} -Effekt ist daher nicht von der Restabweichung zu trennen. Das Modell für die durchschnittliche Futterverwertung einer Prüfgruppe, bestehend aus zwei Vollgeschwistern, kann aus dem Modell 4.1 wie folgt abgeleitet werden:

$$\bar{y}_{ijk\cdot} = \frac{1}{2} \sum_{l=1}^2 y_{ijkl} = \mu_i + b_i \frac{1}{2} \sum_{l=1}^2 x_{jkl} + \alpha_{ij} + c_{ijk} + \frac{1}{2} \sum_{l=1}^2 A_{ijkl} + \frac{1}{2} \sum_{l=1}^2 e_{ijkl}.$$

Diese Gleichung kann umgeformt werden zu

$$\begin{aligned} \bar{y}_{ijk\cdot} &= \mu_i + b_i \bar{x}_{jk} + \alpha_{ij} + \frac{1}{2} A_{s_k} + \frac{1}{2} A_{d_k} + c_{ijk} + \frac{1}{2} \sum_{l=1}^2 (A_{w_{ijkl}} + e_{ijkl}) \\ &= \mu_i + b_i \bar{x}_{jk} + \alpha_{ij} + \frac{1}{2} A_{s_k} + \frac{1}{2} A_{d_k} + \epsilon_{ijk}, \end{aligned}$$

worin A_{s_k} der Zuchtwert des Vaters, A_{d_k} der Zuchtwert der Mutter und $A_{w_{ijkl}}$ das Mendelian Sampling ist. In einer multivariaten Zuchtwertschätzung mit dem Merkmal Futterverwertung muß das Tiermodell um die Prüftiere reduziert werden, so dass ausschließlich die Zuchtwerte

von Elterntieren und ihrer Vorfahren im Modell erscheinen. Da die Prüftiere keine Selektionskandidaten sind, ist dieses Vorgehen gerechtfertigt und hinsichtlich einer Reduzierung der Rechenkapazität auch sinnvoll. Mit dem Programm *VCE 4.2.5* (Neumaier und Groeneveld, 1998) ist es nicht gelungen, Varianzkomponenten für dieses reduzierte Tiermodell zu schätzen, weshalb es nochmals um den additiv-genetischen Effekt der Mutter zum reinen Vatermodell vereinfacht werden musste. In *VCE 4.2.5* kann die Restkovarianzstruktur zwischen dem Durchschnitt einer Prüfgruppe und Einzelleistungen nicht modelliert werden. Die Einzelleistungen müssen deshalb über die Prüfgruppen gemittelt werden. Nach eigenen MIVQUE-Analysen werden damit grundsätzlich alle Parameter unverzerrt geschätzt. Es besteht jedoch die Gefahr, dass die additiv-genetischen Kovarianzen durch die Vernachlässigung des Anpaarungsniveaus überschätzt werden. Hinzu kommt, dass die Natursprungeber fast ausschließlich im eigenen Betrieb eingesetzt werden, so dass vor allem die genetischen Betriebsdifferenzen die Varianz zwischen den Vätern vergrößern können. Daraus resultiert ein ähnlicher Effekt wie aus einer assortativen Anpaarung (Falconer und Mackay, 1996). In Voruntersuchungen konnte gezeigt werden, dass die additiv-genetische Varianz um bis zu 66,5 % (Magerfleischanteil) überschätzt war. Zur Schätzung unverzerrter Parameter wurde eine MIVQUE-Parameterschätzung in *FORTTRAN 90* programmiert. Das verwendete Modell entspricht einem bivariaten Sire-Dam-Modell, in das die Futterverwertung als Mittelwerte von Prüfgruppen und das jeweils andere Merkmal in Form von Einzelleistungen eingeht.

Für die Zuchtwertschätzung ergibt sich jedoch weiterhin ein Problem, wenn ein Tier der Vollgeschwistergruppe vorzeitig ausfällt. Die Futterverwertung des verbleibenden Tieres ist dann eine Mischbeobachtung aus Gruppenmittel- und Einzelwert, die vom Zeitpunkt des Ausfalls abhängt. Die Verwendung von heterogenen Varianzen in Abhängigkeit des Ausfallzeitpunktes wäre daher sinnvoll, jedoch sind diese mit dem vorliegenden Datensatz nicht schätzbar. Krieter (1986) schlug ein Regressionsverfahren vor, in dem aus der mittleren Futterverwertung und den individuellen täglichen Zunahmen eine Einzelbeobachtung für die Futterverwertung geschätzt wird. Die Eigenschaften dieser Beobachtung sind aber nur schwer abschätzbar. Deshalb bleiben die Schwierigkeiten bei der Auswertung der Futterverwertung bis zur vollständigen Umstellung auf die Großgruppen mit Abrufstation bestehen.

4.1.3 Modellierung der Kreuzungsleistung

Die Leistungsbeobachtung eines Kreuzungstieres o im Merkmal i wird durch das Modell

$$y_{ijklmno} = \mu_i + b_i x_{ijklmno} + \alpha_{ij} + \beta_{ik} + \gamma_{il} + \frac{1}{2} A_{im} + c_{ijklmn} + e_{ijklmno}$$

beschrieben. In diesem Modell ist μ_i das Populationsmittel, b_i ein fixer Regressionskoeffizient für Mast- und Schlachtleistungsmerkmale und α_{ij} der fixe Effekt des Kreuzungstyps (Pi*DL oder Pi*(DE*DL)). Desweiteren ist β_{ik} der fixe Effekt der LPA*Schlachttag für Schlachtleistungs- und Fleischbeschaffenheitsmerkmale bzw. LPA*Prüfbeginnwoche für Mastleistungsmerkmale und γ_{il} der zufällige Herkunftsbetrieb-Jahr Effekt. A_{im} ist der Zuchtwert für Kreuzungsleistung des Vaters m , c_{ijklmn} ist der zufällige Effekt der Prüfgruppe n , genestet im Kreuzungstyp j , LPA*Prüfbeginnwoche k , Herkunftsbetrieb l und Vater m . $e_{ijklmno}$ stellt die zufällige Restabweichung dar.

Im Gegensatz zur Reinzuchtprüfung werden wöchentlich ausreichend viele Kreuzungstiere eingestallt und geschlachtet (durchschnittlich 32 Tiere je Mastprüfanstalt), so dass der Schlacht-

tag bzw. die Prüfbeginnwoche als fixer Effekt im Modell erscheint. Hinsichtlich der Modellierung des LPA-Effektes ist folgendes anzumerken. In Bayern gibt es drei Besamungsstationen, die über die Auswahl ihrer Besamungseber möglicherweise unterschiedliche Zuchtziele verfolgen. Durch die regionale Verteilung der Besamungsstationen stammen die Prüfnachkommen in Schwarzenau überwiegend von KB-Ebern aus Neustadt-Aisch ab, während in Grub hauptsächlich Nachkommen der KB-Eber aus Bergheim und Landshut stehen. Die Besamungsstationen sind dadurch weitgehend in der LPA genestet. Damit ist die Gefahr gegeben, dass durch den LPA-Effekt genetische Unterschiede zwischen den KB-Ebern korrigiert werden. Deshalb wird ein Austausch von Prüfgruppen zwischen den Leistungsprüfanstalten durchgeführt, der jährlich 10 % betragen soll. Im Zeitraum von 2000 bis 2004 überwog der Transfer von Nord- nach Südbayern mit etwa 12 %, während der Austausch in die umgekehrte Richtung mit ca. 7,7 % geringer war.

Die Modellierung des Betriebseffektes ist weniger wegen der umweltbedingten Einflüsse, sondern vielmehr wegen der genetischen Unterschiede zwischen den Herden in der Ferkelerzeugung notwendig. Dies wäre kein Problem, wenn alle Prüfgruppen eines Ebers aus verschiedenen Betrieben stammen würden. Im vorliegenden Datenmaterial trifft dies allerdings nur auf 10 % der Eber zu. Ohne die Modellierung eines Betriebseffektes wäre der Zuchtwert vieler Eber mit dem genetischen Herdeneffekt vermengt. Die Nestung des Betriebseffektes innerhalb des Jahres bezieht mögliche (genetische) Trends mit ein. Die Effektklassen enthalten zwar im Durchschnitt 24 Prüftiere, jedoch existieren viele Klassen die schwach besetzt sind. So besitzen 25 % der Klassen weniger als sieben Tiere, weshalb der Betrieb-Jahr-Effekt als zufällig modelliert wird. Damit findet ein Vergleich von Ebern auch über die Betriebe statt, so dass die Schätzung der Vaterzuchtwerte an Genauigkeit gewinnt. Die Definition als zufällig ist jedoch kritisch zu betrachten, da hiermit auch eine Verzerrung der Zuchtwerte einhergehen könnte. Die Modellierung als zufällig stellt daher nur einen Kompromiss zwischen Genauigkeitszuwachs und Verzerrung dar. Zur statistischen Überprüfung des Betriebseffektes wurde ein Likelihood Ratio-Test mit logarithmierten Likelihood-Werten aus VCE durchgeführt. Die χ^2 -verteilte Testgröße ist die zweifache, negative Differenz der Log-Likelihood Werte. In Tabelle 4.5 sind die Log-Likelihood-Werte, die Testgröße, das Signifikanzniveau sowie der Anteil der Varianz zwischen Betrieben an der Gesamtvarianz angegeben.

Das Modell für die Kreuzungsleistung entspricht einem reinen Vatermodell, weil der Zuchtwert der Muttersau nicht modelliert werden kann. Da die Muttersau, eine Produktionssau aus der Ferkelerzeugung, meist nur eine Prüfgruppe auf Station hat und keine Pedigreeverknüpfungen zur Mutterlinie verfügbar sind, kann der Muttereffekt nicht vom Gruppeneffekt getrennt werden. Somit ist nur der halbe Zuchtwert für Kreuzungsleistung des Vaters schätzbar. Für die Vatterasse ergibt sich dadurch kein Genauigkeitsverlust. Allerdings können die Leistungen von Kreuzungstieren nicht als Information für die Mutterrassen genutzt werden, solange die Abstammungsdaten nicht verlässlich aufgezeichnet werden. Im Vatermodell kann das Anpaarungsniveau nicht erfasst werden, so dass eine zufällige Anpaarung der Besamungseber an die Produktionssauen in der Ferkelerzeugung vorausgesetzt wird.

Der Prüfgruppeneffekt enthält somit den halben Zuchtwert für Kreuzungsleistung der Mutter, maternale Effekte, Dominanzeffekte sowie die Wurf- und Buchtumwelt. Der Resteffekt umfasst neben den unspezifischen Umwelteffekten, das Mendelian Sampling und weitere Dominanzeffekte. Zur Schätzung der Kovarianzen zwischen der Futtermittelverwertung und den übrigen Merkmalen in der Kreuzung wurden die Einzelleistungen der Prüfgruppen gemittelt.

Tabelle 4.5: VCE-Log-Likelihood-Werte des vollständigen und um den Betriebseffekt reduzierten Modells, Testgröße, Signifikanzniveau und Anteil der Betriebsvarianz an der Gesamtvarianz (b^2) für Kreuzungsmerkmale

	TZ_K	FVW_K	MFA_K	BFL_K	RSP_K
Log L vollst. Modell	9834,03	8169,3	11164,95	11262,04	9643,80
Log L red. Modell	9854,27	8195,3	11190,27	11276,30	9671,15
Testgröße ($-2\Delta\text{Log L}$)	40,48	52	50,65	28,52	54,7
Signifikanzniveau ¹⁾	**	**	**	**	**
b^2 , %	2,2	3,1	2	1,5	2,1

	LF_K	pH_{1K}	pH_{24K}	FBZ_K
Log L vollst. Modell	10116,04	11611,1	11350,2	12456,7
Log L red. Modell	10133,05	11613,1	11359,8	12459,2
Testgröße ($-2\Delta\text{Log L}$)	34,02	4	19,2	5
Signifikanzniveau ¹⁾	**	*	**	*
b^2 , %	1,3	0,4	0,8	0,4

¹⁾*signifikant $0,01 < p < 0,05$; ** hoch signifikant $p < 0,01$

Die varianzanalytische Auswertung erfolgte für alle Merkmale, außer für die Futterverwertung in Reinzucht, mit dem Programm VCE 4.2.5 (Neumaier und Groeneveld, 1998), welches REML-Schätzwerte für die Kovarianzkomponenten liefert. Zunächst wurden univariate Schätzungen mit den getrennten Datensätzen aus Grub und Schwarzenau durchgeführt, um eventuelle Unterschiede in den Varianzkomponenten festzustellen. Anschließend wurden die genetischen Korrelationen zwischen den Prüfstationen in bivariaten Schätzungen ermittelt. Dafür stehen in der Reinzuchtprüfung 112 Eber mit durchschnittlich 14 Nachkommen und in der Kreuzungsprüfung 297 Eber mit durchschnittlich 12 Nachkommen zur Verfügung. Schließlich wurden die genetischen Korrelationen zwischen den Merkmalen unter Verwendung des gepoolten Gesamtdatensatzes mit bivariaten Modellen geschätzt.

4.1.4 Varianz am Halothan-Locus

Die begonnene Sanierung des Halothan-Locus (Fujii u. a., 1991) in der Piétrain-Population mit den Allelen N und n führte zu einem Absinken der Frequenz des n-Allels. Die genaue Entwicklung der Allelfrequenz in den letzten 10 Jahren ist nur schwer abschätzbar, weil eine Genotypisierung nicht vorgeschrieben ist. Der Anteil der typisierten Zuchteber und -sauen ist in diesem Zeitraum aber von je 30 % auf 75 % bzw. 50 % gestiegen. Die Frequenz des n-Allels des typisierten Geburtsjahrgangs 2003 beträgt 0,6 bei Ebern und 0,3 bei Sauen. Es gibt jedoch Hinweise, dass gerade mutmaßliche nn-Tiere nicht typisiert werden, so dass die Allelfrequenz höher liegen könnte. An einem Datensatz von 4000 stationsgeprüften Reinzuchttieren mit bekannten Genotypen wurden die Genotypwerte geschätzt. Dazu diente ein Zuchtwertschätzmodell, in dem der Genotyp als fixer Effekt enthalten war. Die additiv-genetischen Varianzen wurden zuvor an demselben Modell ermittelt. Aus der halben Differenz der Homozygoten und der Abweichung der Heterozygoten vom Homozygotenmittel ergeben sich dann die Werte a bzw. d (Falconer und Mackay, 1996). In dieser Arbeit wird die Konvention getroffen, dass der Geno-

typ NN den Genotypwert +a und nn den Genotypwert -a erhält. Damit wird untersucht, welchen Einfluss der Halothan(Hal)-Locus auf die additiv-genetischen Varianzen und Heritabilitäten hat.

Außerdem wurde ein analytisches Modell programmiert, das den Zuchtwert in den Zuchtwert am Hal-Locus und einen Restzuchtwert aufteilt. Daran soll der Effekt des Hal-Locus bei verschiedenen Korrelationsniveaus im Restzuchtwert untersucht werden. In diesen Analysen wird zum einen unterstellt, dass keine epistatischen Effekte zwischen dem Hal-Locus und anderen Loci auftreten und zum anderen, dass die Mutterrassen vollständig saniert sind.

4.1.5 Informativer Wert eines Reinzuchtieres

Die Populationsparameter für Reinzucht- und Kreuzungsleistung haben Einfluss auf das Design für eine effiziente Leistungsprüfung auf Station. Da das Zuchtziel ausschließlich Zuchtwerte für Kreuzungsleistung enthält, kann der informative Wert eines Reinzuchtnachkommen bei einer genetischen Korrelationen unter 1 kleiner sein als der eines Kreuzungstieres. Ausgehend von der Genauigkeit des geschätzten Kreuzungszuchtwertes aus n_R geprüften Reinzuchtnachkommen, wird die äquivalente Anzahl zu prüfender Kreuzungsnachkommen n_K ermittelt, welche dieselbe Genauigkeit der Zuchtwertschätzung erzielen. Die Berechnungsformel wird wie folgt abgeleitet:

$$\rho_{A_K \hat{A}_K} = \frac{\text{Cov}(A_K, b\bar{y}_R)}{\sqrt{\text{Var}(A_K)\text{Var}(b\bar{y}_R)}},$$

wobei $\rho_{A_K \hat{A}_K}$ die Korrelation zwischen dem wahren und geschätzten Zuchtwert für Kreuzungsleistung (A_K bzw. $\hat{A}_K$), $\bar{y}_R$ der Durchschnitt der unabhängigen Reinzuchtnachkommen eines Ebers und b der Regressionskoeffizient zur Schätzung des halben Eberzuchtwertes in Reinzucht ist. Diese Gleichung kann umgeformt werden zu

$$\begin{aligned} \rho_{A_K \hat{A}_K} &= \frac{\frac{1}{2}b\sigma_{A_K A_R}}{\sigma_{A_K} \sqrt{b^2(\frac{1}{4}\sigma_{A_R}^2 + \frac{\sigma_e^2}{n_R})}} \\ &= \frac{\sigma_{A_K A_R}}{\sigma_{A_K} \sigma_{A_R}} \cdot \frac{\frac{1}{2}\sigma_{A_R}}{\sqrt{\frac{1}{4}\sigma_{A_R}^2 + \frac{\sigma_e^2}{n_R}}} \\ &= \rho_{A_K A_R} \sqrt{\frac{n_R}{n_R + \lambda_R}} \\ &= \rho_{A_K A_R} \rho_{A_R \hat{A}_R}, \end{aligned}$$

mit $\lambda_R = \frac{4-h_R^2}{h_R^2}$. Dabei ist h_R^2 die Heritabilität für Reinzuchtleistung, $\rho_{A_K A_R}$ die genetische Korrelation zwischen Reinzucht- und Kreuzungsleistung und $\rho_{A_R \hat{A}_R}$ die Korrelation zwischen dem wahren und geschätzten Zuchtwert für Reinzuchtleistung. Ersetzt man $\rho_{A_K \hat{A}_K}$ durch $\sqrt{\frac{n_K}{n_K + \lambda_K}}$, ergibt sich die äquivalente Anzahl Kreuzungsnachkommen aus

$$n_K = \frac{\lambda_K \rho_{A_K A_R}^2 \rho_{A_R \hat{A}_R}^2}{1 - \rho_{A_K A_R}^2 \rho_{A_R \hat{A}_R}^2} = \frac{\lambda_K \rho_{A_K A_R}^2}{1 - \rho_{A_K A_R}^2 + \frac{\lambda_R}{n_R}},$$

wobei $\lambda_K = \frac{4-h_K^2}{h_K^2}$ ist und h_K^2 die Heritabilität für Kreuzungsleistung darstellt.

4.2 Ergebnisse

In den beiden nachfolgenden Tabellen 4.6 und 4.7 werden die Varianzkomponenten und Heritabilitäten aus univariaten Schätzungen mit den getrennten Datensätzen für Grub und Schwarzenau sowie dem Gesamtdatensatz dargestellt. Außerdem sind darin die genetischen Korrelationen zwischen den Leistungen auf den zwei bayerischen Leistungsprüfstationen aufgeführt.

Tabelle 4.6: Populationsparameter für Reinzuchtleistung auf Station

Merkmal	Datensatz	$\hat{\mu}$	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_c^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{h}^2$	$\hat{\rho}$ (s.e.)
TZ_R	Schwarzenau	753 ^a	2175	892	1802	4869	0,45	1,00 (0,00)
	Grub	759 ^a	1425	1488	2165	5078	0,28	
	Gesamt	755	1824	1191	1976	4991	0,37	
$FVW_R^{1),2),3)}$	Schwarzenau	2,38 ^a	6,28	-	24,70	27,84	0,23	0,52 (0,38)
	Grub	2,46 ^b	6,68	-	24,72	28,06	0,24	
	Gesamt	2,42	6,34	-	24,37	27,45	0,23	
MFA_R	Schwarzenau	66,2 ^a	2,47	0,53	1,52	4,52	0,55	1,00 (0,00)
	Grub	66,0 ^b	2,47	0,09	1,29	3,85	0,64	
	Gesamt	66,1	2,46	0,32	1,40	4,18	0,59	
BFL_R	Schwarzenau	65,8 ^a	6,06	0,67	2,63	9,36	0,65	0,94 (0,067)
	Grub	65,7 ^a	5,98	0,55	2,43	8,96	0,67	
	Gesamt	65,8	6,00	0,64	2,54	9,18	0,65	
$RSP_R^{1)}$	Schwarzenau	1,58 ^a	34,71	4,50	35,01	74,22	0,47	1,00 (0,00)
	Grub	1,78 ^b	33,78	4,03	36,99	74,77	0,45	
	Gesamt	1,68	35,27	4,26	36,60	76,13	0,46	
LF_R	Schwarzenau	5,97 ^a	4,30	0,002	0,96	5,26	0,82	0,88 (0,06)
	Grub	6,23 ^b	4,99	0,027	2,18	7,20	0,69	
	Gesamt	6,11	4,37	0,007	1,78	6,22	0,70	
$pH_{1R}^{1)}$	Schwarzenau	6,19 ^a	71,02	3,50	13,69	88,20	0,82	0,93 (0,06)
	Grub	6,20 ^a	78,41	0,00	42,17	120,47	0,67	
	Gesamt	6,20	75,35	2,63	31,06	109,92	0,71	
pH_{24R}^b	Schwarzenau	5,45 ^a	1,97	0,00	2,96	4,93	0,40	0,72 (0,18)
	Grub	5,43 ^b	1,40	0,36	8,48	10,24	0,14	
	Gesamt	5,44	1,69	0,26	6,09	8,04	0,21	
FBZ_R	Schwarzenau	65,2 ^a	32,38	2,41	13,01	47,71	0,72	1,00 (0,00)
	Grub	66,1 ^b	58,36	0,16	46,73	105,69	0,58	
	Gesamt	65,9	44,95	0,80	31,71	77,46	0,61	
ImF_R	Schwarzenau	1,04	0,029	0,010	0,027	0,066	0,44	1,00 (0,00)
	Grub	1,15	0,034	0,018	0,037	0,089	0,38	
	Gesamt	1,10	0,034	0,013	0,031	0,078	0,43	

¹⁾ Varianzkomponenten multipliziert mit 10^3 ; ²⁾ MIVQUE-Schätzwerte; ³⁾ Heritabilität bezieht sich auf Gruppenmittelwerte; $\hat{\sigma}_A^2$ = additiv-genetische Varianz; $\hat{\sigma}_c^2$ = Varianz zwischen Prüfgruppen; $\hat{\sigma}_e^2$ = Restvarianz; $\hat{\sigma}_p^2$ = phänotypische Varianz; $\hat{\rho}$ = genetische Korrelation zwischen Stationen

Tabelle 4.7: Populationsparameter für Kreuzungsleistung auf Station

Merkmal	Datensatz	$\hat{\mu}$	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_b^2$	$\hat{\sigma}_c^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{h}^2$	$\hat{\rho}$ (s.e.)
TZ _K	Schwarzenau	830 ^a	1240	106	1373	3799	5588	0,22	0,80 (0,13)
	Grub	812 ^b	1632	142	1822	2972	5344	0,30	
	Gesamt	820	1488	124	1677	3265	5438	0,28	
FVW _K ^{1),2)}	Schwarzenau	2,39 ^a	7,21	0,85	-	23,64	26,29	0,28	0,53 (0,16)
	Grub	2,51 ^b	9,61	0,59	-	26,83	29,79	0,32	
	Gesamt	2,47	8,52	0,62	-	25,88	28,63	0,30	
MFA _K	Schwarzenau	63,1 ^a	1,25	0,10	0,89	2,42	3,72	0,34	0,98 (0,01)
	Grub	63,2 ^a	1,86	0,05	0,82	2,33	3,67	0,51	
	Gesamt	63,1	1,62	0,07	0,84	2,36	3,68	0,44	
BFL _K	Schwarzenau	62,0 ^a	2,06	0,15	1,72	4,37	6,76	0,30	0,87 (0,08)
	Grub	62,1 ^a	3,23	0,08	1,58	4,47	6,94	0,46	
	Gesamt	62,0	2,83	0,11	1,62	4,43	6,87	0,41	
RSP _K ¹⁾	Schwarzenau	1,83 ^a	19,2	2,1	18,1	55,6	80,6	0,24	0,78 (0,11)
	Grub	2,01 ^b	32,3	1,0	11,2	59,3	79,6	0,41	
	Gesamt	1,95	27,1	1,6	13,7	58,1	80,2	0,34	
LF _K	Schwarzenau	4,97 ^a	1,37	0,02	0,41	2,53	3,30	0,41	0,82 (0,10)
	Grub	4,84 ^b	1,51	0,04	0,44	3,11	3,97	0,38	
	Gesamt	4,88	1,40	0,04	0,44	2,91	3,74	0,38	
pH _{1K} ¹⁾	Schwarzenau	6,35 ^a	16,8	0,24	8,97	39,5	52,9	0,32	0,81 (0,10)
	Grub	6,36 ^b	22,2	0,56	5,69	58,5	70,3	0,32	
	Gesamt	6,36	19,9	0,38	7,07	51,9	64,3	0,31	
pH _{24K} ¹⁾	Schwarzenau	5,48 ^a	2,27	0,15	0,98	4,33	5,99	0,39	0,85 (0,21)
	Grub	5,47 ^b	0,7	0,11	0,79	9,36	11,70	0,06	
	Gesamt	5,47	1,21	0,07	0,87	7,67	9,82	0,14	
FBZ _K	Schwarzenau	67,1 ^a	7,6	0,4	6,7	29,3	38,2	0,20	0,34 (0,14)
	Grub	69,4 ^b	18,3	0,3	5,7	64,1	74,7	0,24	
	Gesamt	68,6	13,0	0,3	6,5	51,9	61,9	0,21	

¹⁾ Varianzkomponenten multipliziert mit 10³; ²⁾ Heritabilität bezieht sich auf Gruppenmittelwerte; $\hat{\sigma}_A^2$ = additiv-genetische Varianz; $\hat{\sigma}_b^2$ = Varianz zwischen Betrieben; $\hat{\sigma}_c^2$ = Varianz zwischen Prüfgruppen; $\hat{\sigma}_e^2$ = Restvarianz; $\hat{\sigma}_p^2$ = phänotypische Varianz; $\hat{\rho}$ = genetische Korrelation zwischen Stationen

Die genetischen und phänotypischen Korrelationen von Reinzucht- und Kreuzungsmerkmalen aus dem Gesamtdatensatz können den weiteren Tabellen entnommen werden. Darin ist auch der Anteil der Gruppen- an der Gesamtvarianz (c^2) zu finden. Die Schätzwerte wurden den bivariaten Auswertungen entnommen, weshalb die Korrelationsmatrizen nicht positiv definit sind.

Tabelle 4.8: Genetische und phänotypische Korrelationen (obere bzw. untere Dreiecksmatrix), Heritabilitäten (Diagonale) sowie c^2 -Effekte von Mast-, Schlacht- und Fleischbeschaffenheitsmerkmalen für Reinzuchtleistung auf Station (Gesamtdatensatz)

	TZ_R	FVW_R	MFA_R	BFL_R	RSP_R	LF_R	pH_{1R}	pH_{24R}	FBZ_R	ImF_R
TZ_R	0,37	-0,46	-0,42	-0,41	0,36	0,14	-0,08	-0,30	-0,02	0,18
FVW_R	-0,40	0,23	-0,38	-0,38	0,39	-0,30	0,30	0,63	0,18	0,26
MFA_R	-0,26	-0,25	0,59	0,83	-0,62	0,39	-0,28	-0,28	-0,28	-0,33
BFL_R	-0,27	-0,28	0,73	0,65	-0,88	0,42	-0,33	-0,24	-0,34	-0,36
RSP_R	0,26	0,22	-0,4	-0,63	0,46	-0,34	0,25	0,24	0,23	0,31
LF_R	-0,00	-0,19	0,30	0,26	-0,14	0,70	-0,95	-0,79	-0,93	-0,20
pH_{1R}	0,03	0,16	-0,22	-0,24	0,12	-0,71	0,71	0,75	0,98	0,17
pH_{24R}	-0,01	0,18	-0,12	-0,08	0,04	-0,28	0,25	0,21	0,69	0,06
FBZ_R	0,05	0,08	-0,19	-0,21	0,11	-0,63	0,92	-0,01	0,61	0,20
ImF_R	0,20	0,11	-0,23	-0,23	0,20	-0,07	0,07	0,04	0,08	0,43
c^2	0,22	-	0,08	0,09	0,08	0,00	0,03	0,04	0,02	0,18

s.e.($\hat{h}^2$)= 0,022-0,035; FVW_K : s.e.($\hat{h}^2$) = 0,1; s.e.($\hat{\rho}$)= 0,04-0,07

Tabelle 4.9: Genetische und phänotypische Korrelationen (obere bzw. untere Dreiecksmatrix), Heritabilitäten (Diagonale) sowie c^2 -Effekte von Mast-, Schlacht- und Fleischbeschaffenheitsmerkmalen für Kreuzungsleistung auf Station (Gesamtdatensatz)

	TZ_K	FVW_K	MFA_K	BFL_K	RSP_K	LF_K	pH_{1K}	pH_{24K}	FBZ_K
TZ_K	0,28	-0,40	-0,18	-0,18	0,14	-0,05	0,06	-0,03	0,10
FVW_K	-0,33	0,30	-0,32	-0,39	0,30	-0,19	0,11	0,22	0,02
MFA_K	-0,14	-0,24	0,44	0,85	-0,54	0,38	-0,38	-0,18	-0,29
BFL_K	-0,14	-0,28	0,84	0,41	-0,83	0,27	-0,27	-0,07	-0,23
RSP_K	0,16	0,22	-0,41	-0,58	0,34	-0,04	0,03	-0,06	0,07
LF_K	-0,04	-0,07	0,26	0,18	-0,04	0,38	-0,93	-0,34	-0,83
pH_{1K}	0,04	0,03	-0,20	-0,15	0,03	-0,62	0,31	0,47	0,84
pH_{24K}	0,00	0,09	-0,10	-0,07	0,04	-0,19	0,23	0,15	-0,03
FBZ_K	0,06	-0,02	-0,12	-0,09	0,01	-0,48	0,80	-0,25	0,21
c^2	0,31	-	0,23	0,23	0,17	0,11	0,11	0,08	0,10

s.e.($\hat{h}^2$)= 0,016-0,024; FVW_K : s.e.($\hat{h}^2$) = 0,07; s.e.($\hat{\rho}$)= 0,02-0,04

4.2.1 Additiv-genetische Varianz am Halothan-Locus

Die nn-Tiere zeichnen sich durch höhere Fleischanteile, bessere Futterverwertung, eine bessere Fleischreifung nach dem Schlachten (pH_{24}), aber auch durch schlechtere Fleischbeschaffenheit und niedrigere ImF-Werte aus (Tabelle 4.11). Mit Ausnahme der Futterverwertung und des pH_{24} sind die heterozygoten Tiere dem NN-Genotyp ähnlicher als dem nn-Genotyp. Eine weitere Ausnahme bildet das Merkmal tägliche Zunahmen, bei dem sich die homozygoten

Tabelle 4.10: Genetische Korrelationen von Mast-, Schlacht- und Fleischbeschaffenheitsmerkmalen auf Station für Reinzucht- und Kreuzungsleistung (Gesamtdatensatz)

	TZ _K	FVW _K	MFA _K	BFL _K	RSP _K	LF _K	pH _{1K}	pH _{24K}	FBZ _K
TZ _R	0,88	-0,14	-0,27	-0,33	0,18	0,04	-0,05	-0,02	-0,07
FVW _R	-0,28	0,74	-0,40	-0,48	0,44	0,09	-0,04	0,28	-0,19
MFA _R	-0,20	-0,47	0,90	0,77	-0,43	0,46	-0,54	-0,68	-0,19
BFL _R	-0,23	-0,61	0,74	0,92	-0,77	0,43	-0,45	-0,46	-0,22
RSP _R	0,26	0,44	-0,56	-0,85	0,92	-0,33	0,35	0,07	0,29
LF _R	0,23	-0,32	0,34	0,28	-0,11	0,88	-0,89	-0,40	-0,73
pH _{1R}	-0,27	0,27	-0,23	-0,18	0,02	-0,84	0,82	0,42	0,71
pH _{24R}	-0,43	0,40	-0,18	-0,11	-0,21	-0,75	0,82	0,86	0,45
FBZ _R	-0,23	0,23	-0,22	-0,18	0,07	-0,81	0,84	0,30	0,71
ImF _R	0,23	0,22	-0,22	-0,25	0,31	0,02	0,04	0,17	0,07

s.e.($\hat{\rho}_{A_R A_K}$) = 0,04-0,08; FVW: s.e.($\hat{\rho}_{A_R A_K}$) = 0,11

Genotypen nicht signifikant unterscheiden. Diese Ergebnisse stimmen gut mit der Darstellung in einer Literaturzusammenfassung von Webb u. a. (1982) überein. Die Differenzen zwischen NN- und Nn-Genotypen in den täglichen Zunahmen waren, wie in dieser Auswertung, im Allgemeinen klein oder nicht signifikant (Leach u. a., 1996; Prommier u. a., 1992; Sather u. a., 1991; Simpson und Webb, 1989). Bei der Ableitung der additiv-genetischen Varianz wurde der Schätzfehler der geschätzten Genotypwerte nicht berücksichtigt, da sich dieser als vernachlässigbar gering herausstellte. Für die Berechnung des Anteils der Varianz am Hal-Locus an der gesamten additiv-genetischen Varianz wurde eine Allelfrequenz von 0,5 unterstellt. Der Anteil ist bei den Merkmalen pH_{1R}, FBZ_R und LF_R mit 86 %, 82 % bzw. 88 % am größten, gefolgt vom Mager- und Bauchfleischanteil mit 34 % bzw. 24 %. Geringeren Einfluss hat der Hal-Locus sowohl auf die Fettmerkmale Rückenspeckdicke und intramuskulärer Fettgehalt mit Anteilen von 9 % bzw. 7 % sowie auf die Futterverwertung mit 4 %. In den täglichen Zunahmen ist bei dieser Allelfrequenz keine additiv-genetische Varianz am Hal-Locus feststellbar. Durch die Korrektur der additiv-genetischen Varianz des gesamten polygenen Zuchtwertes um die Varianz am Hal-Locus ergeben sich die in der Tabelle 4.11 angegebenen Heritabilitäten für Reinzuchtmerkmale. Die Sanierung der Mutterassen hat zur Fixierung des N-Allels geführt, so dass der Gensubstitutionseffekt und infolgedessen auch die Varianz am Hal-Locus in der Kreuzung kleiner ist als in der Reinzucht. In den Fleischanteilsmerkmalen sowie der Rückenspeckdicke beträgt die Differenz etwa 50 %, während sie in den Fleischbeschaffenheitsmerkmalen deutlich höher ist. In den Merkmalen Futterverwertung und pH₂₄ findet man hingegen eine höhere Varianz in der Kreuzung als in Reinzucht.

Am analytischen Modell zur Trennung des Zuchtwertes für den Hal-Locus vom Restzuchtwert konnte gezeigt werden, dass der Hal-Locus zu einer Reduktion der genetischen Korrelation zwischen Reinzucht- und Kreuzungsleistung führt, sofern die Korrelation im Restzuchtwert 1 ist. Andernfalls steigt die genetische Korrelation mit dem Einfluss des Hal-Locus, da die Ähnlichkeit zwischen verwandten Tieren zunimmt. Daher wären die genetischen Korrelationen (Tabelle 4.10) nach einer Korrektur um 2-5 % kleiner.

Tabelle 4.11: Genotypdifferenzen, additiv-genetische Varianz des gesamten polygenen Zuchtwertes (σ_A^2), additiv-genetische Varianz am Hal-Locus (σ_{Hal}^2) bei einer Allelfrequenz von 0,5, Anteil von σ_{Hal}^2 an σ_A^2 in Prozent sowie Heritabilität nach der Korrektur von σ_{Hal}^2 für Mastleistungs-, Schlachtkörper- und Fleischbeschaffungsmerkmale von Reinzuchttieren

Merkmal	NN-nn	NN-Nn	a	d	σ_A^2	σ_{Hal}^2	$\sigma_{Hal}^2/\sigma_A^2, \%$	h_{kor}^2	h^2
TZ _R	0	-7	0	7	1824	0	0	0,37	0,37
FVW _R ¹⁾	0,045	0,0392	0,022	-0,017	6,34	0,25	4	0,22	0,23
MFA _R	-2,58	-0,95	-1,29	-0,35	2,46	0,83	34	0,49	0,59
BFL _R	-3,41	-1,23	-1,71	-0,48	6,00	1,46	24	0,59	0,65
RSP _R ¹⁾	0,17	0,06	0,08	0,02	35,27	3,20	9	0,44	0,46
LF _R	-5,56	-1,97	-2,78	-0,81	4,37	3,86	88	0,21	0,70
pH _{1R} ¹⁾	0,73	0,22	0,36	0,14	75,35	64,81	86	0,24	0,71
pH _{24R} ¹⁾	0,06	0,04	0,03	-0,01	1,69	0,45	26	0,16	0,21
FBZ _R	17,15	4,31	8,57	4,26	44,95	36,72	82	0,20	0,61
ImF _R	0,13	0,03	0,07	0,03	0,034	0,0024	7	0,41	0,43

¹⁾ Varianzkomponenten multipliziert mit 10^3

4.2.2 Informativer Wert eines Reinzuchtieres

Der informative Wert eines Reinzuchtnachkommen auf Station, definiert als äquivalente Anzahl geprüfter Kreuzungsnachkommen, ist umso größer, je höher die genetische Korrelation zwischen Reinzucht und Kreuzung, je niedriger das Heritabilitätsniveau und je größer die Heritabilität in Reinzucht gegenüber der in Kreuzung ist. Bei hoher Nachkommenzahl in Reinzucht sinkt die Anzahl äquivalenter Kreuzungstiere mit abnehmender genetischer Korrelation in etwa exponentiell, während bei wenigen Nachkommen der Zusammenhang eher linear ist. In Tabelle

Tabelle 4.12: Anzahl Kreuzungsnachkommen, welche dieselbe Genauigkeit in der Schätzung des Kreuzungszuchtwertes erzielen, wie n_R unabhängige Reinzuchttiere (Prüfgruppen)

	$\rho_{A_R A_K}$	$h_R^2 - h_K^2$	$n_R=2$ (1)	$n_R=8$ (4)	$n_R=14$ (7)	$n_R=20$ (10)
TZ	0,88	0,10	2,11	7,40	11,53	14,85
FVW ¹⁾	0,74	-0,07	0,40	1,49	2,42	3,23
MFA	0,90	0,15	2,10	7,08	10,71	13,46
BFL	0,92	0,24	2,65	9,18	14,15	18,05
RSP	0,92	0,11	2,04	7,39	11,82	15,56
LF	0,88	0,32	2,80	8,92	12,96	15,83
pH ₁	0,82	0,40	2,81	8,25	11,40	13,45
pH ₂₄	0,86	0,06	1,96	7,24	11,76	15,67
FBZ	0,71	0,41	2,65	7,31	9,76	11,27

¹⁾ n_R und n_K sind die Anzahl der Prüfgruppen in Reinzucht bzw. Kreuzung

4.12 ist die äquivalente Anzahl Kreuzungsnachkommen für 2, 8, 14 und 20 Reinzuchtnachkommen angegeben. Die ersten zwei Varianten wurden gewählt, weil, gemäß der bisher gültigen Richtlinien des bayerischen Staatsministeriums zur Prüfung von Besamungsbebern, Zuchtsauen und Natursprungeber mit 2 bzw. 8 aufgestellten Prüftieren getestet werden müssen. Für die Muttersauen ist dieser Vergleich nur theoretischer Natur, da sie im bayerischen Zuchtprogramm ausschließlich Reinzuchttiere erzeugen. Eine Anpaarung an DL-Eber wäre zwar denkbar, jedoch ist dies ökonomisch wie züchterisch uninteressant. Bei zwei Reinzuchtnachkommen ist die äquivalente Anzahl Kreuzungsnachkommen, mit Ausnahme der Futterverwertung und des pH_{24} , stets größer als die Anzahl der Reinzuchtnachkommen. Dies bedeutet, dass zwei unabhängige Reinzuchtnachkommen, trotz unvollständiger genetischer Korrelation, einen höheren informativen Wert zur Schätzung des Kreuzungszuchtwertes besitzen als zwei geprüfte Kreuzungsnachkommen. Der Grund ist die größere Heritabilität für Reinzuchtleistung, wie insbesondere bei den Fleischbeschaffenheitsmerkmalen festzustellen ist. Im Merkmal Futterverwertung wurde die Anzahl der Prüfgruppen als Berechnungsgrundlage verwendet. Die höhere Heritabilität für Kreuzungsleistung und die relativ niedrige genetische Korrelation von 0,74 sind dafür verantwortlich, dass eine Prüfgruppe in Reinzucht nur den informativen Wert von 0,4 Prüfgruppen in Kreuzung besitzt. Die acht Reinzuchtnachkommen eines Natursprungebers erreichen in den wirtschaftlich wichtigen Merkmalen des Zuchtziels, wie den täglichen Zunahmen und dem Magerfleischanteil, mit 7,4 bzw. 7,1 äquivalenten Kreuzungsnachkommen einen etwas kleineren informativen Wert als Kreuzungstiere. Deutlichere Nachteile für die Reinzuchtprüfung ergeben sich wiederum bei der Futterverwertung, wo vier Prüfgruppen aus Reinzucht nur 1,5 Prüfgruppen aus der Kreuzungsprüfung gegenüber stehen. Dagegen ist die Anzahl der Kreuzungsnachkommen beim Bauchfleischanteil, der Leitfähigkeit und dem pH_1 auch weiterhin höher. Der Einfluss der Heritabilität nimmt aber mit zunehmender Anzahl Reinzuchtnachkommen ab und die Bedeutung der genetischen Korrelation zu. Dies geht aus den Ergebnissen bei 14 und 20 Nachkommen hervor.

4.3 Diskussion der Ergebnisse

Vergleicht man als erstes die Parameter aus den univariaten Schätzungen, so zeigen sich bei einigen Merkmalen deutliche Unterschiede zwischen den Prüfstationen. Die Schätzwerte aus dem gepoolten Datensatz sollten jedoch im Mittel liegen, wenn die Daten gleichmäßig auf die beiden Prüfstationen verteilt sind und eine vergleichbare Datenstruktur vorhanden ist. Die besten Übereinstimmungen in den einzelnen Varianzkomponenten und in den Heritabilitäten zeigen sich in den Reinzuchtmerkmalen Futterverwertung, Bauchfleischanteil und Rückenspeckdicke. Beim Magerfleischanteil sind die geschätzten additiv-genetischen Varianzen zwar nahezu identisch, allerdings sind die Umweltvarianzen in Schwarzenau höher, so dass die Heritabilität niedriger ist. Die Unterschiede sind bei den anderen Merkmalen größer, insbesondere bei den täglichen Zunahmen. Die additiv-genetische Varianz in diesem Merkmal ist in Schwarzenau um 50 % höher und die Varianz zwischen Vollgeschwistergruppen um 60 % kleiner als in Grub. Deshalb ist die Erblichkeit der täglichen Zunahmen in Schwarzenau wesentlich größer als in Grub (0,45 vs. 0,28). Schmutz (1995), der bayerische Stationsdaten aus dem Zeitraum von 1989 bis 1993 auswertete, kam zu sehr ähnlichen Ergebnissen. Deutliche Unterschiede finden sich auch in den Fleischbeschaffenheitsmerkmalen pH_{1R} und FBZ_R . Die Varianzkomponenten sind in Schwarzenau kleiner als in Grub, was als Skaleneffekt zu bewerten ist. Da die Heritabilität in Schwarzenau aber höher ist, muss die additiv-genetische Varianz in Schwarzenau, relativ betrachtet, größer sein. Eine mögliche Ursache ist die konsequentere Sanierung des Hal-Locus

in Nordbayern Ende der 90er Jahre, so dass die Varianz am Hal-Locus in Nordbayern stärker angestiegen ist als in Südbayern (intermediäre Allelfrequenzen erzeugen höhere Varianzen, s. Gleichungen Kapitel 3). Die Unterschiede in den Reinzuchtmerkmalen weisen auf eine mögliche genetische Differenzierung der Zuchtpopulation in Nord- und Südbayern hin. Schmutz (1995) führt diese auf verschiedene Selektionsstrategien zurück, da in Südbayern mehr Wert auf vollfleischige Tiere gelegt wird. Dies macht sich allerdings weder in den Merkmalsmittelwerten noch in den additiv-genetischen Varianzen der Fleischanteilsmerkmale bemerkbar. Der Grund ist, dass die Fleischfläche der Tiere in Grub zwar größer ist, jedoch ist auch die Rückenspeckdicke um einiges höher als in Schwarzenau. Genetische Unterschiede lassen sich auch an den genetischen Varianzen der täglichen Zunahmen und der Fleischbeschaffenheitsmerkmale sowie im Mittelwert der Futterverwertung erkennen.

Die additiv-genetischen Varianzen der Mastleistungs- und Schlachtkörpermerkmale von Kreuzungstieren sind in Schwarzenau kleiner und führen auch zu niedrigeren Erblichkeiten als in Grub. Skaleneffekte, die vom Mittelwert der phänotypischen Leistungen abhängen, könnten vermutet werden. Jedoch findet man in Schwarzenau nur in der Futterverwertung einen niedrigeren Mittelwert, während der Durchschnitt des Mager- und Bauchfleischanteils annähernd gleich und in den täglichen Zunahmen sogar höher ist. Bei den Fleischbeschaffenheitsmerkmalen ist die additiv-genetische Varianz zwar ebenfalls in Schwarzenau kleiner, jedoch unterscheiden sich die Heritabilitäten von pH_1 , Leitfähigkeit und Fleischbeschaffenheitszahl weniger als bei den anderen Merkmalen. Dies alles weist auf Effekte hin, die weniger im Zusammenhang mit den Mittelwerten stehen, sondern eher stationsspezifisch sind. Eine weitere Abstimmung der Leistungsprüfung in Grub und Schwarzenau ist daher zu empfehlen. Die gepoolten Schätzwerte liegen sowohl bei Reinzucht- als auch Kreuzungsmerkmalen meist im Durchschnitt und nicht außerhalb einer der getrennten Schätzwerte.

Die Differenzen in den Kreuzungsmerkmalen können aus den folgenden Gründen nicht als genetische Unterschiede von Zuchtschweinen in Nord- und Südbayern interpretiert werden. Zum einen wird die additiv-genetische Varianz für Kreuzungsleistung, wie in Kapitel 3 beschrieben, auch von den Populationsparametern der Produktionssauen bestimmt. Diese müssen nicht zwangsläufig in Nord- und Südbayern identisch sein. Zum anderen wird die additiv-genetische Varianz für Kreuzungsleistung aus der Varianz zwischen Besamungsebern geschätzt. Da die Besamungsstationen weitgehend in den Leistungsprüfanstalten genestet sind, können unterschiedliche Zuchtziele und Selektionsschärfen der Besamungsstationen bei der Auswahl von Ebern eine Rolle spielen.

Ein wichtiger Parameter ist die genetische Korrelation zwischen den Stationen, die Auskunft über mögliche Unterschiede in der Rangierung von Kandidatentieren gibt. Genotyp-Station-Interaktionen würden dazu führen, dass die Züchtung nicht wüsste, welche Rangierung richtig ist. Mit Ausnahme der Futterverwertung und des pH_{24} sind die Korrelationen in Reinzucht sehr hoch und teilweise 1. Allerdings sind die Standardfehler so hoch, dass signifikante Abweichungen von 1 schwer festzustellen wären. Die Standardfehler sind trotz der ausreichend großen Zahl von Ebern in beiden Stationen hoch, weil die Nachkommen von Ebern sehr ungleichmäßig verteilt sind. Viele Eber haben nur eine Prüfgruppe in der anderen Station. In der Kreuzungsprüfung sind die Futterverwertung und die Fleischbeschaffenheitszahl mit Korrelationen von 0,53 bzw. 0,34 signifikant von 1 verschieden. Alle anderen Schätzwerte liegen um oder über 0,8. Die hohen Standardfehler lassen zwar auch hier keine signifikanten Differenzen zu 1 erkennen, jedoch sind die Korrelationen im Vergleich zu den Reinzuchtmerkmalen meist kleiner. Diese

genetischen Korrelationen könnten ein Hinweis sein, dass die Ferkelerzeugersauen, die an der Stationsprüfung teilnehmen, in Nord- und Südbayern genetisch verschieden sind. Eine Ursache könnte die Auswahl der Ferkelerzeugerbetriebe sein. Deshalb ist auf eine repräsentative Stichprobe zu achten, gerade wenn immer weniger Ferkelerzeugerbetriebe an der Stationsprüfung teilnehmen und die Tendenz zu mehr Vertragsbetrieben geht.

Die nachfolgenden Diskussionsabschnitte beziehen sich auf die Auswertung des Gesamtdatensatzes. Für die Mastleistungsmerkmale tägliche Zunahmen und Futterverwertung von Reinzuchttieren wurden mittlere Heritabilitäten von 0,37 bzw. 0,23 geschätzt. Die Erblichkeiten der Fleischanteilsmerkmale liegen dagegen mit 0,59 für den Magerfleischanteil und 0,65 für den Bauchfleischanteil sehr hoch. Diese Schätzwerte stimmen gut mit denen von Schmutz (1995) überein. Die Heritabilität für den Magerfleischanteil ist nahezu identisch, während die Erblichkeit der täglichen Zunahmen von Schmutz (1995) etwas niedriger und die der Futterverwertung etwas höher ist. Die Werte dieser Arbeit entsprechen in ihrer Höhe auch den durchschnittlichen Heritabilitäten aus der Literatur, in der 0,31 für die täglichen Zunahmen, 0,54 für den Magerfleischanteil, 0,3 für die Futterverwertung sowie 0,49 für die Rückenspeckdicke angegeben wird [Berruecos u. a. (1970); Cameron (1994); Cameron und Curran (1994a,b, 1995); Cameron u. a. (1988); De Haer u. a. (1993); Fahmy und Bernard (1970); Gray u. a. (1968); McPhee u. a. (1979); Mrode und Kennedy (1993); Nordskog u. a. (1944); Robison und Berruecos (1973); Smith u. a. (1962); Smith und Ross (1965); Standal und Vangen (1985); Wyllie u. a. (1979) in *The Genetics Of The Pig* von Rothschild und Ruvinsky (1998)]. Die Erblichkeit des intramuskulären Fettgehaltes von 0,43 ist, bei teilweise identischem Datensatz, etwas höher als in der Untersuchung von Götz u. a. (2001) mit 0,38. Die Heritabilität von Götz u. a. (2001) beruht aber stärker auf den Daten aus Grub, so dass ein Vergleich mit der Heritabilität aus der univariaten Schätzung mit dem Datensatz aus Grub von 0,38 wohl angebrachter ist (Tabelle 4.6). Sowohl bei den Schweizer Rassen (Schwörer u. a., 1998) als auch in der deutschen Herdbuchzucht (Kallweit und Baulain, 1995) wurden niedrigere Erblichkeiten gefunden. Höher ist hingegen der Wert von Cameron (1990), der eine Heritabilität von 0,5 für den ImF schätzte. Das intramuskuläre Fett, das günstige genetische Korrelationen zu den Genußeigenschaften des Fleisches aufweist (Cameron, 1990) und schnell sowie kostengünstig zu messen ist, stellt mit dieser hohen Erblichkeit ein interessantes Merkmal zur züchterischen Verbesserung der sensorischen Fleischqualität dar. Allerdings ist die additiv-genetische Varianz im Vergleich zu den Mutterrassen (Götz u. a., 2001) relativ klein, so dass der zu erwartende Zuchtfortschritt in der Vatterrasse Piétrain vergleichsweise gering ist.

Ungewöhnlich hoch sind die geschätzten Heritabilitäten der Fleischbeschaffenheitsmerkmale LF_R , pH_{1R} und FBZ_R von 0,70, 0,71 bzw. 0,61. Im Vergleich zu Schmutz (1995) ist der Schätzwert für die FBZ_R in dieser Untersuchung mehr als zweimal so hoch. Noch größer ist der Unterschied im Merkmal pH_{1R} zum durchschnittlichen Literaturwert von 0,16 [Sellier (1988, 1995); Sellier und Monin (1994) in *The Genetics Of The Pig* von Rothschild und Ruvinsky (1998)]. Die Ursache ist in der begonnenen Sanierung der Piétrain-Population und den damit verbundenen Allelfrequenzänderungen am Halothan-Locus zu suchen. Der Anteil, den dieser Locus zur additiv-genetischen Varianz des gesamten polygenen Zuchtwertes beiträgt, kann über die Genotypwerte und Allelfrequenzen geschätzt werden (Tabelle 4.11). Die Differenzen zwischen den homozygoten Genotypen sind den Werten von Wittmann u. a. (1993), die an DL-Kastraten aus Bayern erhoben wurden, sehr ähnlich. Im Vergleich zum Mittel anderer Literaturwerte ist der Unterschied im Magerfleischanteil (-3,5 vs. -2,58) etwas und in der Rückenspeckdicke (3 vs. 0,17) deutlich geringer [Berger u. a. (1994); Garcia-Macias u. a. (1996); Guéblez u. a. (1996,

1995); Larzul u. a. (1997); Leach u. a. (1996); O'Brien u. a. (1994); Prommier u. a. (1992); Rempel u. a. (1995); Russo und Nanni Costa (1995); Webb u. a. (1994); Wittmann u. a. (1993) in The Genetics Of The Pig von Rothschild und Ruvinsky (1998)]. Dagegen ist die Differenz im pH_1 mit 0,73 identisch und beim pH_{24} höher. In der Literatur wurde beim ImF nur die Differenz zwischen den NN- und Nn-Genotypen ausgewiesen, die mit 0,2 höher als im vorliegenden Datenmaterial mit 0,03 ist. Die Unterschiede sind damit zu erklären, dass es sich in diesem Vergleich um genetisch verschiedene Rassen bzw. Populationen handelt.

Korrigiert man die additiv-genetische Varianz des gesamten polygenen Zuchtwertes um die Varianz am Hal-Locus, werden die Heritabilitäten reduziert. Die Erblichkeiten der Fleischbeschaffenheitsmerkmale sinken bei einer Allelfrequenz von 0,5 auf Werte um 0,2 ab und sind in ihrer Höhe vergleichbar mit der Heritabilität für die FBZ von Schmutz (1995). Die Heritabilität des Magerfleischanteils fällt von 0,58 auf 0,47 und die des Bauchfleischanteils von 0,63 auf 0,55. In der Zuchtwertschätzung können die korrigierten Heritabilitäten allerdings nicht eingesetzt werden, weil die Typisierung aller Prüftiere zu teuer wäre. Die weitere Sanierung bei Piétrain ist deshalb auch hinsichtlich einer Optimierung der Zuchtwertschätzung zu empfehlen.

Es ist zu beobachten, dass die additiv-genetischen Varianzen für Kreuzungsleistung, mit Ausnahme der Futterverwertung, kleiner als für Reinzuchtleistung sind. Gleichzeitig sind die Umweltvarianzen, insbesondere die Restvarianzen, in Kreuzung höher als in Reinzucht. Die Varianz zwischen Prüfgruppen ist allerdings nicht direkt vergleichbar, da in der Kreuzungsprüfung auch die additiv-genetische Varianz der Muttersau enthalten ist. Die höheren Restvarianzen in den täglichen Zunahmen und der Rückenspeckdicke könnten durch einen Skaleneffekt entstehen, weil die Mittelwerte in der Kreuzung wesentlich größer sind als in der Reinzucht. Die Fleischanteilsmerkmale leiten sich von den Fettmaßen ab, so dass die höheren Restvarianzen ebenfalls einem Skaleneffekt zugeschrieben werden können. Dieser Effekt mag in der additiv-genetischen Varianz sowie der Varianz zwischen Prüfgruppen nicht beobachtbar sein, weil die Allelfrequenzen der Mutterrassen eingehen bzw. die Varianz zwischen Prüfgruppen nicht vergleichbar ist. Aufgrund dieser Varianzkomponenten sind die Erblichkeiten in der Kreuzung niedriger als in Reinzucht. Da diese Zusammenhänge auch noch nach der Korrektur der Varianz am Hal-Locus gelten, ist dieser Unterschied nicht nur mit diesem Locus zu erklären. Auch Fischer (1998) schätzte kleinere Heritabilitäten für Kreuzungsleistung an BHZP-Linien und deren Kreuzungen. Die Erblichkeit für den Magerfleischanteil (FOM) betrug 0,42-0,46 in Reinzucht und 0,23-0,27 in Kreuzung. Damit liegt das hier gefundenen Niveau (0,59 zu 0,44) weit höher und weist kleinere Unterschiede zwischen Reinzucht und Kreuzung auf. Eine Erklärung ist die konsequente Stresssanierung bei den BHZP-Linien, die seit 2002 sogar als abgeschlossen gilt (BHZP, 2004). Im Merkmal tägliche Zunahmen ermittelte Schmutz (1995) ebenfalls eine höhere Heritabilität in Reinzucht als in Kreuzung, wobei seine Schätzwerte mit 0,34 bzw. 0,27 sehr gut mit den Werten dieser Arbeit übereinstimmen.

Die Futterverwertung ist in dieser Auswertung das einzige Merkmal, das in Kreuzung eine höhere Heritabilität als in Reinzucht aufweist (0,30 vs. 0,23). Die Ursache ist, bei vergleichbaren Restvarianzen, eine niedrigere additiv-genetische Varianz in Reinzucht. Auch Schmutz (1995) schätzte mit 0,27 gegenüber 0,25 eine etwas höhere Erblichkeit für die Kreuzungsleistung. Die kleinere additiv-genetische Varianz in Reinzucht könnte damit erklärt werden, dass günstige Allele in der Vatterrasse eine deutlich höhere Frequenz besitzen als in den Mutterrassen. Einen Hinweis darauf gibt das niedrige Populationsniveau von Reinzuchttieren auf Station im Vergleich zu den DL-Reinzuchttieren (Littmann u. a., 2004). Ein kleiner Teil des Unterschieds in

den additiv-genetischen Varianzen ist auch auf die höhere Varianz am Halothan-Locus in der Kreuzung als in Reinzucht zurückzuführen.

Eine höhere Heritabilität für Kreuzungsleistung im Vergleich zur Reinzuchtleistung ist jedoch nicht ungewöhnlich, wie einige Experimente mit anderen Species gezeigt haben. (Brown und Bell, 1980; Orozco und Bell, 1974; Pirchner und Von Krosigk, 1973; Stanislaw u. a., 1967; Van Der Werf, 1990).

Zur Durchführung einer Zuchtwertschätzung mit Hilfe von Reinzucht- und Kreuzungsleistung werden die genetischen Korrelationen zwischen diesen Leistungen benötigt. Diese Korrelationen werden über die Ähnlichkeit von Halbgeschwisterfamilien der Eber geschätzt, die in beiden Prüfungsformen Nachkommen haben. Aus diesem Grund wird die Korrelation zwischen Eberzuchtwerten in Reinzucht- und Kreuzungsnachkommen geschätzt (s. Kapitel 3). Das Ausmaß der genetischen Korrelation ist abhängig von additiven Genwirkungen, Dominanz und Epistasie, den Allelfrequenzen der Elternpopulationen sowie dem Dominanzgrad (Wei, 1993). Eine genetische Korrelation von 1 ergibt sich dann, wenn keine Allelfrequenzunterschiede zwischen den Elternlinien bestehen und/oder keine Dominanzeffekte auftreten. Eine hohe Korrelation ist aber auch bei Allelfrequenzunterschieden und Dominanz denkbar, nämlich dann, wenn die Dominanz an verschiedenen Loci nicht gerichtet ist (Fischer, 1998). Eine gerichtete Dominanz und Allelfrequenzunterschiede zwischen Linien sind auch im wesentlichen die bestimmenden Faktoren für eine sichtbare Heterosis. Deshalb gibt eine messbare Heterosis Hinweise auf eine genetische Korrelation unter 1 und umgekehrt. Ein direkter genetisch-mathematischer Zusammenhang zwischen der Heterosis und der genetischen Korrelation zwischen Reinzucht und Kreuzung lässt sich jedoch in diesem Fall nicht herstellen.

Johnson (1981) berichtete von einer direkten Heterosis von 8,8 % des Reinzuchtmittels für die täglichen Zunahmen, die von Sellier (1982) mit 6,8 % auf diesem Niveau bestätigt wurde. Günstig ist nach Sellier (1982) und Johnson (1981) ebenso die direkte Heterosis im Merkmal Futterverwertung von 5,9 %, die aber vom Fütterungsregime abhängt. In der vorliegenden Arbeit wurde eine genetische Korrelation von 0,88 für die täglichen Zunahmen und 0,74 für die Futterverwertung geschätzt. Die Korrelationen der Mastleistungsmerkmale liegen bei Schmutz (1995) mit 0,73 bzw. 0,5 unter den hier gefundenen Werten. Die Differenzen sind nicht nur auf Schätzfehler oder Daten aus verschiedenen Zeiträumen zurückzuführen, sondern auch auf eine unterschiedliche Modellierung der Leistungen. Ungünstig ist die Heterosis, die bei der Rückenspeckdicke beobachtet wurde, so dass Kreuzungen tendenziell als fetter gelten. Eine signifikante Heterosis bei anderen Schlachtleistungsmerkmalen, insbesondere den Fleischanteilsmerkmalen, ist nicht bekannt. Dennoch wurden für die Fleischanteilsmerkmale, genauso wie für die Rückenspeckdicke, genetische Korrelationen um 0,90 geschätzt. Diese Schätzwerte weichen von denen ab, die Schmutz (1995) mit Werten nahe 1 ermittelt hatte. Allerdings sind diese Abweichungen wegen der Standardfehler nicht signifikant. Zu ähnlichen Ergebnissen wie Schmutz (1995) kam auch Fischer (1998), der die Korrelationen zwischen reinen BHZP-Linien und deren Kreuzungen schätzte. Trappmann und Kirstgen (1995) schätzten dagegen niedrigere Korrelationen zwischen P_i und P_i *Westhybriden bzw. P_i *DL von 0,66 bei den täglichen Zunahmen und 0,75 beim Magerfleischanteil (FOM). Die genetischen Korrelationen der Fleischbeschaffenheitsmerkmale weichen in dieser Untersuchung mit Werten von 0,71 bis 0,9 z.T. deutlicher von 1 ab.

In der Literatur sind nur wenige verlässliche Schätzwerte für die genetische Korrelation zwi-

schen Reinzucht- und Kreuzungsleistung zu finden. Die Korrelationen sind oft mit sehr wenigen Ebern (McLaren u. a., 1985; Meier, 1990; Robison u. a., 1964) und/oder über die Formel von Calo u. a. (1973) bzw. Taylor (1982) geschätzt worden (z.B. Götz und Peschke (1993)), was durch die Vernachlässigung von Selektionsinformation zur Schätzung verzerrter Parameter führen kann. Im Einklang mit dieser Arbeit hatte der Fleischanteil in allen diesen Untersuchungen die höchste und die Futterverwertung die niedrigste genetische Korrelation.

Die geschätzten additiv-genetischen Varianzen, Heritabilitäten und genetischen Korrelationen zwischen Reinzucht- und Kreuzungsleistungen lassen den Schluß zu, dass es sich in Reinzucht und Kreuzung um genetisch verschiedene Merkmale handelt. Die Reinzucht- und Kreuzungszuchtwerte der Kandidatentiere sind daher nicht identisch und führen zu einer unterschiedlichen Rangierung. Da im bayerischen Vermarktungssystem die Endprodukte fast ausschließlich Kreuzungstiere sind, ist der Kreuzungszuchtwert das maßgebliche Selektionskriterium.

In einem Schweinezuchtprogramm sind wegen der zahlreichen ökonomisch relevanten Merkmale nicht nur die Heritabilitäten, sondern auch die genetischen Korrelationen zwischen diesen Merkmalen von größter Bedeutung. Hervorzuheben sind vor allem die Antagonismen der Fleischanteilsmerkmale zu den täglichen Zunahmen, zur Fleischbeschaffenheit und zur sensorischen Fleischqualität (ImF). Wie im vorherigen Abschnitt bereits begründet, sind die Korrelationen zwischen den Kreuzungszuchtwerten entscheidend, die tendenziell geringer als die zwischen den Reinzuchtmerkmalen sind. Die beiden Fleischanteilsmerkmale sind genetisch hoch korreliert, was darauf zurückzuführen ist, dass in ihre Schätzgleichungen dieselben Schlachtleistungsmerkmale eingehen. Für ein Zuchtziel, das hohen Wert auf die Mastleistungs- und Fleischanteilsmerkmale legt, sind die genetischen Korrelationen des Mager- und Bauchfleischanteils zu den täglichen Zunahmen von -0,18 ungünstig. Unter den Fleischbeschaffenheitsmerkmalen zeigen der pH₁ und die Leitfähigkeit mit -0,38 bzw. 0,38 zum Magerfleischanteil und -0,27 bzw. 0,27 zum Bauchfleischanteil die größten antagonistischen Beziehungen. Im Hinblick auf das Zuchtziel 2005 in Bayern (Habier u. a., 2004) sind die genetischen Korrelationen der Futterverwertung zu den täglichen Zunahmen (-0,40) sowie zum Mager- und Bauchfleischanteil (-0,32 bzw. -0,39) sehr vorteilhaft. Vom Niveau her sind die Korrelationen zwischen den Mastleistungsmerkmalen und den Fleischanteilsmerkmalen vergleichbar mit denen von Schmutz (1995). Die Korrelation der Futterverwertung zu den täglichen Zunahmen ist hingegen deutlich niedriger (-0,40 vs. -0,70). Eine Ursache dafür mag die Fixierung pleiotropischer Genorte sein, die aus der langjährigen, gemeinsamen Selektion der Merkmale mit früheren Zuchtzielen resultiert. Diese Vermutung wird dadurch gestützt, dass die additiv-genetischen Varianzen der Mastleistungsmerkmale in dieser Untersuchung im Vergleich zur Auswertung von Schmutz (1995) niedriger sind.

Von großem Interesse hinsichtlich einer Verbesserung der Fleischqualität sind die genetischen Korrelationen zum intramuskulären Fettgehalt. Antagonismen zeigen sich zu den Fleischanteilsmerkmalen (MFA_K -0,22, BFL_K -0,25) und zur Futterverwertung (0,22), die aber für eine gemeinsame Züchtung nicht allzu ungünstig sein sollten. Denn bei einer Korrelation von -0,25 bleiben 94 % der additiv-genetischen Varianz, die nicht durch das antagonistische Merkmal erklärt werden können. Nachteilig ist auch die positive Korrelation zur Rückenspeckdicke von 0,31, die aber sicherlich geringer ist, als man erwarten konnte. Deshalb liegt die Vermutung nahe, dass die biochemischen Stoffwechselwege beider Merkmale große Unterschiede aufweisen. Günstig ist dagegen die genetische Beziehung zu den täglichen Zunahmen mit 0,23. Götz u. a. (2001) schätzten genetische Korrelationen zwischen dem ImF und den Merkmalen in Reinzucht

und kamen zu vergleichbaren Ergebnissen.

Die Populationsparameter von Reinzucht- und Kreuzungsleistungen haben Einfluss auf das optimale Design für die Leistungsprüfung und Zuchtpraxis. Die Berechnungen zum informativen Wert zeigten, dass das Verhältnis von Kreuzungs- zu Reinzuchtnachkommen bei der heute üblichen Zahl von Reinzuchttieren auf Station sehr eng ist. Die Ausnahme bildet die Futterverwertung, da die genetische Korrelation zwischen Reinzucht und Kreuzung mit 0,74 relativ niedrig ist und die Kreuzungsleistung eine höhere Heritabilität als die Reinzuchtleistung besitzt. Bei den anderen Merkmalen wird der Informationsverlust aus unvollständigen Korrelationen durch höhere Heritabilitäten ausgeglichen. Diese Analysen unterstellen allerdings unabhängige Prüfnachkommen. Tatsächlich handelt es sich bei den Tieren einer Prüfgruppe aber um Vollgeschwister, die über die Wurf-, Betriebs- und Buchtumwelt korreliert sind. In der Kreuzungsprüfung ist zudem noch die Ähnlichkeit aus dem additiv-genetischen Effekt der Produktionssau zu berücksichtigen, weil die Kreuzungsleistungen mit einem Vatermodell beschrieben werden. Die Korrelation zwischen den Wurfgeschwistern reduziert den informativen Wert im Vergleich zu unabhängigen Tieren enorm. Die täglichen Zunahmen in Kreuzung sind mit einem c^2 -Effekt von 0,32 am stärksten betroffen, gefolgt von den Fleischanteils- und Fleischbeschaffenheitsmerkmalen mit Werten um 0,23 bzw. 0,1. Die Prüftiere werden in Zukunft in Großgruppen mit Abrufstation gemästet, wo der Futterverzehr individuell messbar ist. Folglich entfällt die Notwendigkeit zwei Wurfgeschwister gemeinsam aufzustallen. Da es im Modell für Kreuzungsleistung ausschließlich um den Informationsbeitrag für die Vatterrasse geht, wird eine höhere Genauigkeit der Zuchtwertschätzung erzielt, wenn bei konstanter Nachkommenzahl je Eber nur ein Ferkel je Wurf aufgestellt wird. Grundsätzlich wäre dies auch schon im alten Haltungssystem möglich gewesen, jedoch müssten dann stets zwei väterliche Halbgeschwister in einer 2er-Bucht gemästet werden. Eine höhere Koordinierung bei der Abholung und Aufstallung der Tiere wäre dazu notwendig. In der Reinzuchtprüfung bestimmt die Anzahl der Ferkel je Wurf nicht nur die Information für die Vatterassenpopulation, sondern über die Anzahl der stationsgeprüften Sauen auch Selektionsintensitäten und Generationsintervalle. Deshalb kann die ideale Anzahl der Ferkel je Wurf in der Reinzuchtprüfung erst bei der Optimierung der Leistungsprüfung und Zuchtpraxis festgestellt werden.

Kapitel 5

Populationsparameter für Stationsmerkmale in Großgruppen mit Abrufstation

Das Haltungssystem in den bayerischen Leistungsprüfanstalten wird seit 2001 von 2er-Buchten auf Großbuchten mit Abrufstation umgerüstet. Die zwei bedeutendsten Gründe für den Umbau sind eine tiergerechtere Aufstallung sowie die Anpassung der Stationsprüfung an die praxisüblichen Mastbedingungen zur Vermeidung von Genotyp-Umwelt-Interaktionen. In den letzten 15 Jahren ist das Mastendgewicht in der kommerziellen Schweinemast von 105 auf 116 kg gestiegen (LKV, 2004). Die Übertragung des aktuellen Mastendgewichts auf die Stationsprüfung ist wegen des zu geringen Platzangebots in den 2er-Buchten gesetzlich verboten (Schweinehaltungsverordnung). Außerdem werden in der Praxis nahezu alle Mastschweine in Großgruppen gehalten, in denen vielfältigere Verhaltensinteraktionen zwischen Buchtgefährten auftreten können als in 2er-Buchten (Baxter, 1983; Hanson u. a., 1982). Diese können, genauso wie das unterschiedliche Platzangebot und die Fütterungstechnik, Einfluss auf die Leistungsausprägung nehmen. Deshalb sind beide Aufstallungsformen auf Station als unterschiedliche Prüfumwelten zu betrachten. Genotyp-Umwelt-Interaktionen könnten Rangverschiebungen von Kandidatentieren beim Wechsel auf die Großbuchten verursachen. Ein Vorteil der Fütterung mit Abrufautomaten ist die tierindividuelle Messung des Futterverzehrs. Damit entledigt man sich der bisherigen Schwierigkeiten bei der Auswertung von Futteraufnahmedaten und schafft neue Möglichkeiten zur Optimierung der Leistungsprüfung auf Station.

Das Ziel dieses Kapitels ist als erstes die Modellierung von Leistungsbeobachtungen von Kreuzungsnachkommen der Vatterasse Piérain in Großgruppen mit Abrufstation. Anschließend werden Populationsparameter für die Leistungsmerkmale in Großgruppen sowie die genetischen Korrelationen zwischen den Leistungen von Kreuzungstieren in 2er-Buchten und Großgruppen geschätzt. Letztere werden benötigt, um die Leistungen aus dem alten und neuen Haltungssystem in der Zuchtwertschätzung richtig zu kombinieren.

5.1 Material und Methoden

5.1.1 Material

Im traditionellen Haltungssystem werden zwei Vollgeschwister in einer Bucht mit Vorratsfütterung gemästet. Dagegen werden im neuen Haltungsverfahren mindestens zehn Prüftiere in eine Bucht mit Abruffütterung aufgestellt, wobei die Tiere nach Möglichkeit das gleiche Gewicht und derselben Rasse bzw. Rassenkombination angehören sollen (ZDS, 2003a). Das Tier zu Fressplatz-Verhältnis ist in 2er-Buchten 1:1, während es in Großbuchten mit Abrufstation

10-14:1 beträgt.

Die Leistungsausprägungen in den beiden Prüfumwelten werden als zwei verschiedene Merkmale betrachtet, deren physiologische Stoffwechselprozesse zu einem gewissen Grad von unterschiedlichen Genen gesteuert werden. Unter dieser Annahme wird die genetische Korrelation, als Maß für die Genotyp-Umwelt-Interaktion aus Rangverschiebungen, mit einem bivariaten Modell geschätzt. Da die Prüftiere ausschließlich in einem Verfahren gemästet werden können, wird die genetische Korrelation mittels Besamungseber geschätzt, die Nachkommen in beiden Prüfungsformen haben. Die Genauigkeit der geschätzten Korrelation hängt somit im wesentlichen von der Anzahl der Eber sowie der Größe der Halbgeschwisterfamilien in beiden Prüfumwelten ab. Das erste Ziel war daher ein möglichst informatives Datenmaterial für die Parameterschätzung zu erstellen. Dazu wurde in einer Simulationsstudie das ideale Design zur Schätzung der genetischen Korrelation zwischen Merkmalen in 2er-Buchten und Großgruppen für die vorgefundene Situation ermittelt. Zur Umsetzung dieses Designs wurden die Prüftiere bei der Aufstallung in die Mastbuchten gezielt in die beiden Verfahren gelenkt. Zudem wurde die Empfehlung gegeben, verwandte Tiere im neuen Prüfverfahren in verschiedene Buchten aufzustellen.

Nach Plausibilitätstests resultieren die in der Tabelle 5.1 skizzierten Datensätze mit Leistungen von Kreuzungstieren aus 2er-Buchten und Großbuchten. Von den 3454 Prüftieren aus Groß-

Tabelle 5.1: Verteilung der Prüftiere auf die beiden Haltungsverfahren und auf die Leistungsprüfstationen sowie weitere Kennzahlen zur Datenstruktur

Anzahl	gesamt	Grub	Schwarzenau	Betriebe	Väter	Tiere/Vater
2er-Buchten	13980	8856	5124	221	1332	10,5
Großbuchten	3454	1467	1987	121	614	5,6

buchten gehören 2458 dem Kreuzungstyp Pi*DL an, 869 der 3-Wege-Kreuzung Pi*(DE*DL) und 127 der Kreuzung Pi*(DL*DE). Im neuen Aufstallungssystem wurden 614 Eber mit durchschnittlich 5,6 Nachkommen getestet. 584 Eber haben Nachkommen in beiden Prüfsystemen, wovon 238 Eber mindestens 5 Nachkommen in jedem Verfahren vorweisen können.

Die Mittelwerte und Standardabweichungen der Leistungsbeobachtungen in 2er-Buchten und Großgruppen mit Abrufstation sind in Tabelle 5.2 aufgelistet. In den Großbuchten ist das Wachstumsniveau um etwa 31 g/Tag niedriger als in den 2er-Buchten. Jedoch besitzen die Prüftiere im neuen Haltungssystem eine signifikant niedrigere Rückenspeckdicke und einen höheren Magerfleischanteil. Die Überlegenheit im Mager- und Bauchfleischanteil beträgt etwa 0,8 bzw. 1 %. Der pH₁ und die Leitfähigkeit weisen in Großgruppen etwas schlechtere Werte auf, während der pH₂₄ und die Fleischbeschaffenheitszahl nicht signifikant verschieden sind.

5.1.2 Modell für Mastleistungsmerkmale in Großgruppen

Das Modell für die Mastleistungsmerkmale tägliche Zunahmen und Futterverwertung eines Tieres p in Großgruppen mit Abrufstation lautet

$$y_{ijklmnop} = \mu_i + b_i x_{jklmnop} + \alpha_{ij} + \beta_{ik} + \gamma_{ikt} + \delta_{im} + \frac{1}{2} A_{in} + c_{ijklmno} + e_{ijklmnop}.$$

Tabelle 5.2: Mittelwert ($\hat{\mu}$) und Standardabweichung ($\hat{\sigma}_p$) für Kreuzungsleistungen aus 2er-Buchten (n=13980) und Großbuchten (n=3454)

Merkmal, Einheit	2er-Buchten		Großbuchten	
	$\hat{\mu}$	$\hat{\sigma}_p$	$\hat{\mu}$	$\hat{\sigma}_p$
tägliche Zunahme, g/Tag	819,00 ^a	82,4	788,10 ^b	78,10
Futtermverwertung, kg/kg	2,47 ^a	0,19	2,45 ^b	0,22
Magerfleischanteil, %	63,12 ^a	1,98	63,93 ^b	1,98
Bauchfleischanteil, %	62,00 ^a	2,68	62,96 ^b	2,51
Rückenspeckdicke, cm	1,96 ^a	0,30	1,86 ^b	0,27
Leitfähigkeit	4,88 ^a	2,18	4,89 ^b	2,10
pH ₁	6,36 ^a	0,26	6,32 ^b	0,24
pH ₂₄	5,47 ^a	0,10	5,47 ^a	0,08
Fleischbeschaffenheitszahl	68,55 ^a	7,90	68,40 ^a	6,20

Dabei ist

μ_i	das Populationsmittel im Merkmal i ,
b_i	ein fixer Regressionskoeffizient für das Mastendgewicht $x_{ijklmnop}$,
α_{ij}	der fixe Effekt des Kreuzungstyps j ,
β_{ik}	der fixe Effekt des Stallabteils*Einstalldatum k ,
γ_{ikl}	der zufällige Effekt der Bucht*Einstalldatum l innerhalb des Stallabteils k ,
δ_{im}	der zufällige Herkunftsbetrieb-Jahr-Effekt m ,
A_{in}	der zufällige additiv-genetische Effekt des Vaters n ,
$c_{ijk mno}$	der zufällige Effekt der Vollgeschwistergruppe o , genestet im Kreuzungstyp j , Stallabteil*Einstalldatum k , Betrieb-Jahr m und Vater n ,
$e_{ijklmnop}$	die zufällige Restabweichung.

Der fixe Effekt Stallabteil*Einstalldatum soll einerseits für saisonale Faktoren korrigieren und andererseits für weitere Einflüsse, die auf die Prüftiere eines Stallabteils einwirken. Dazu zählen auch hygienische Faktoren sowie Krankheiten. Die Bucht ist im Stallabteil*Einstalldatum genestet und erfasst die Differenzen an verschiedenen Automaten sowie die Konkurrenzsituation innerhalb einer Bucht. Ein kritischer Punkt bei der Modellierung von Leistungen in Großgruppen ist die Betrachtung der Bucht als fixen oder zufälligen Effekt. Es konnten signifikante Differenzen zwischen den Buchten über mehrere Einstalltermine festgestellt werden, die wohl im wesentlichen auf die unterschiedliche Funktionalität der Fütterungsautomaten zurückzuführen sind. Für eine unverzerrte Schätzung sollte die Bucht daher als fix ins Modell aufgenommen werden. Jedoch sind viele Buchten schwach oder sogar nur einfach mit Nachkommen von Ebern der Vatterrasse besetzt, da die übrigen Buchtgefährten von den Mutterassen abstammen. Diese können nicht zur Schätzung des Stall- und Buchteffektes verwendet werden, weil für die GLS-Schätzung sonst heterogene Varianzen zu modellieren wären. Die Zuchtwertschätzung soll aber ausschließlich mit den Nachkommen von Vatterassentieren durchgeführt werden. Im Vergleich der beiden Leistungsprüfstationen zeigt sich, dass die getrennte Aufstallung von Tieren verschiedener Rassen, so wie es die Richtlinien fordern, in Schwarzenau besser gelungen ist als in Grub. Nachteilig für die Genauigkeit der Parameter- und Zuchtwertschätzung ist zudem, dass die Wurfgeschwister, entgegen den Empfehlungen, nicht auf verschiedene Buchten aufgeteilt

wurden. In einigen Buchten sind sogar Halbgeschwistergruppen zu finden, wodurch die Bucht- und Eberffekte stark vermengt sind. Die geringe Buchtbesetzung und die Aufstallung verwandter Prüftiere in eine Bucht führt in der statistischen Auswertung dazu, dass nur wenige Ebervergleiche in einer Bucht entstehen. Dadurch wird die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung stark reduziert. Trotz der systematischen Unterschiede zwischen den Automaten, hat die Bucht als zufälliger Effekt Vorteile. Die Eber werden auf diese Weise nicht nur innerhalb der Bucht verglichen, sondern auch innerhalb des Stallabteils. Dies erhöht die Vergleiche zwischen den Ebern und damit die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung. Um zu zeigen, welcher Genauigkeitsgewinn zu erwarten ist, wurde die Korrelation zwischen dem wahren und geschätzten Zuchtwert für den fixen und zufälligen Fall bei gegebener Datenstruktur ermittelt. Die Genauigkeit war bei zufälligem Buchteffekt um knapp 4 % höher, was im Vergleich zu allgemein üblichen Fortschritten mit verbesserten Zuchtwertschätzmodellen relativ hoch ist. Jedoch darf nicht vergessen werden, dass die Korrelation bei zufälligem Effekt stets größer ist, weil a priori Information ins Modell einfließt. Außerdem kann es durch die Regression der Buchteffekte zu einer Verzerrung der Eberzuchtwerte kommen. Die Definition der Bucht als zufällig stellt deshalb nur einen Kompromiss zwischen einem Genauigkeitszuwachs durch die Erhöhung der Ebervergleiche und einer möglichen Verzerrung dar. Solange die Datenstruktur aber nicht verbessert wird, sollte diese Vorgehensweise die bessere Alternative sein.

5.1.3 Modell für Schlachtleistungs- und Fleischbeschaffenheitsmerkmale in Großgruppen

Das Modell für die Schlachtleistungs- und Fleischbeschaffenheitsmerkmale wird um den fixen Effekt des Schlachttages ϵ_{in} erweitert, der für die Einflussfaktoren an verschiedenen Schlachttagen korrigieren soll. Das Modell lautet

$$y_{ijklmnopq} = \mu_i + b_i x_{ijklmnopq} + \alpha_{ij} + \beta_{ik} + \gamma_{ikt} + \delta_{im} + \epsilon_{in} + \frac{1}{2} A_{io} + c_{ijkmpo} + e_{ijklmnopq},$$

wobei $y_{ijklmnopq}$ die Leistungsbeobachtung im Merkmal i , im Kreuzungstyp j , im Stallabteil*Eininstalldatum k , in der Bucht*Eininstalldatum l , im Betrieb-Jahr m , am Schlachttag n , des Vaters o , der Prüfgruppe p und des Tieres q bezeichnet.

5.1.4 Ergebnisse

In der Tabelle 5.3 sind die Mittelwerte, Varianzkomponenten und Heritabilitäten aus univariaten Schätzungen mit den getrennten Datensätzen aus Grub und Schwarzenau sowie dem gepoolten Datensatz dargestellt. Die genetischen Korrelationen zwischen Stationen sind nicht enthalten, weil die hohen Standardfehler keine verlässlichen Aussagen zulassen. In der Tabelle 5.4 sind die phänotypischen und genetischen Korrelationen zwischen Leistungsmerkmalen in Großbuchten dargestellt, die aus dem Gesamtdatensatz geschätzt wurden. Desweiteren finden sich in der Tabelle 5.5 die geschätzten genetischen Korrelationen zwischen den Leistungen in 2er-Buchten und Großbuchten.

Tabelle 5.3: Geschätzte Populationsparameter für Leistungen von Kreuzungstieren in Großbuchten mit Abrufstation

Merkmal	Datensatz	$\hat{\mu}$	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_{bu}^2$	$\hat{\sigma}_b^2$	$\hat{\sigma}_c^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{h}^2$
TZ _G	Schwarzenau	792 ^a	732	269	52	489	2945	3938	0,18
	Grub	781 ^b	1632	148	68	893	3564	5081	0,34
	Gesamt	788	912	221	76	666	3263	4454	0,21
FVW _G ¹⁾	Schwarzenau	2,37 ^a	8,45	12,10	0,10	3,37	19,81	37,49	0,22
	Grub	2,57 ^b	4,52	3,86	1,00	5,50	22,80	34,29	0,13
	Gesamt	2,45	6,50	9,00	0,42	4,27	21,10	36,42	0,18
MFA _G	Schwarzenau	64,1 ^a	1,40	0,06	0,06	0,79	2,17	3,43	0,41
	Grub	63,8 ^b	1,04	0,09	0,00	1,00	2,10	3,45	0,30
	Gesamt	63,9	1,28	0,07	0,03	0,89	2,14	3,45	0,37
BFL _G	Schwarzenau	62,9 ^a	2,34	0,08	0,03	1,34	3,53	5,57	0,43
	Grub	62,9 ^a	2,55	0,00	0,00	1,51	3,53	5,68	0,45
	Gesamt	62,9	2,22	0,06	0,03	1,46	3,53	5,64	0,40
RSP _G ¹⁾	Schwarzenau	1,77 ^a	29,12	0,00	1,12	12,50	46,70	67,58	0,43
	Grub	1,98 ^b	26,61	0,42	1,43	10,74	44,81	64,00	0,42
	Gesamt	1,86	28,13	0,02	1,02	12,41	45,94	66,35	0,42
LF _G	Schwarzenau	5,31 ^a	1,19	0,09	0,00	0,61	2,69	3,69	0,32
	Grub	4,89 ^b	2,06	0,00	0,03	0,24	2,64	3,43	0,60
	Gesamt	5,13	1,57	0,07	0,00	0,46	2,67	3,58	0,44
pH _{1G} ¹⁾	Schwarzenau	6,31 ^a	21,72	0,00	0,00	7,95	33,74	47,12	0,46
	Grub	6,33 ^b	19,51	0,60	1,21	3,34	47,69	57,76	0,34
	Gesamt	6,32	21,93	0,00	0,00	6,52	39,62	51,58	0,42
pH _{24G} ¹⁾	Schwarzenau	5,47 ^a	0,94	0,05	0,00	0,60	3,07	3,96	0,24
	Grub	5,46 ^b	1,79	0,00	0,00	0,00	5,73	6,15	0,29
	Gesamt	5,47	1,27	0,01	0,00	0,39	4,22	4,92	0,26
FBZ _G	Schwarzenau	68,0 ^a	4,58	0,00	0,00	44,18	22,65	67,98	0,16
	Grub	69,0 ^b	9,70	0,04	0,87	2,26	43,89	49,99	0,20
	Gesamt	68,4	6,05	0,00	0,06	37,21	31,59	70,35	0,16

¹⁾ Varianzkomponenten multipliziert mit 10³; $\hat{\sigma}_A^2$ = additiv-genetische Varianz; $\hat{\sigma}_{bu}^2$ = Varianz zwischen Buchten; $\hat{\sigma}_b^2$ = Varianz zwischen Betrieben; $\hat{\sigma}_c^2$ = Varianz zwischen Prüfgruppen; $\hat{\sigma}_e^2$ = Restvarianz; $\hat{\sigma}_p^2$ = phänotypische Varianz;

5.1.5 Diskussion der Ergebnisse

Der Vergleich der additiv-genetischen Varianzen aus den verschiedenen Datensätzen zeigt, dass die Varianzen des gepoolten Datensatzes tendenziell näher an den Schätzwerten aus Schwarzenau liegen. In den Merkmalen Bauchfleischanteil und pH₁ unter- bzw. überschreitet die Varianz des Gesamtdatensatzes sogar den kleineren bzw. größeren Schätzwert aus Schwarzenau. Dies überträgt sich auch auf die geschätzten Heritabilitäten, was insbesondere bei den täglichen Zunahmen offensichtlich wird. Die Erblichkeit von TZ_G im Gesamtdatensatz von 0,21 liegt wesentlich näher an dem Schätzwert aus Schwarzenau als an dem aus Grub (0,18 bzw. 0,34). Die

Tabelle 5.4: Genetische und phänotypische Korrelationen (obere bzw. untere Dreiecksmatrix), Heritabilitäten (Diagonale) sowie c^2 -Effekte von Leistungsmerkmalen der Kreuzungsnachkommen in Großbuchten (Gesamtdatensatz)

	TZ_G	FVW_G	MFA_G	BFL_G	RSP_G	LF_G	pH_{1G}	pH_{24G}	FBZ_G
TZ_G	0,21	-0,14	-0,09	-0,00	0,09	0,11	-0,17	-0,35	0,07
FVW_G	-0,31	0,17	-0,52	-0,76	0,71	-0,21	0,18	0,16	-0,06
MFA_G	-0,09	-0,35	0,38	0,82	-0,39	-0,08	-0,13	-0,31	0,17
BFL_G	-0,10	-0,38	0,83	0,40	-0,79	-0,23	0,03	-0,14	0,28
RSP_G	0,13	0,35	-0,35	-0,58	0,43	0,41	-0,27	-0,33	-0,31
LF_G	0,03	-0,09	0,15	0,06	0,09	0,44	-0,95	-0,70	-0,97
pH_{1G}	-0,06	0,11	-0,12	-0,05	-0,02	-0,66	0,40	0,82	0,95
pH_{24G}	-0,06	0,10	-0,17	-0,11	-0,05	-0,32	0,41	0,27	0,69
FBZ_G	0,01	0,02	-0,01	0,02	-0,02	-0,54	0,87	-0,00	0,17
c^2	0,15	0,10	0,26	0,26	0,20	0,12	0,12	0,08	0,10

s.e.($\hat{h}^2$) = 0,007-0,014; s.e.($\hat{\rho}$) = 0,04-0,13

Tabelle 5.5: Genetische Korrelationen zwischen Leistungsmerkmalen von Kreuzungstieren in 2er-Buchten und Großbuchten mit Abrufstation (Gesamtdatensatz)

	TZ_G	FVW_G	MFA_G	BFL_G	RSP_G	LF_G	pH_{1G}	pH_{24G}	FBZ_G
TZ_K	0,52	0,15	-0,25	-0,10	0,07	0,15	-0,31	-0,07	-0,45
FVW_K	-0,00	0,70	-0,24	-0,41	0,30	-0,06	-0,04	-0,21	-0,13
MFA_K	-0,12	-0,51	1,00	0,88	-0,41	0,27	-0,28	-0,35	-0,10
BFL_K	-0,19	-0,59	0,86	0,96	-0,67	0,03	-0,03	-0,12	0,09
RSP_K	0,09	0,62	-0,60	-0,83	0,98	0,25	-0,22	-0,23	-0,24
LF_K	0,28	-0,31	0,37	0,27	-0,06	0,98	-1,00	-0,66	-1,00
pH_{1K}	-0,27	0,31	-0,45	-0,37	0,12	-0,98	1,00	0,71	1,00
pH_{24K}	-0,12	0,00	-0,28	-0,20	-0,19	-0,47	0,51	1,00	-0,04
FBZ_K	-0,18	0,26	-0,39	-0,31	0,14	-0,94	1,00	0,35	1,00

s.e.($\hat{\rho}$) = 0,08-0,14

Heritabilität im Bauchfleischanteil ist im Gesamtdatensatz sogar niedriger als einer der beiden getrennten Schätzwerte. In den Untersuchungen zur Modellierung der Leistungen in Großgruppen mit Abrufstation wurden auch Varianten mit fixem Buchteffekt zur Parameterschätzung verwendet. Am Beispiel der täglichen Zunahmen zeigte sich, dass die additiv-genetische Varianz in allen Datensätzen fiel und die Varianz des Gesamtdatensatzes kleiner war als der kleinere Schätzwert aus Schwarzenau. Mit Hilfe einer MIVQUE-Analyse konnte dies auf die ungünstige Datenstruktur in Grub zurückgeführt werden. Diese resultiert z.T. aus dem Konflikt zwischen einer guten Auslastung der Prüfkapazität und der Optimierung des Designs zur Parameterschätzung, da die Prüfkapazität in Großbuchten zu dieser Zeit in Grub wesentlich kleiner war als in Schwarzenau. Die Varianz zwischen Vätern kann mit den Daten aus Schwarzenau genauer ge-

schätzt werden und trägt somit mehr zum Schätzwert des gepoolten Datensatzes bei. Es konnte darüber hinaus eine Verzerrung der additiv-genetischen Varianz nachgewiesen werden, die aus den unterschiedlich großen Umweltvarianzen in beiden Leistungsprüfanstalten resultiert. Die höheren Umweltvarianzen in Grub bewirken, dass die additiv-genetische Varianz aus den gepoolten Daten dem Schätzwert aus Schwarzenau ähnlicher ist. Diese Analysen verdeutlichen daher nochmals, dass ein zufälliger Buchteffekt zur Zeit die bessere Alternative gegenüber einer fixen Modellierung ist. Sie unterstreichen aber auch die dringend notwendige Verbesserung der Datenstruktur.

In Schwarzenau wurden wesentlich größere Buchtvarianzen in den Mastleistungsmerkmalen geschätzt, die vermutlich auf die unterschiedliche Funktionalität der Futterautomaten zurückzuführen sind. Eine Überprüfung und ein Vergleich der Futterautomaten in Grub und Schwarzenau ist daher zu empfehlen. Die Varianz zwischen Betrieben ist nur bei den Mastleistungsmerkmalen und der Rückenspeckdicke signifikant, während sie, im Gegensatz zu den Leistungen in 2er-Buchten, bei den anderen Merkmalen kaum vorhanden ist.

Die additiv-genetischen Varianzen der Mastleistungs- und Fleischanteilsmerkmale des Gesamtdatensatzes sind in den Großbuchten kleiner als in den 2er-Buchten. Bei Betrachtung der Varianzen innerhalb der Leistungsprüfstationen trifft diese Aussage jedoch nicht allgemeingültig zu. In einigen Merkmalen ist die Varianz in Großbuchten kleiner, während sie in anderen Merkmalen größer ist. Überraschenderweise kommt es bei einigen Merkmalen sogar vor, dass in 2er-Buchten die eine Leistungsprüfstation die höhere Varianz aufweist, während in Großbuchten die andere Prüfstation die höhere additiv-genetische Varianz hat. Dies kann beispielsweise bei der Futterverwertung und dem Magerfleischanteil nachvollzogen werden. Schließlich kann die additiv-genetische Varianz in 2er-Buchten und Großgruppen auch gleich groß sein, wie z.B. bei den täglichen Zunahmen in Grub. Infolge der niedrigeren additiv-genetischen Varianz des Gesamtdatensatzes sind die Heritabilitäten der Mastleistungsmerkmale in den Großbuchten kleiner als in 2er-Buchten. So wurden für die täglichen Zunahmen Heritabilitäten von 0,21 bzw. 0,28 und für die Futterverwertung von 0,18 bzw. 0,30 geschätzt. In der Rückenspeckdicke ist die Erblichkeit in 2er-Buchten geringer (0,34 vs. 0,42), weil die Restvarianz deutlich höher und die additiv-genetische Varianz etwas niedriger ist. Dieselben Aussagen treffen auch bei den Fleischbeschaffenheitsmerkmalen pH₁ und Leitfähigkeit zu. Bei der Fleischbeschaffenheitszahl ist die Heritabilität in Großbuchten zwar ebenfalls höher als in 2er-Buchten, jedoch zeigt sich in allen Datensätzen ein ausgeprägter Skaleneffekt. So sind die Varianzkomponenten in Großbuchten kleiner als in 2er-Buchten, obwohl die Fleischbeschaffenheitszahl in beiden Aufstallungsverfahren im Durchschnitt nicht verschieden ist. Die Varianzen zwischen Vollgeschwistergruppen aller Merkmale sind nicht direkt vergleichbar, da in den 2er-Buchten noch der Buchteffekt enthalten ist. Der Einfluss der Bucht auf die Ähnlichkeit zwischen Buchtgefährten zeigt sich deutlich in einem zweifach höheren c^2 -Effekt bei den täglichen Zunahmen in 2er-Buchten.

Die Leistungen derselben Merkmale in den beiden Prüfumwelten sind mit Ausnahme der Mastleistungsmerkmale sehr hoch oder sogar vollständig korreliert. Von Felde (1996), der die Leistungen von Jungebern in Einzel- und Großhaltung mit Abrufstation verglichen hat, schätzte für den Magerfleischanteil ebenfalls eine genetische Korrelation von 1. Die Fleischqualitätsmerkmale aus Großbuchten sollten deshalb sehr ähnliche genetische Korrelationen zu den Leistungsmerkmalen in 2er-Buchten zeigen, wie die Leistungsmerkmale in den 2er-Buchten untereinander. Hierzu ist ein Vergleich der genetischen Korrelationen in den Tabellen 4.9 und 5.5

notwendig. Zu beachten sind allerdings die hohen Standardfehler der geschätzten Korrelationen. Für die Fleischanteilsmerkmale und die Rückenspeckdicke trifft die Annahme relativ gut zu. Beispielsweise wurde zwischen dem Magerfleischanteil in Großbuchten und den täglichen Zunahmen in 2er-Buchten eine genetische Korrelation von -0,25 geschätzt, der eine Korrelation zwischen TZ_K und MFA_K von -0,18 gegenübersteht. In gleicher Weise gilt dies für die beiden Fleischanteilsmerkmale in Großbuchten, MFA_G und BFL_G , zur Rückenspeckdicke (-0,54 vs. -0,6 bzw. -0,83 vs. -0,83) sowie zum pH_1 (-0,38 vs. -0,45 bzw. -0,27 vs. -0,37). Die genetischen Korrelationen zur Futterverwertung in 2er-Buchten verändern sich ebenso kaum.

Größere Unterschiede finden sich beim Vergleich der genetischen Korrelationen der Fleischbeschaffenheitsmerkmale in Großbuchten zu den Mastleistungsmerkmalen und zum Bauchfleischanteil in 2er-Buchten. Während die Korrelation des pH_{1G} zum MFA_K mit -0,28 noch vergleichbar zu -0,38 in Großgruppen ist, verschwindet der Antagonismus zum Bauchfleischanteil völlig. Zudem ergibt sich eine ungünstige, negative Korrelation von -0,31 zu den täglichen Zunahme in 2er-Buchten, die dort bislang schwach positiv war.

Die kleinsten genetischen Korrelationen zwischen denselben Merkmalen in 2er-Buchten und Großbuchten mit Abrufstation wurden für die täglichen Zunahmen mit 0,52 und die Futterverwertung mit 0,7 geschätzt. Diese niedrigen genetischen Korrelationen zwischen den Prüfumwelten auf Station können auch als Genotyp-Umwelt Interaktionen interpretiert werden, die zu erheblichen Rangverschiebungen der Kandidatentiere im Gesamtzuchtwert führen werden. Von Felde (1996) schätzte eine vergleichbare genetische Korrelation zwischen den Prüfumwelten für die täglichen Zunahmen von 0,46, aber eine deutlich niedrigere für die Futterverwertung von 0,21.

In Zukunft werden die Prüftiere ausschließlich in Großgruppen aufgestellt, so dass die Populationsparameter des neuen Haltungssystems den zukünftigen Zuchtfortschritt bestimmen werden. Dabei sind nicht nur die Heritabilitäten und additiv-genetischen Varianzen entscheidend, sondern auch die Antagonismen zwischen den Merkmalen des Zuchtziels. Die antagonistische Beziehung der täglichen Zunahmen zum Magerfleischanteil ist mit -0,09 tendenziell niedriger als in 2er-Buchten mit -0,18. Zum Bauchfleischanteil ist sogar überhaupt keine gerichtete Korrelation mehr zu finden. In einem vertrauten Bereich liegen dagegen zwangsläufig die genetischen Korrelationen der Fleischanteilsmerkmale untereinander und zur Rückenspeckdicke. Im Hinblick auf die Erreichung eines hohen Zuchtfortschritts in den Einzelmerkmalen sind die höheren genetischen Korrelationen der Futterverwertung zum Magerfleischanteil (-0,52 vs. -0,32) und zum Bauchfleischanteil (-0,76 vs. -0,39) günstiger als in 2er-Buchten. Weniger erfreulich ist dagegen die niedrigere genetische Korrelation zwischen der Futterverwertung und den täglichen Zunahmen von nurmehr -0,14, die in 2er-Buchten -0,4 beträgt. Desweiteren ergeben sich Änderungen beim pH_1 , dessen antagonistische Beziehung zum Mager- und Bauchfleischanteil kleiner als in 2er-Buchten ist. Allerdings existiert nun eine, für das Zuchtziel ungünstige, negative Korrelation des pH_1 zu den täglichen Zunahmen von -0,17.

Das niedrigere Wachstumsniveau und der höhere Fleischanteil von Prüftieren in Großbuchten mit Abrufstation weisen bereits auf die phänotypischen Unterschiede zu den Leistungen in 2er-Buchten hin. Die geschätzten Populationsparameter lassen darüber hinaus auch auf genetische Differenzen schließen. Die phänotypischen und genetischen Unterschiede sind wohl im wesentlichen auf das unterschiedliche Fressverhalten in beiden Prüfumwelten zurückzuführen. Die Prüftiere in 2er-Buchten haben im Gegensatz zur Aufstallung in Großgruppen jederzeit Zugang

zum Futterautomaten und werden vermutlich durch den Buchtgefährten oder die anderen Tiere im Abteil zum Fressen stimuliert (Futterneid). In Großgruppen mit Abrufstation beträgt das Tier zu Fressplatz-Verhältnis dagegen 10-14:1, so dass Konkurrenz um den Platz am Automaten entstehen kann. Paulke und Scholz (1999) untersuchten das Fressverhalten von Prüftieren in Großgruppen mit Abrufstation hinsichtlich Besuchshäufigkeit, Besuchsdauer, Fressgeschwindigkeit und Futteraufnahme über die auf Prüfstation übliche Mastperiode. Die Besuchshäufigkeit von weiblichen Kreuzungstieren fiel von 20 Mal pro Tag zu Mastbeginn auf 14 Mal pro Tag zu Mastende. Gleichzeitig sank die Fressdauer von gut einer Stunde auf etwa 48 Minuten, bei zunehmender Fressgeschwindigkeit und Futteraufnahme je Besuch. In der vorliegenden Arbeit ist die Futteraufnahme in Großgruppen aber nur geringfügig niedriger als in 2er-Buchten. Deshalb ist zu vermuten, dass bei 10 bis 14 Tieren pro Bucht nur zu Beginn der Prüfperiode eine Konkurrenz um den Platz am Automaten auftritt und die Tiere nicht die Futtermenge aufnehmen, die sie bei ständigem Zugang und bei einer Stimulierung durch die Buchtgefährten fressen würden. Im weiteren Mastverlauf könnten diese Futtermengen mit größerem Futteraufnahmevermögen wieder ausgeglichen werden. Die Annahmen werden dadurch gestützt, dass der Variationskoeffizient der Futteraufnahme zu Mastbeginn besonders hoch ist, später aber deutlich abfällt. Da die Prüftiere im Durchschnitt 6 Tage vor Prüfbeginn in Großbuchten aufgestellt werden, sollte eine niedrigere Futteraufnahme zu Mastbeginn nicht aus einer zu kurzen Anlernphase resultieren. In früheren Untersuchungen fanden De Haer (1992) und Labroue u. a. (1994) eine deutlich niedrigere Futteraufnahme in der Gruppenhaltung von 400 bzw. 200 g/Tag gegenüber der Einzelhaltung. Allerdings war bei De Haer (1992) das Haltungssystem mit dem Geschlecht 'confounded', da in Einzelhaltung ausschließlich Jungeber und in Gruppenhaltung nur Jungsauen geprüft wurden. Eine starke Verdrängung durch ranghöhere Tiere ist eher unwahrscheinlich, da dabei die Varianz in den Großbuchten größer sein sollte als in 2er-Buchten. Dies ist jedoch nicht der Fall. De Haer (1990), Knap und Van Der Steen (1994) und Von Felde (1996), welche die Leistungen in Einzelhaltung und Gruppenhaltung untersuchten, berichten dagegen sowohl von höheren phänotypischen als auch additiv-genetischen Standardabweichungen in der Großgruppe, was mit einem gesteigerten Konkurrenzverhalten und damit höherer genetischer Expression begründet wird.

Die Futteraufnahme beeinflusst auch die Leistung in anderen Merkmalen. Da die Fleischanteilsmerkmale in Großgruppen um bis zu einem Prozent höher sind als in 2er-Buchten, ist zu vermuten, dass sich die Mastschweine in Großgruppen langsamer entwickeln als in 2er-Buchten. Bei den täglichen Zunahmen wäre ein kompensatorisches Wachstum denkbar, welches das niedrigere Niveau bei den geplanten höheren Mastendgewichten ausgleichen würde. Eine Bestätigung dieser Hypothese findet sich im 5. bayerischen Stichprobentest des Jahres 2003 (Littmann u. a., 2003), der in Großbuchten durchgeführt wurde. Bei einem Mastendgewicht von knapp 117 kg wurden durchschnittlich 833 g tägliche Zunahmen gemessen, was einer höheren Wachstumsleistung entspricht als in den 2er-Buchten. Zu ähnlichen Ergebnissen kam Von Felde (1996), der die Leistungen von Jungebern in einem Gewichtsbereich von etwa 50 bis 120 kg Lebendmasse verglich. Im Gegensatz zu der vorliegenden Arbeit stellte Von Felde (1996) einen Leistungsvorsprung in den Merkmalen tägliche Zunahmen und Futterverwertung bei höherem Verfettungsgrad der Masttiere fest.

Vergleicht man ausschließlich die additiv-genetischen Varianzen der Mastleistungs- und Fleischanteilsmerkmale des Gesamtdatensatzes in 2er-Buchten und Großbuchten tendiert man zu folgender Schlußfolgerung: Die niedrigeren additiv-genetischen Varianzen in Großgruppen könnten ein Hinweis darauf sein, dass das genetische Wachstumspotential zu Mastbeginn nicht voll-

ständig genutzt wird und daher weniger genetische Unterschiede zutage treten. Die geschätzten Parameter für die getrennten Datensätze aus Grub und Schwarzenau und die höhere additiv-genetische Varianz der Rückenspeckdicke stellen diese Hypothese jedoch wieder in Frage. Die Populationsparameter für Großgruppen sollten bei einer besseren Datenstruktur wiederholt geschätzt werden, um die Aussagen zu überprüfen. Bestätigt sich, dass die additiv-genetischen Varianzen im neuen Haltungssystem niedriger sind, so sind die genetischen Differenzen zwischen Kandidatentieren reduziert und der zu erwartende Zuchtfortschritt aus den Leistungen auf Station gegenüber den 2er-Buchten ist kleiner. Dazu tragen auch die niedrigeren Heritabilitäten der Mastleistungsmerkmale bei, die sich auf die Genauigkeit der Rangierung von Kandidatentieren auswirken werden. Diese Populationsparameter geben jedoch keine Auskunft darüber, ob der genetische Fortschritt im Feld zukünftig kleiner oder größer sein wird, weil die genetischen Korrelationen zwischen Feld und Station nicht bekannt sind.

Die höheren genetischen Korrelationen zwischen den Fleischanteilsmerkmalen und der Futterverwertung in Großbuchten weisen auf eine stärkere Verwendung der Futterenergie für den Muskelansatz hin als im Vergleich zu den 2er-Buchten. Aus diesem Grund ist auch der antagonistische Zusammenhang zwischen den täglichen Zunahmen und den Fleischanteilsmerkmalen in Großbuchten kleiner als in 2er-Buchten. Die Vermutung, dass sich die Prüftiere in Großbuchten mit Abrufstation langsamer entwickeln als Tiere in 2er-Buchten, wird somit auch durch die geschätzten genetischen Korrelationen unterstützt. Eine negative genetische Korrelation zwischen den täglichen Zunahmen und dem pH_1 passt dabei auch ins Bild, jedoch hätte man wohl einen stärkeren Antagonismus zwischen dem Magerfleischanteil und dem pH_1 erwartet. Diese genetischen Korrelationen werden zur Folge haben, dass die Fleischanteilsmerkmale und die Futterverwertung unter dem aktuellen Zuchtziel noch stärker betont werden.

Kapitel 6

Optimierung der Leistungsprüfung und Zuchtpraxis

Die weitere Optimierung der Leistungsprüfung und Zuchtpraxis bei der Vatterasse Piétrain in Bayern ist eine notwendige Aufgabe, um die Wettbewerbsfähigkeit der bayerischen Schweineproduktion und der Züchter im Besonderen zu verbessern. Zusätzliche Motivation erhält diese Untersuchung durch die Einführung eines neuen Zuchtziels für Vatterassen, die Umrüstung von der traditionellen Aufstallung in 2er-Buchten auf Großgruppen mit Abrufstation sowie die Implementierung einer neuen Zuchtwertschätzung mit Hilfe von Reinzucht- und Kreuzungsleistung.

6.1 Aktuelle Leistungsprüfung und Zuchtpraxis

Eine grundlegende Voraussetzung für Planungsrechnungen ist die genaue Kenntnis der aktuellen Populationsstruktur und des Zuchtgeschehens. Zu diesem Zweck werden als erstes die bayerische Vatterassenpopulation, die vorhandene Leistungsprüfung und die Zuchtpraxis beschrieben. Zur Bewertung der Zuchtpraxis der letzten 15 Jahre werden anschließend der realisierte Zuchtfortschritt und die (Jahres-)Effektive Populationsgröße geschätzt.

6.1.1 Populationsstruktur

Die bayerische Vatterassenpopulation setzt sich ausschließlich aus Tieren der Rasse Piétrain zusammen. Die eingetragenen Zuchtsauen stehen in 50 Betrieben, deren aktuelle Größenverteilung in Tabelle 6.1 dargestellt ist. Ein Drittel der Betriebe hält weniger als 10, ein weiteres Drittel zwischen 10 und 30 und das restliche Drittel bis zu 137 Sauen. Unter diesen Betrieben befinden sich vier staatliche Lehr- und Versuchsgüter, reine Vatterassenzüchter sowie Züchter, die Vater- und Mutterassentiere halten. Ein erstes Ziel besteht darin, eine Kernpopulation zu definieren, die aktiv zum Zuchtfortschritt beiträgt und in der Zuchttiere ausgetauscht werden. Hinweise geben der Anteil der einzelnen Betriebsgrößenklassen am Eberverkauf und die Teilnahme an der Nachkommen- und Geschwisterprüfung auf Station. Acht Betriebe der untersten Betriebsgrößenklasse schickten im Jahr 2004 keine Tiere auf Station und können daher nicht zu den aktiven Piétrainzüchtern gezählt werden. Darüber hinaus ist es aber schwierig, Betriebe vom theoretischen Nukleus auszuschließen, weil kleine wie große Betriebe am Eberverkauf beteiligt sind.

In den letzten Jahren ist ein abnehmender Trend in der Zahl der Zuchtsauen festzustellen, der mit der steigenden Besamungsdichte und dem Absatzrückgang bei Natursprungebern zu erklären ist. In den vergangenen 15 Jahren stieg der Anteil der künstlichen Besamung in der Ferke-

Tabelle 6.1: Aktuelle Verteilung der Piétrainsauen auf Betriebsgrößenklassen im Januar 2005 sowie Anteil verkaufter KB- bzw. Natursprungeber

Klasse	Anzahl Betriebe	Anzahl Sauen	Sauen %	Sauen kumulativ	Anteil verk. KB-Eber, %	Anteil verk. Natursp.-Eber, %
<10	18	75	5,3	1421	0	9,2
10-19	5	63	4,4	1346	0,5	3,5
20-29	11	276	19,4	1283	23	25,6
30-39	4	138	9,7	1007	1	10,4
40-49	3	137	9,6	869	15	10,1
60-69	3	189	13,3	732	19	9,2
70-79	2	146	10,3	543	0,4	7,9
80-89	3	260	18,3	397	41	17,7
137	1	137	9,6	137	0	6,52

lerzeugung von gut 50 auf etwa 75 %, wobei sich dieses Niveau in den letzten Jahren stabilisiert hat. Infolgedessen stieg auch die Zahl der KB-Eber von 400 auf über 700 (Rahbauer u. a., 2003).

Im Jahr 2003 wurden in Bayern 1262 eingetragene Piétrainsauen gehalten, von denen 1204 an der Zuchtleistungsprüfung teilnahmen (Rahbauer u. a., 2003). Die durchschnittliche Wurfgröße betrug 8,8 Ferkel bei 1,95 Würfen je Sau und Jahr. Bei einem Ferkelverlust von 5,8 % zog eine Sau somit 17,2 Ferkel auf. Das Erstferkelalter beträgt im Durchschnitt 380 Tage und die Zwischenwurfzeit 177 Tage. Aus den Wurfnummern der aktuellen Sauenpopulation errechnet sich eine mittlere Wurfzahl von 3,3. Die Austauschrate je Wurf, die sich aus dem Anteil der Sauen im ersten Wurf berechnet, beträgt 26 %. Der Anteil der künstlich besamten Sauen ist in den letzten 10 Jahren von gut 30 auf rund 67 % gestiegen, wobei sich immer noch Betriebe finden, die ausschließlich Natursprungeber einsetzen. Die Natursprungeber stammen zu etwa 80 % aus anderen Zuchtbetrieben in- und außerhalb Bayerns. Bei der Auswahl der Eber wird nicht nur auf die Leistungseigenschaften geachtet, sondern auch auf die Verwandtschaft der Tiere zur eigenen Zuchtpopulation.

6.1.2 Idealisierte Zuchtpraxis und Leistungsprüfung

Die rund 1200 Sauen unter Zuchtleistungsprüfung erzeugen in jedem Halbjahr etwa 10500 Nachkommen, so dass durchschnittlich 5250 männliche und weibliche Kandidaten zur Zucht der nächsten Generation bereit stehen. In der Praxis wird die erste Selektion, die sich in zwei Stufen unterteilen lässt, im Alter von etwa 12 Wochen vorgenommen. Dabei werden zunächst Tiere mit Wachstums-, Fundament- und Exterieurmängel innerhalb eines Wurfes gemerzt, um anschließend eine auf Elternzuchtwerten basierende Familienselektion durchzuführen. Auf diese Weise werden ca. 30-35 % (1500-1750) der männlichen und etwa 70-80 % (3675-4200) der weiblichen Läufer selektiert. Im Alter von 7-8 Monaten findet dann die zweite Selektion mittels Eigenleistungs- und Pedigreeinformation statt, wobei sich die Prüfungsformen für Eber und Sauen unterscheiden. Die weiblichen Tiere werden innerhalb der Betriebe vor allem nach dem Exterieur selektiert, während die männlichen Zuchtläufer mit einem Gewicht von 120-170 kg auf Auktionen oder im Betrieb vorgestellt werden. Dabei werden die Lebenstagszunahme, die Ultraschallspeckdicke sowie die Boniturmerkmale Bemuskelung, Exterieur und Fundament

erhoben. Die Merkmale Lebenstagszunahme und Ultraschallspeckdicke dienen dann, zusammen mit den Elternzuchtwerten des Zuchtziels, zur Schätzung eines sogenannten Körzuchtwertes. Die gekörten Eber (92 % der Eber, Körzuchtwert mindestens 80 Punkte, Exterieurnote mindestens 4) werden anschließend an die Ferkelerzeuger, die Besamungsstationen oder an andere Züchter verkauft. An die Eber aus dem 2. oder einem höheren Wurf werden über die Erzeugungs- und Qualitätsregeln der Erzeugergemeinschaft und Züchtervereinigung für Zucht- und Hybridzuchtschweine in Bayern w. V. (EGZH) besondere Anforderungen gestellt. Diese besagen, dass die Muttersauen mindestens einen stationsgeprüften Nachkommen in der Zuchtwertschätzung für Mast- und Schlachtleistung vorweisen müssen. Dadurch werden die Züchter gezwungen, ihre Jungsauen so früh wie möglich prüfen zu lassen. Aus den Richtlinien über Mindestleistungen und Prüfung der Besamungsgeber entsteht ein ähnlicher Zwang zur Prüfung von Natursprungebern. Demnach muss ein Eber zur Erteilung der Besamungserlaubnis für den Prüfeinsatz schlachtleistungsgeprüfte Eltern haben. Ein Eber gilt als geprüft, wenn mindestens 6 Reinzuchtnachkommen oder 13 Kreuzungsnachkommen die Prüfung erfolgreich beendet haben. Die Anforderungen zur Anpaarung an die Zuchtsauen sind hingegen wesentlich geringer und fordern ausschließlich, dass ein Eber mindestens in Werteklasse II (Körzuchtwert 90, Exterieurnote 6) eingestuft wurde. Die Natursprungeber und Zuchtsauen werden im Anschluß an die Eigenleistungsprüfung in der Zuchtpopulation eingesetzt, um Eber für die Ferkelerzeugung und die Zuchttiere der nächsten Generation zu erzeugen. Die Eber auf den KB-Stationen erhalten Besamungskontingente für den Ersteinsatz in der Ferkelerzeugung, um die Kreuzungsnachkommen für die Nachkommenschaftsprüfung zu produzieren. Ein Teil der Besamungsgeber wird gleichzeitig auch in der Zuchtstufe eingesetzt. In der Tabelle 6.2 ist die idealisierte Zuchtpraxis nochmals zusammengefasst.

Die Nachkommen- und Geschwisterprüfung wird auf den beiden Leistungsprüfstationen in Grub und Schwarzenau durchgeführt. Mit dem Abschluss der Umbaumaßnahmen von der Aufstallung in 2er-Buchten auf Großbuchten mit Abrufstation (voraussichtlich Ende 2006) werden in Bayern 360 Buchten mit je 10-14 Mastplätzen installiert sein. Die bayerische Prüfkapazität wird dann durchschnittlich 4320 Mastplätze umfassen. Im Jahr 2003 wurden knapp zwei Drittel der Prüfkapazität zur Nachkommen- und Geschwisterprüfung der Rasse Piétrain genutzt, wovon 20 % auf Reinzuchttiere und 80 % auf Kreuzungstiere entfielen. Die Reinzuchttiere stammten je zur Hälfte von Natursprung- und Besamungsgebern ab. Zur Analyse der aktuellen Prüfstruktur wurden die drei Geburtsjahrgänge von 2000 bis 2002 betrachtet. Im Durchschnitt wurden pro Jahr 53 Eber ausschließlich mit Reinzuchtnachkommen, 221 nur mit Kreuzungsnachkommen und 83 in beiden Prüfarten getestet. Die durchschnittliche Anzahl Nachkommen betrug in der ersten Ebergruppe knapp 12, in der zweiten rund 16 und die Eber der dritten Fraktion wurden mit 6 Reinzucht- und 16 Kreuzungsnachkommen geprüft. Obwohl die Natursprungeber nur mit 6 Nachkommen geprüft werden müssen, liegt der Durchschnitt doppelt so hoch. Die Erklärung ist, dass die erfolgreich geprüften Eber an die zu prüfenden Jungsauen gepaart werden. Von den durchschnittlich 540 geprüften Jungsauen hatten 77 % zwei stationsgeprüfte Nachkommen, 19 % einen und 3 % mehr als 2. 80% der Jungsauen wurden mit dem ersten Wurf geprüft, die restlichen überwiegend mit dem zweiten. Lediglich 10 % der Jungsauen werden mit Ebern verpaart, die jünger als 1,5 Jahre sind. Nur bei diesen Paarungen können die Leistungen der Reinzuchtnachkommen auf Station als Selektionsinformation für Eber und Sauen effizient genutzt werden.

Die Information aus der Leistungsprüfung auf Station wird für weitere Selektionsentscheidungen genutzt. Natursprungeber und Zuchtsauen mit schlechten Prüfergebnissen werden nicht

Tabelle 6.2: Idealisierte Zuchtpraxis bei der Vatterassen Piétrain in Bayern

Alter	Information	Aktionen	Würfe
Geburt	1) Eigenleistung des Vaters und der Mutter 2) stationsgeprüfte väterliche Halb- und/oder Vollgeschwister in Reinzucht und/oder Halbgeschwister in Kreuzung, wenn das Tier von einem geprüften Eber stammt 3) stationsgeprüfte mütterliche Halb- oder Vollgeschwister, wenn das Tier aus dem 2. oder einem höheren Wurf stammt		
3 Monate	Wachstums- und Exterieurmängel	1. Selektion: Familienselektion, vor allem Würfe von Ebern und Zuchtsauen mit positiver Nachkommenschaftsprüfung	
7-8 Monate	Eigenleistung des Kandidaten sowie kollateraler Verwandter, stationsgeprüfte Halb- u. Vollgeschwister, wenn das Tier aus dem 1. Wurf stammt	2. Selektion: Natursprungeber und Jungsauen werden angepaart, Besamungseber gehen in die Quarantäne	
10 Monate		Testanpaarung der Besamungseber an Ferkelerzeugersauen, Einsatz z.T. auch in der Zuchtstufe	
1,0 Jahr			1. Wurf
1,5 Jahre			2. Wurf
1,7 Jahre	Prüfergebnisse der Nachkommen von Natursprungebern und Zuchtsauen	3. Selektion der Natursprung-eber und Zuchtsauen	
2,0 Jahre	Prüfergebnisse der Nachkommen von Besamungsebern	3. Selektion der Besamungseber, Anpaarung der Besamungseber in der Ferkelerzeugung und Zuchtstufe	3. Wurf
2,5 Jahre			4. Wurf
3,0 Jahre			5. Wurf
3,5 Jahre			6. Wurf

weiter angepaart, während überdurchschnittliche KB-Eber die Besamungserlaubnis für die Ferkelerzeugung erhalten. Außerdem werden die Leistungen der Prüftiere auf Station als Halb- und Vollgeschwisterinformation auf den ersten beiden Selektionsstufen genutzt. Damit wird eine nachträgliche Selektion erfolgreicher Elterntiere durchgeführt, die zuvor schon in der Zuchtstufe eingesetzt wurden. Die Piétrainpopulation kann deshalb in Elterntiere unterteilt werden,

deren Nachkommen in die Produktion gehen (Natursprungeber in der Ferkelerzeugung, Mastschweine) oder deren Nachkommen zur Zucht verwendet werden. Die Sauen beider Gruppen weisen unterschiedliche mittlere Wurfzahlen auf. Bei den Ebern und Sauen mit Zuchtnachkommen können sowohl im Generationsintervall als auch hinsichtlich der Selektionsintensitäten verschiedene Selektionspfade nachgewiesen werden.

Ausgehend vom Pedigree, das alle potentiellen Zuchttiere nach der zweiten Selektionsstufe enthält, wurde als erstes die Selektionsschärfe bei nachkommengeprüften Elterntieren untersucht. Dazu wurden geprüfte Elterntiere ermittelt, die mindestens einen Zuchtnachkommen im Pedigree haben. Diese Vorgehensweise unterstellt allerdings, dass alle Nachkommen ausschließlich aufgrund ihres Pedigreezuchtwerthes selektiert wurden. Diese Annahme ist nicht ganz realistisch. Zwar dominiert die Halb- und Vollgeschwisterinformation auf Station, dennoch trägt auch die Eigenleistung zu Selektionsentscheidungen bei. In der Tabelle 6.3 ist der Anteil selektierter Tiere nach Pfaden aufgelistet. In die Auswertung wurden die Geburtsjahrgänge von 1990 bis 1999 einbezogen, wobei die Eber in Natursprung- und Besamungseber unterschieden werden. Wie sich zeigt, wird in den Pfaden zur Produktion von Söhnen stets schärfer selektiert

Tabelle 6.3: Prozentualer Anteil nachkommengeprüfter Eber und Sauen, die zur nächsten Generation beitragen sowie die durchschnittliche Anzahl Sauen, die an Natursprung- bzw. KB-Eber angepaart werden. In Klammern steht die mittlere Zahl der jährlich geprüften Kandidaten aus den Geburtsjahrgänge von 1990 bis 1999

	Natursprungeber (94)	KB-Eber (189)	Zuchtsauen (734)
Sohn, %	47	18	25
Tochter, %	70	27	45
Anzahl Sauen pro Eber	3,8	3,1	-

als in den Pfaden zur Produktion von Töchtern. Desweiteren wird bei den KB-Ebern wesentlich schärfer selektiert als bei den Natursprungebern. Dies hängt zum einen mit der höheren Zahl geprüfter Kandidaten und zum anderen mit dem Einsatz von Besamungsebern in der Zuchtpopulation zusammen. Darüber hinaus können Besamungseber gezielter angepaart werden, da die Nachkommenschaftsprüfung abgewartet wird. Die Selektionsschärfe bei den Natursprungebern ist wohl auch deswegen niedriger, weil ihre Zuchtwerte ungenauer geschätzt sind als bei den Besamungsebern und daher genetische Differenzen zwischen den Natursprungebern weniger deutlich werden. Ein aussagekräftiger Parameter hinsichtlich der Selektionsschärfe ist das Sau:Eber-Verhältnis. Dies ist sowohl bei den Natursprung- als auch den KB-Ebern mit 3,8 bzw. 3,1 relativ niedrig und deutet insgesamt auf eine geringe Selektionsschärfe bei Ebern hin.

Zu vermuten ist, dass die Zuchttiere, die bessere Stationsergebnisse vorweisen können, mehr Nachkommen in der nächsten Generation haben als Tiere mit schlechteren Ergebnissen. Allerdings ist die Korrelation zwischen der Anzahl selektierter Nachkommen und den geschätzten Zuchtwerten nur gering positiv. Das gilt sowohl für die männlichen als auch die weiblichen Zuchttiere.

Das Generationsintervall, das als durchschnittliches Alter der Eltern bei der Geburt ihrer selektierten Nachkommen definiert ist (Falconer und Mackay, 1996), wird im wesentlichen durch das Alter beim Ersteinsatz sowie der Einsatzdauer bestimmt. Die Muttersauen potentieller Zuchttie-

re, d.h. Sauen mit mindestens einem Nachkommen im Pedigree, haben im Durchschnitt 5 Würfe, die Natursprungeber werden in etwa 1 Jahr und die Besamungseber 0,75 Jahre angepaart. Die geschätzten Generationsintervalle sind in Tabelle 6.4 dargestellt. Das durchschnittliche Ge-

Tabelle 6.4: Generationsintervalle in Jahren

	Sohn-Pfad	Tochter-Pfad	Durchschnitt
Natursprungeber	2,16	2,31	2,27
Besamungseber	2,68	2,82	2,79
Zuchtsauen	2,15	2,25	2,23

nerationsintervall der Natursprungeber ist mit 2,27 Jahren vergleichbar mit dem der Zuchtsauen, während das der Besamungseber ein halbes Jahr länger ist. Der Unterschied wäre sogar noch höher, wenn nicht ein Teil der Besamungseber bereits während der Kreuzungsprüfung in der Zuchtpopulation eingesetzt würde. 25 % der KB-Eber haben bereits vor Abschluß der Nachkommenschaftsprüfung im Alter von 1-1,5 Jahren Nachkommen in der Zuchtpopulation. Diese Eber sind daher keinem reinen Nachkommendesign unterworfen, sondern eher, wie die Natursprungeber und Zuchtsauen, einem Halbgeschwisterdesign. Nur 1-3 % der Besamungseber werden gleichzeitig mit Reinzucht- und Kreuzungsnachkommen geprüft.

6.1.3 Realisierter Zuchtfortschritt

Der realisierte Zuchtfortschritt in den Einzelmerkmalen des Zuchtziels wurde anhand der stationsgeprüften Nachkommen aus den Jahren 2000 bis 2004 geschätzt. Die Regressionskoeffizienten der genetischen Trends sind in der Tabelle 6.5 zusammen mit ihren Standardfehlern angegeben. Der Zuchtfortschritt ist hinsichtlich des heutigen Zuchtziels in gewünschter Rich-

Tabelle 6.5: Genetischer und ökonomisch-genetischer Fortschritt pro Jahr ($\hat{\beta}$) in der bayerischen Piétrain-Population von Kreuzungsmerkmalen von 1990 bis 1999

Merkmal	TZ	FVW	MFA	BFL	pH ₁	IMF	Gesamt-ZW
Einheit (E)	$\frac{g/Ta g}{Jahr}$	$\frac{kg/kg}{Jahr}$	%/Jahr	%/Jahr	*/Jahr	%/Jahr	Euro/Jahr
λ , Euro/E	0,04	-14,50	2,06	0	7,66	9,11	
$\hat{\beta}$	1,33	-0,009	0,18	0,22	0,000	0,018	0,71
$s.e.(\hat{\beta})$	0,29	0,001	0,005	0,012	0,002	0,015	0,019

*negativer dekadischer Logarithmus der H₃O⁺-Ionenkonzentration in Mol/l

tung und mit Ausnahme der beiden Fleischbeschaffenheitsmerkmale auch signifikant. Die Bewertung und Diskussion dieser Zuchtfortschritte erfolgt erst im Anschluß an die Ergebnisse der Simulationsstudien.

6.1.4 Effektive Populationsgröße

Der Erfolg eines Zuchtprogramms ist langfristig auch von der Effektiven Populationsgröße (N_e) abhängig, die ein wichtiges Maß für die genetische Drift und den Inzuchtzuwachs in endlichen Populationen darstellt. Beide Phänomene reduzieren die additiv-genetische Varianz und somit

auch den genetischen Fortschritt. Die genetische Drift führt trotz Selektion zu einem Verlust von günstigen Allelen (polygenes Modell) und beeinflusst so nicht nur den aktuellen Zuchtfortschritt, sondern auch die Selektionsgrenze. Inzucht hat zur Folge, dass die Heterozygotenfrequenz in der Population sinkt und daher die additiv-genetische Varianz reduziert wird. Darüber hinaus kann Inzucht, insbesondere bei Reproduktionsmerkmalen, zu Inzuchtdepression und zu einem höheren Auftreten von Erbfehlern führen.

Das Konzept der Effektiven Populationsgröße von Fisher (1930) und Wright (1931) wurde zunächst auf diskrete Generationen angewendet, später dann auf überlappende Generationen erweitert. Ein Review findet sich bei Hill (1979). Darin wird die Formel zur Schätzung der Drifteffektiven Populationsgröße für überlappende Generationen mit

$$\frac{1}{N_e} = \frac{1}{16M\bar{L}}[2 + \sigma_{mm}^2 + 2\frac{M}{F}\sigma_{mm,mf} + (\frac{M}{F})^2\sigma_{mf}^2] + \frac{1}{16F\bar{L}}[2 + \sigma_{ff}^2 + 2\frac{F}{M}\sigma_{fm,ff} + (\frac{F}{M})^2\sigma_{fm}^2]$$

angegeben. In dieser Funktion ist M (F) die Anzahl der männlichen (weiblichen) Zuchttiere, die je Zeiteinheit in die Population aufgenommen werden und $\bar{L}$ das durchschnittliche Generationsintervall der vier Selektionspfade. Desweiteren beschreiben σ_{mm}^2 , σ_{mf}^2 , σ_{fm}^2 und σ_{ff}^2 die Varianz der Familiengröße in den Pfaden Vater-Sohn, Vater-Tochter, Mutter-Sohn bzw. Mutter-Tochter. Schließlich bezeichnet $\sigma_{mm,mf}$ die Kovarianz in der Familiengröße zwischen den beiden Pfaden Vater-Sohn und Vater-Tochter. Entsprechendes gilt für $\sigma_{fm,ff}$.

Sowohl die Anzahl eingesetzter Zuchttiere als auch die (Ko-)Varianzen können von Jahr zu Jahr schwanken. Da Jahre mit höherem Inzuchtzuwachs nicht durch eine Erhöhung der Populationsgröße in nachfolgenden Jahren ausgeglichen werden können, wird ein harmonisches Mittel aus den jährlich geschätzten Effektiven Populationsgrößen berechnet. Dadurch haben Jahre mit einer niedrigen Effektiven Populationsgröße einen größeren Effekt als Jahre mit höheren Werten (Falconer und Mackay, 1996). In die Auswertung wurden ausschließlich Tiere der Geburtsjahrgänge von 1990 bis 1999 einbezogen, die ihrerseits wieder erfolgreiche Zuchtnachkommen hervorbrachten. Die Berechnungen wurden mit eigens geschriebenen Programmen in APL und FORTRAN 90 durchgeführt. Wie der Tabelle 6.6 zu entnehmen ist, schwankt die N_e

Tabelle 6.6: Effektive Populationsgröße für die Geburtsjahrgänge 1990 bis 1999

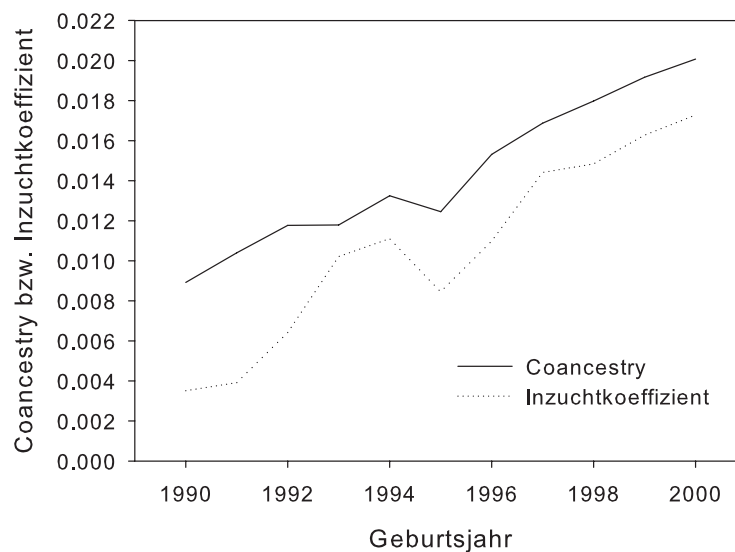
Jahr	M	F	$\bar{L}$	σ_{mm}^2	σ_{mf}^2	σ_{fm}^2	σ_{ff}^2	σ_{mmmf}	σ_{fmff}	N_e
1990	68	125	2,56	1,38	10,13	0,59	0,95	2,36	-0,20	248
1991	51	121	2,37	2,26	5,79	0,32	0,82	1,90	-0,13	225
1992	68	110	2,57	1,21	16,07	0,34	0,74	2,83	-0,19	190
1993	53	137	2,56	5,66	17,58	0,52	1,03	4,45	-0,09	135
1994	57	116	2,64	1,67	25,50	0,86	1,72	2,29	0,14	151
1995	60	150	2,17	1,95	6,95	0,42	0,81	1,02	-0,15	269
1996	76	156	2,32	6,05	15,42	1,09	1,60	5,45	0,36	130
1997	69	196	2,29	3,56	19,01	0,64	1,96	4,78	0,27	168
1998	62	159	2,10	5,41	35,51	0,50	1,20	8,01	-0,07	97
1999	66	157	1,80	2,52	10,97	0,32	1,29	0,86	-0,17	209

über die Jahre relativ stark, zeigt dabei aber keinen Trend. Das harmonische Mittel ergibt eine

Effektive Populationsgröße von 165 Tieren, was, bei einem durchschnittlichen Generationsintervall von rund 2,5 Jahren, einer Jahreseffektiven Populationsgröße von 412 Tieren entspricht. Der jährliche Inzuchtzuwachs beträgt daher ca. 0,12 %.

Diese Methode beruht allerdings auf Annahmen, die in realen Zuchtpopulationen nicht strikt gültig sind. So wird zufällige Anpaarung und Hardy-Weinberg-Gleichgewicht unterstellt, was bei gerichteter Selektion unrealistisch ist. Dasselbe gilt für die Annahme, dass die Chance selektiert zu werden nicht von der Abstammung eines Tieres abhängt. Da die Information von Verwandten in der bayerischen Zuchtpraxis eine bedeutende Rolle spielt, sollte eine nicht unbeträchtliche Korrelation in der Familiengröße über Generationen existieren. Eine Methode, die diese Nachteile nicht aufweist, ist die Bestimmung der Inzuchteffektiven Populationsgröße über den Inzuchtzuwachs pro Jahr. Dieser lässt sich aus dem durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten der Tiere eines Jahrgangs oder der mittleren Coancestry zwischen diesen Tieren ableiten. In der idealen Population entspricht die Coancestry dem Inzuchtkoeffizienten der nächsten Generation. In realen Populationen kann der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient der Coancestry vorausseilen oder nachhängen, je nachdem, ob durch die Anpaarung Inzucht verstärkt oder vermieden wird. Die Coancestry gilt im allgemeinen als stabiler über die Zeit als der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient. Sowohl die Inzuchtkoeffizienten als auch die Coancestries lassen sich aus den Elementen der Verwandtschaftsmatrix gewinnen, wobei unterstellt wird, dass Zuchttiere ohne Abstammungsinformation zur Population unverwandt sind. Dies trifft auf die Importtiere jedoch nicht allgemeingültig zu, so dass die Gefahr besteht die Effektive Populationsgröße zu überschätzen. Die Züchter wiesen bei einer Befragung auf die Schwierigkeiten hin, unverwandte Zuchttiere aus dem In- und Ausland importieren zu können. Die 'uncertain parantage'-Methode (Dempfle (1990) in Gianola und Hammond (1990), Pérez-Enciso und Fernando (1992)) wäre für diese Problematik empfehlenswert, wird aber aus zeitlichen Gründen hier nicht implementiert. Abbildung 6.1 zeigt die geschätzten Kurven für die Coancestry und die

Abbildung 6.1: Inzuchtzuwachs in der bayerischen Piétrain-Population



Inzuchtkoeffizienten von 1990 bis 1999. Die Kurve für die Inzucht zeigt wesentlich ausgeprägtere Schwankungen als die der Coancestry. Wie erwähnt sollte die Coancestry eine Generation

voraus sein. Es ist allerdings zu beachten, dass die Coancestry auf gametischer Ebene definiert ist, weshalb auch die Gameten in einem Tier einbezogen wurden. Da Selbstung nicht stattfindet, wird die daraus resultierende Inzucht erst zwei Generationen später, bei Halbgeschwisterpaarungen, wirksam. Der Vergleich der Inzuchtsteigerung von 1992 bis 1994 mit der Steigung in der Coancestry von 1995 bis 1997 könnte das Vorseilen der Coancestry wohl bestätigen. Dagegen weist der Vergleich des Inzuchtzuwachses von 1995 bis 1997 mit der Coancestry ab 1997 auf eine Anpaarungspraxis hin, die Inzucht verstärkt. Die Inzuchteffektive Populationsgröße kann nun aus der Formel

$$F_t = 1 - (1 - \Delta F)^t,$$

geschätzt werden (Falconer und Mackay, 1996), wobei F_t den durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten im Jahr t und ΔF den Inzuchtzuwachs pro Jahr bezeichnet. Zunächst kann ΔF durch den jährlichen Inzuchtzuwachs in der idealen Population $\frac{1}{2N_a}$ ersetzt werden. Stellt man die Formel um und logarithmiert anschließend, ergibt sich

$$\ln(1 - F_t) = t \cdot \ln\left(1 - \frac{1}{2N_a}\right).$$

Dabei ist $\ln(1 - \frac{1}{2N_a})$ die zu schätzende Steigung der linearen Regression von $\ln(1 - F_t)$ auf t . Bezeichnet man diese Steigung mit β und löst nach N_a auf, resultiert

$$N_a = \frac{1}{2(1 - e^\beta)}.$$

Für beide Kurven wurden lineare Regressionen für den Zeitraum von 1990 bis 1999 geschätzt. Die Jahreseffektive Populationsgröße aus der Coancestry beträgt 427 ($\Delta F = 0,0012$) und die aus den Inzuchtkoeffizienten 375 ($\Delta F = 0,0013$). Die Schätzwerte liegen damit über- bzw. unterhalb des Schätzwertes aus der Formel nach Hill (1979). Zu erwarten war allerdings, dass der Schätzwert aus der Formel nach Hill (1979) höher liegt, weil die Korrelation über Generationen nicht berücksichtigt werden kann. Jedoch ist die Annahme, dass die Importtiere zur Population unverwandt sind, ebenfalls nicht korrekt. Deshalb könnte die Jahreseffektive Populationsgröße tatsächlich etwas kleiner sein.

6.2 Modellkalkulationen

In *APL* wurde ein Programm zur Simulation der Eigenleistungsprüfung im Feld, der Nachkommen- und Geschwisterprüfung auf Station sowie verschiedener Zuchtstrategien entwickelt. Nachfolgend werden die Methoden zur Berechnung der Faktoren des genetischen Fortschritts pro Jahr für eine dreistufige Selektionspraxis beschrieben.

6.2.1 Methodik

Das Optimierungskriterium ist der jährliche Fortschritt im ökonomischen Gesamtzuchtwert H mit

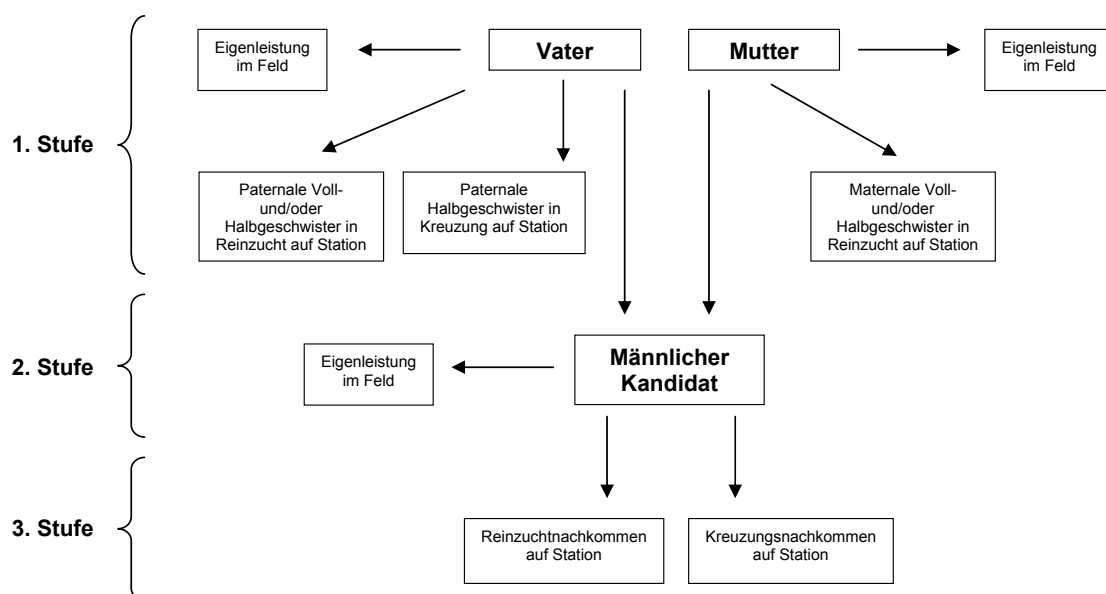
$$H_i = \sum_j a_j A_{ij} = \mathbf{a}' \mathbf{A}_i,$$

wobei a_j das ökonomische Gewicht symbolisiert und A_{ij} der wahre Zuchtwert für Kreuzungsleistung des Zuchttiers i im Merkmal j ist. Das Selektionskriterium ist der geschätzte Gesamtzuchtwert eines Kandidaten, der mit Hilfe der Informationen auf der jeweiligen Stufe ermittelt wird. Die Informationen für die Kandidaten auf den drei Stufen sind:

1. Eigenleistung der Eltern im Feld ($\mathbf{y}_{Ep}$) sowie Reinzucht- und Kreuzungsleistungen von Halb- und Vollgeschwistern auf Station ($\mathbf{y}_{Sp}$)
2. Informationen der Stufe 1 plus Eigenleistung der Kandidaten im Feld ($\mathbf{y}_{Eo}$)
3. Informationen der Stufe 2 plus Leistungen von Reinzucht- und Kreuzungsnachkommen auf Station ($\mathbf{y}_{So}$).

Die Indices der Beobachtungsvektoren werden in Tabelle 6.7 detailliert erklärt. In der Abbildung 6.2 sind die Informationen eines männlichen Kandidaten dargestellt.

Abbildung 6.2: Informationen eines männlichen Kandidaten auf den drei Selektionsstufen



Weibliche Kandidaten unterscheiden sich ausschließlich auf der dritten Selektionsstufe, da sie keine Kreuzungsnachkommen besitzen und die Reinzuchtnachkommen aus nur einem Wurf stammen.

Der Gesamtzuchtwert H und die Leistungsinformationen y_{Ep} , y_{Sp} , y_{Eo} sowie y_{So} seien multivariat normalverteilt mit

$$E \begin{bmatrix} H \\ y_{Ep} \\ y_{Sp} \\ y_{Eo} \\ y_{So} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 \\ \mathbf{x}_{Ep} \mathbf{b}_{Ep} \\ \mathbf{x}_{Sp} \mathbf{b}_{Sp} \\ \mathbf{x}_{Eo} \mathbf{b}_{Eo} \\ \mathbf{x}_{So} \mathbf{b}_{So} \end{bmatrix} \quad \text{und} \quad Var \begin{bmatrix} H \\ y_{Ep} \\ y_{Sp} \\ y_{Eo} \\ y_{So} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{V}_{HH} & \mathbf{V}_{Hy_{Ep}} & \mathbf{V}_{Hy_{Sp}} & \mathbf{V}_{Hy_{Eo}} & \mathbf{V}_{Hy_{So}} \\ \mathbf{V}_{y_{Ep}H} & \mathbf{V}_{y_{Ep}y_{Ep}} & \mathbf{V}_{y_{Ep}y_{Sp}} & \mathbf{V}_{y_{Ep}y_{Eo}} & \mathbf{V}_{y_{Ep}y_{So}} \\ \mathbf{V}_{y_{Sp}H} & \mathbf{V}_{y_{Sp}y_{Ep}} & \mathbf{V}_{y_{Sp}y_{Sp}} & \mathbf{V}_{y_{Sp}y_{Eo}} & \mathbf{V}_{y_{Sp}y_{So}} \\ \mathbf{V}_{y_{Eo}H} & \mathbf{V}_{y_{Eo}y_{Ep}} & \mathbf{V}_{y_{Eo}y_{Sp}} & \mathbf{V}_{y_{Eo}y_{Eo}} & \mathbf{V}_{y_{Eo}y_{So}} \\ \mathbf{V}_{y_{So}H} & \mathbf{V}_{y_{So}y_{Ep}} & \mathbf{V}_{y_{So}y_{Sp}} & \mathbf{V}_{y_{So}y_{Eo}} & \mathbf{V}_{y_{So}y_{So}} \end{bmatrix}.$$

Der BLUP-Schätzwert für H auf der ersten Stufe ist

$$\begin{aligned} I_1 &= E(H | y_{Ep}, y_{Sp}) = \mathbf{V}_{Hy_1} \mathbf{V}_{y_1y_1}^{-1} \mathbf{Q}_1 \begin{bmatrix} y_{Ep} \\ y_{Sp} \end{bmatrix} \\ &= [\mathbf{V}_{Hy_{Ep}} : \mathbf{V}_{Hy_{Sp}}] \mathbf{V}_{y_{Ep}y_{Ep}y_{Sp}y_{Sp}}^{-1} \mathbf{Q}_1 \begin{bmatrix} y_{Ep} \\ y_{Sp} \end{bmatrix} \end{aligned}$$

mit

$$\mathbf{Q}_1 = \mathbf{I} - \mathbf{X}_1 (\mathbf{X}_1' \mathbf{V}_{y_1y_1}^{-1} \mathbf{X}_1)^{-1} \mathbf{X}_1' \mathbf{V}_{y_1y_1}^{-1} \quad \text{und} \quad \mathbf{X}_1 = \begin{bmatrix} \mathbf{x}_{Ep} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{x}_{Sp} \end{bmatrix}$$

Der Schätzwert auf der zweiten Stufe berechnet sich aus

$$\begin{aligned} I_2 &= E(H | y_{Ep}, y_{Sp}, y_{Eo}) = \mathbf{V}_{Hy_2} \mathbf{V}_{y_2y_2}^{-1} \mathbf{Q}_2 \begin{bmatrix} y_{Ep} \\ y_{Sp} \\ y_{Eo} \end{bmatrix} \\ &= [\mathbf{V}_{Hy_{Ep}} : \mathbf{V}_{Hy_{Sp}} : \mathbf{V}_{Hy_{Eo}}] \mathbf{V}_{y_{Ep}y_{Ep}y_{Sp}y_{Sp}y_{Eo}y_{Eo}}^{-1} \mathbf{Q}_2 \begin{bmatrix} y_{Ep} \\ y_{Sp} \\ y_{Eo} \end{bmatrix} \end{aligned}$$

mit

$$\mathbf{Q}_2 = \mathbf{I} - \mathbf{X}_2 (\mathbf{X}_2' \mathbf{V}_{y_2y_2}^{-1} \mathbf{X}_2)^{-1} \mathbf{X}_2' \mathbf{V}_{y_2y_2}^{-1} \quad \text{und} \quad \mathbf{X}_2 = \begin{bmatrix} \mathbf{x}_{Ep} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{x}_{Sp} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{x}_{Eo} \end{bmatrix}.$$

Auf der Stufe 3 erhält man schließlich

$$\begin{aligned} I_3 &= E(H | y_{Ep}, y_{Sp}, y_{Eo}, y_{So}) = \mathbf{V}_{Hy_3} \mathbf{V}_{y_3y_3}^{-1} \mathbf{Q}_3 \begin{bmatrix} y_{Ep} \\ y_{Sp} \\ y_{Eo} \\ y_{So} \end{bmatrix} \\ &= [\mathbf{V}_{Hy_{Ep}} : \mathbf{V}_{Hy_{Sp}} : \mathbf{V}_{Hy_{Eo}} : \mathbf{V}_{Hy_{So}}] \mathbf{V}_{y_{Ep}y_{Ep}y_{Sp}y_{Sp}y_{Eo}y_{Eo}y_{So}y_{So}}^{-1} \mathbf{Q}_3 \begin{bmatrix} y_{Ep} \\ y_{Sp} \\ y_{Eo} \\ y_{So} \end{bmatrix} \end{aligned}$$

mit

$$\mathbf{Q}_3 = \mathbf{I} - \mathbf{X}_3(\mathbf{X}_3' \mathbf{V}_{y_3 y_3}^{-1} \mathbf{X}_3)^{-1} \mathbf{X}_3' \mathbf{V}_{y_3 y_3}^{-1} \quad \text{und} \quad \mathbf{X}_3 = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_{Ep} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{X}_{Sp} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{X}_{Eo} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{X}_{So} \end{bmatrix}.$$

Unter Verwendung aller Informationen resultiert für den Kandidaten i der vierdimensionale Vektor

$$\begin{aligned} \begin{bmatrix} H \\ I_1 \\ I_2 \\ I_3 \end{bmatrix}_i &= \begin{bmatrix} 1 & \mathbf{0}' & \mathbf{0}' & \mathbf{0}' & \mathbf{0}' \\ 0 & \mathbf{V}_{Hy_1 i} \mathbf{V}_{y_1 y_1}^{-1} \mathbf{Q}_1 & \mathbf{0}' & \mathbf{0}' & \mathbf{0}' \\ 0 & \mathbf{V}_{Hy_2 i} \mathbf{V}_{y_2 y_2}^{-1} \mathbf{Q}_2 & \mathbf{0}' & \mathbf{0}' & \mathbf{0}' \\ 0 & \mathbf{V}_{Hy_3 i} \mathbf{V}_{y_3 y_3}^{-1} \mathbf{Q}_3 & \mathbf{0}' & \mathbf{0}' & \mathbf{0}' \end{bmatrix} \begin{bmatrix} H_i \\ \mathbf{y}_{Ep} \\ \mathbf{y}_{Sp} \\ \mathbf{y}_{Eo} \\ \mathbf{y}_{So} \end{bmatrix} \\ &= \mathbf{M}'_i \begin{bmatrix} H_i \\ \mathbf{y} \end{bmatrix} \end{aligned}$$

Für diesen Vektor gilt

$$E \begin{bmatrix} H \\ I_1 \\ I_2 \\ I_3 \end{bmatrix}_i = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$

und

$$\mathbf{V} = Var \begin{bmatrix} H \\ I_1 \\ I_2 \\ I_3 \end{bmatrix}_i = \mathbf{M}'_i Var \begin{bmatrix} H_i \\ \mathbf{y}_{Ep} \\ \mathbf{y}_{Sp} \\ \mathbf{y}_{Eo} \\ \mathbf{y}_{So} \end{bmatrix} \mathbf{M}_i = \begin{bmatrix} V_{HH} & V_{HI_1} & V_{HI_2} & V_{HI_3} \\ V_{I_1 H} & V_{I_1 I_1} & V_{I_1 I_2} & V_{I_1 I_3} \\ V_{I_2 H} & V_{I_2 I_1} & V_{I_2 I_2} & V_{I_2 I_3} \\ V_{I_3 H} & V_{I_3 I_1} & V_{I_3 I_2} & V_{I_3 I_3} \end{bmatrix} = \left[\begin{array}{c|c} V_{HH} & \mathbf{V}_{HI} \\ \hline \mathbf{V}_{IH} & \mathbf{V}_{II} \end{array} \right].$$

Die typischen Werte von $\mathbf{V}_{HI}$ und $\mathbf{V}_{II}$ werden für männliche und weibliche Kandidaten aus den Mixed-Model Gleichungen hergeleitet. Ist die gemeinsame Verteilung $f(H, \mathbf{I}) = f(H, I_1, I_2, I_3)$ gegeben, dann berechnet sich die Überlegenheit der selektierten Tiere im Zuchtziel H bei Abschnittsselektion aus

$$\begin{aligned} E(H|I_1, I_2, I_3, k_1, k_2, k_3) &= \frac{1}{\alpha} \int_{-\infty}^{\infty} \int_{k_1}^{\infty} \int_{k_2}^{\infty} \int_{k_3}^{\infty} H f(H, \mathbf{I}) dH d\mathbf{I} \\ &= \frac{1}{\alpha} \int_{k_1}^{\infty} \int_{k_2}^{\infty} \int_{k_3}^{\infty} E(H|\mathbf{I}) f(\mathbf{I}) d\mathbf{I} \\ &= \frac{1}{\alpha} \int_{k_1}^{\infty} \int_{k_2}^{\infty} \int_{k_3}^{\infty} \mathbf{V}_{HI} \mathbf{V}_{II}^{-1} \mathbf{I} f(\mathbf{I}) d\mathbf{I}, \end{aligned} \quad (6.1)$$

mit

$$\alpha = \int_{k_1}^{\infty} \int_{k_2}^{\infty} \int_{k_3}^{\infty} f(\mathbf{I}) d\mathbf{I},$$

wobei k_1 , k_2 und k_3 die Selektionsgrenzen auf den Stufen 1-3 sind. Dieser Erwartungswert entspricht dem Durchschnitt der Gesamtzuchtwerte der selektierten Tiere in der 3. Stufe. Für die oben dargestellte Ableitung von $\mathbf{V}_{HI}$ und $\mathbf{V}_{II}$ müsste man auf jeder Selektionsstufe eine Zuchtwertschätzung durchführen. Die Dimension des Gleichungssystems würde dabei von der ersten bis zur dritten Stufe stark zunehmen. Zur Reduzierung von Rechenkapazität und Rechenzeit werden die Elemente von $\mathbf{V}_{HI}$ und $\mathbf{V}_{II}$ mit der nachfolgenden BLUP-Methodik hergeleitet, wobei gezeigt werden konnte, dass diese zu sehr ähnlichen Ergebnissen führt, wie die Selektionsindexmethode.

Die Mixed-Model Gleichungen werden hier allgemein mit

$$\{\mathbf{W}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{W} + \mathbf{G}^{-1}\}\hat{\mathbf{t}} = \mathbf{W}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y}$$

beschrieben, wobei $\mathbf{W}$ eine Inzidenzmatrix der fixen und zufälligen Effekte, $\mathbf{R}^{-1}$ die inverse Varianz-Kovarianzmatrix der Resteffekte und $\mathbf{G}^{-1}$ die inverse Kovarianzmatrix der zufälligen Effekte bezeichnet. $\mathbf{y}$ ist der Beobachtungsvektor und $\hat{\mathbf{t}}$ stellt den Lösungsvektor für die fixen und zufälligen Effekte dar. Bezeichnet man die Inverse der Koeffizientenmatrix der linken Seite des Gleichungssystems mit $\mathbf{T}$, dann errechnet sich der Lösungsvektor aus

$$\hat{\mathbf{t}} = \mathbf{T}\mathbf{W}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y}.$$

Ausgangspunkt sind nun zwei getrennte Zuchtwertschätzmodelle für die Eigenleistung im Feld sowie die Reinzucht- und Kreuzungsleistungen auf Station. In das erste Modell fließt ausschließlich die Eigenleistung (E) von männlichen und weiblichen Tieren ein, während mit dem zweiten nur die Leistungen von Prüftieren auf Station (S) ausgewertet werden. In beiden Modellen wird keine Pedigreeinformation berücksichtigt, da sich nur so die verschiedenen Informationsbeiträge von Eltern, Halb- und Vollgeschwistern, Kandidaten und Nachkommen korrekt verknüpfen lassen. Die geschätzten Kreuzungszuchtwerte $\hat{\mathbf{A}}_K$ errechnen sich im Modell für Eigenleistung aus

$$\hat{\mathbf{A}}_{KE} = \mathbf{T}_{AE-}\mathbf{W}'_E\mathbf{R}_E^{-1}\mathbf{y}_E \quad (6.2)$$

und im Modell für Stationsleistung aus

$$\hat{\mathbf{A}}_{KS} = \mathbf{T}_{AS-}\mathbf{W}'_S\mathbf{R}_S^{-1}\mathbf{y}_S, \quad (6.3)$$

wobei $\mathbf{T}_{AE-}$ und $\mathbf{T}_{AS-}$ die additiv-genetischen Zeilen der jeweiligen inversen Koeffizientenmatrix angeben.

Für die Kombination der Informationen werden die (Ko-)Varianzen der geschätzten Zuchtwerte aus den beiden Modellen benötigt. Diese werden aus den additiv-genetischen Elementen der inversen Koeffizientenmatrix der Mixed-Model-Gleichungen $\mathbf{T}_{AA}$ gewonnen. Zur weiteren Reduzierung von Rechenkapazität erfolgt die Verknüpfung nicht über die Einzelzuchtwerte (Gl. 6.2 und 6.3), was einer exakten Lösung entsprechen würde, sondern über die zum Gesamtzucht-

wert aggregierten Zuchtwerte für Kreuzungsleistung. Letztere werden mit $\mathbf{I}_E$ bzw. $\mathbf{I}_S$ bezeichnet. Die Korrelation zwischen der exakten und der approximierten Lösung ist mit Werten über .99 ausreichend hoch. Das Modell für die Eigenleistung im Feld enthält allerdings keine Kreuzungsmerkmale zur Schätzung des Gesamtzuchtwertes, weshalb noch weitere Rechenschritte notwendig sind. Die Regressionsgleichung zur Schätzung der Kreuzungszuchtwerte $\mathbf{A}_K$ lautet

$$\hat{\mathbf{A}}_K = E(\mathbf{A}_K | \hat{\mathbf{A}}_E) = \mu_{A_K} + \mathbf{V}_{A_K \hat{A}_E} \mathbf{V}_{\hat{A}_E \hat{A}_E}^{-1} \hat{\mathbf{A}}_E,$$

wobei $\hat{\mathbf{A}}_E$ die geschätzten Zuchtwerte für Eigenleistung im Feld enthält. Die Varianz-Kovarianzmatrix der geschätzten Kreuzungszuchtwerte berechnet sich dann aus

$$\mathbf{V}_{\hat{A}_K \hat{A}_K} = \mathbf{V}_{A_K \hat{A}_E} \mathbf{V}_{\hat{A}_E \hat{A}_E}^{-1} \mathbf{V}_{\hat{A}_E \hat{A}_E} \mathbf{V}_{\hat{A}_E \hat{A}_E}^{-1} \mathbf{V}_{\hat{A}_E A_K} = \mathbf{V}_{A_K \hat{A}_E} \mathbf{V}_{\hat{A}_E \hat{A}_E}^{-1} \mathbf{V}_{\hat{A}_E A_K},$$

mit

$$\mathbf{V}_{\hat{A}_E \hat{A}_E} = \mathbf{G}_{A_E A_E} - \mathbf{T}_{A_E A_E}$$

und

$$\mathbf{V}_{A_K \hat{A}_E} = \mathbf{G}_{A_K A_E} \mathbf{G}_{A_E A_E}^{-1} (\mathbf{G}_{A_E A_E} - \mathbf{T}_{A_E A_E}),$$

wobei $\mathbf{G}_{A_E A_E}$ die additiv-genetische Varianz-Kovarianzmatrix der Eigenleistungsmerkmale und $\mathbf{G}_{A_K A_E}$ die Kovarianzmatrix zwischen den Kreuzungs- und Eigenleistungsmerkmalen bezeichnet. Dieselbe Lösung für $\hat{\mathbf{A}}_K$ würde man erhalten, wenn die Kreuzungsleistungen als korrelierte Merkmale ins Modell aufgenommen würden. Dies wird hier jedoch vermieden, um eine kanonische Transformation zur Vereinfachung einer multivariaten Zuchtwertschätzung zu ermöglichen (s. Anhang A). Nachfolgend werden die Formeln zur Berechnung der Kovarianzen zwischen den Selektionskriterien und dem Gesamtzuchtwert der Matrix $\mathbf{V}$ (s. S. 68) hergeleitet. Zum besseren Verständnis werden die verwendeten Indices, Vektoren und Matrizen in Tabelle 6.7 erklärt. Für eine einfachere Darstellung der Vorgehensweise wird unterstellt, dass die Kreuzungszuchtwerte im Modell für Eigenleistung, wie in Gleichung 6.2, direkt geschätzt werden.

Auf der ersten Selektionsstufe stehen die aggregierten Kreuzungszuchtwerte aus der Eigenleistungsprüfung der Eltern im Feld ($\mathbf{I}_{E_p}$) sowie aus der Halb- und Vollgeschwisterprüfung auf Station ($\mathbf{I}_{S_p}$) zur Verfügung. Beide Informationsquellen werden nun über die Regression

$$\mathbf{I}_1 = E(\mathbf{H} | \mathbf{I}_{E_p} \mathbf{I}_{S_p}) = \mu_H + \mathbf{V}_{H I_{E_p} I_{S_p}} \mathbf{V}_{I_{E_p} I_{E_p} I_{S_p} I_{S_p}}^{-1} \begin{bmatrix} \mathbf{I}_{E_p} \\ \mathbf{I}_{S_p} \end{bmatrix}$$

zum eigentlichen Selektionskriterium der ersten Stufe $\mathbf{I}_1$ kombiniert. Dazu wird die Kovarianzmatrix zwischen dem wahren Gesamtzuchtwert und den Indexvariablen $\mathbf{V}_{H I_{E_p} I_{S_p}}$ sowie die Varianz-Kovarianz-Matrix der Indexvariablen $\mathbf{V}_{I_{E_p} I_{E_p} I_{S_p} I_{S_p}}$ verwendet, mit

$$\mathbf{V}_{H I_{E_p} I_{S_p}} = [\mathbf{V}_{H I_{E_p}} : \mathbf{V}_{H I_{S_p}}] \quad \text{und} \quad \mathbf{V}_{I_{E_p} I_{E_p} I_{S_p} I_{S_p}} = \begin{bmatrix} \mathbf{V}_{I_{E_p} I_{E_p}} & \mathbf{V}_{I_{E_p} I_{S_p}} \\ \mathbf{V}_{I_{S_p} I_{E_p}} & \mathbf{V}_{I_{S_p} I_{S_p}} \end{bmatrix}.$$

Tabelle 6.7: Definitionen von Indices, Vektoren und Matrizen

Indices	
E	symbolisiert für Eigenleistungen
S	symbolisiert für Stationsleistungen
o	Informationen des Kandidaten oder seiner Nachkommen
p	Informationen der Eltern oder von Halb- und Vollgeschwistern
Vektoren und Matrizen	
$\mathbf{y}$	Beobachtungsvektor
$\mathbf{A}_o$	Kreuzungszuchtwerte der Kandidaten
$\mathbf{A}_p$	Kreuzungszuchtwerte der Eltern
$\mathbf{A}_s$	Kreuzungszuchtwerte der Väter
$\mathbf{A}_d$	Kreuzungszuchtwerte der Mütter
$\mathbf{a}$	Matrix, die für jeden Kandidat den Vektor der ökonomischen Gewichte $\mathbf{a}$ enthält
$\mathbf{G}$	Kovarianzmatrix der wahren Zuchtwerte für Kreuzungsleistung
$\mathbf{Z}, \mathbf{W}$	0/1-Designmatrizen
$\mathbf{T}_{A-}$	Zeilen der additiv-genetischen Effekte der inversen Koeffizientenmatrix
$\mathbf{T}_{AA}$	Elemente der additiv-genetischen Effekte der inversen Koeffizientenmatrix
$\mathbf{R}^{-1}$	Inverse Kovarianzmatrix der Resteffekte
$\mathbf{K}'$	0/1-Matrix zur (vollständigen) Verknüpfung der Elternzuchtwerte mit den Zuchtwerten der Kandidaten
$\mathbf{K}'_a$	Koeffizientenmatrix zur Verknüpfung der Elternzuchtwerte mit den Zuchtwerten der Kandidaten auf der ersten Stufe

Es gilt stets $E([\mathbf{I}'_E \mathbf{I}'_S]) = \mathbf{0}'$. Außerdem wird die Umformung

$$\{\mathbf{W}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{W}\}\mathbf{T} = \mathbf{I} - \mathbf{G}^{-1}\mathbf{T}_{AA} = \mathbf{G}^{-1}(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA})$$

benutzt. Dann ist

$$\begin{aligned}
\mathbf{V}_{HI_{Ep}I_{Sp}} &= Cov(\mathbf{a}'\mathbf{A}_o, [\mathbf{I}'_{Ep} \mathbf{I}'_{Sp}]) \\
&= \mathbf{a}'Cov(\mathbf{A}_o, [\hat{\mathbf{A}}'_{Ep} \mathbf{a} : \hat{\mathbf{A}}'_{Sp} \mathbf{a}]) \\
&= \mathbf{a}'Cov(\mathbf{A}_o, [\mathbf{y}'_{Ep} : \mathbf{y}'_{Sp}])[\mathbf{R}_{Ep}^{-1}\mathbf{W}_{Ep}\mathbf{T}_{-A_{Ep}}\mathbf{a} \oplus \mathbf{R}_{Sp}^{-1}\mathbf{W}_{Sp}\mathbf{T}_{-A_{Sp}}\mathbf{a}] \\
&= \mathbf{a}'Cov(\mathbf{A}_o, [\mathbf{A}'_p : \mathbf{A}'_p])[\mathbf{Z}'_{Ep}\mathbf{R}_{Ep}^{-1}\mathbf{W}_{Ep}\mathbf{T}_{-A_{Ep}}\mathbf{a} \oplus \mathbf{Z}'_{Sp}\mathbf{R}_{Sp}^{-1}\mathbf{W}_{Sp}\mathbf{T}_{-A_{Sp}}\mathbf{a}] \\
&= \mathbf{a}'Cov(\mathbf{A}_o, [\mathbf{A}'_s \mathbf{A}'_d : \mathbf{A}'_s \mathbf{A}'_d]) \cdot \dots \\
&= \mathbf{a}'[Cov(\frac{1}{2}\mathbf{K}' \begin{bmatrix} \mathbf{A}'_s \\ \mathbf{A}'_d \end{bmatrix}, [\mathbf{A}'_s \mathbf{A}'_d]) : Cov(\frac{1}{2}\mathbf{K}'_a \begin{bmatrix} \mathbf{A}'_s \\ \mathbf{A}'_d \end{bmatrix}, [\mathbf{A}'_s \mathbf{A}'_d])] \cdot \dots \\
&= \mathbf{a}'[\frac{1}{2}\mathbf{K}'\mathbf{G} : \frac{1}{2}\mathbf{K}'_a\mathbf{G}][\mathbf{G}^{-1}(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_E})\mathbf{a} \oplus \mathbf{G}^{-1}(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_S})\mathbf{a}] \\
&= \frac{1}{2}\mathbf{a}'[\mathbf{K}'(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_E}) : \mathbf{K}'_a(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_S})]\mathbf{a}.
\end{aligned}$$

Die 0/1-Matrix $\mathbf{K}'$ verknüpft die Elternzuchtwerte mit den Zuchtwerten ihrer Nachkommen und enthält daher in jeder Zeile zwei Elemente mit dem Wert 1. Dabei wird darauf geachtet, dass jeder Kandidat von verschiedenen Eltern abstammt. Die Matrizen $\mathbf{K}'$ und $\mathbf{K}'_a$ werden deshalb unterschieden, weil nicht alle Nachkommen auf der ersten Stufe über Halb- und Vollgeschwisterinformationen verfügen. Dies sind solche Zuchtnachkommen, die aus dem ersten Wurf einer Sau stammen oder deren Väter nicht nachkommegeprüft sind. Die Koeffizienten in $\mathbf{K}'_a$ richten sich nach dem Anteil der Jungsaueu bzw. dem Anteil der Prüfeber in der Population. Desweiteren gilt:

$$\begin{aligned}\mathbf{V}_{I_{Ep}I_{Ep}} &= \mathbf{a}'(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AAE})\mathbf{a} \\ \mathbf{V}_{I_{Sp}I_{Sp}} &= \mathbf{a}'(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AAS})\mathbf{a} \\ \mathbf{V}_{I_{Ep}I_{Sp}} &= \text{Cov}(\mathbf{I}_{Ep}, \mathbf{I}'_{Sp}) = \mathbf{a}'(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AAE})\mathbf{G}^{-1}\text{Cov}(\mathbf{A}_p, \mathbf{A}'_p)\mathbf{G}^{-1}(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AAS})\mathbf{a} \\ &= \mathbf{a}'(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AAE})\mathbf{G}^{-1}(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AAS})\mathbf{a}\end{aligned}$$

Die Kovarianzmatrix zwischen dem Gesamtzuchtwert und dem Selektionskriterium der ersten Stufe ist

$$\text{Cov}(\mathbf{H}, \mathbf{I}_1) = \mathbf{V}_{HI_{Ep}I_{Sp}}\mathbf{V}_{I_{Ep}I_{Ep}I_{Sp}I_{Sp}}^{-1}\mathbf{V}_{I_{Sp}I_{Ep}H}$$

und die Varianzmatrix des Selektionskriteriums $\mathbf{I}_1$ lautet schließlich

$$\text{Var}(\mathbf{I}_1) = \mathbf{V}_{HI_{Ep}I_{Sp}}\mathbf{V}_{I_{Ep}I_{Ep}I_{Sp}I_{Sp}}^{-1}\mathbf{V}_{I_{Sp}I_{Ep}H}.$$

Zur Ableitung von typischen Elementen von $\mathbf{V}$ wird der Durchschnitt aus den Diagonalelementen von männlichen bzw. weiblichen Kandidaten berechnet. Aus $\text{Cov}(\mathbf{H}, \mathbf{I}_1)$ ergibt sich somit $\mathbf{V}_{12} = V_{HI_1}$ und aus $\text{Var}(\mathbf{I}_1)$ resultiert $\mathbf{V}_{22} = V_{I_1I_1}$.

Auf der zweiten Selektionsstufe werden die Eigenleistungen der Kandidatentiere erhoben, so dass man aus der Zuchtwertschätzung für Eigenleistung den Vektor $\mathbf{I}_{Eo}$ erhält, der zusätzlich zu kombinieren ist. Es gilt

$$\mathbf{I}_2 = \text{E}(\mathbf{H} | \mathbf{I}_{Ep} \mathbf{I}_{Sp} \mathbf{I}_{Eo}) = \mu_H + \mathbf{V}_{HI_{Ep}I_{Sp}I_{Eo}}\mathbf{V}_{I_{Ep}I_{Ep}I_{Sp}I_{Sp}I_{Eo}I_{Eo}}^{-1}\begin{bmatrix} \mathbf{I}_{Ep} \\ \mathbf{I}_{Sp} \\ \mathbf{I}_{Eo} \end{bmatrix}$$

mit

$$\begin{aligned}\mathbf{V}_{HI_{Ep}I_{Sp}I_{Eo}} &= [\mathbf{V}_{HI_{Ep}} : \mathbf{V}_{HI_{Sp}} : \mathbf{V}_{HI_{Eo}}] \\ \mathbf{V}_{I_{Ep}I_{Ep}I_{Sp}I_{Sp}I_{Eo}I_{Eo}} &= \begin{bmatrix} \mathbf{V}_{I_{Ep}I_{Ep}} & \mathbf{V}_{I_{Ep}I_{Sp}} & \mathbf{V}_{I_{Ep}I_{Eo}} \\ \mathbf{V}_{I_{Sp}I_{Ep}} & \mathbf{V}_{I_{Sp}I_{Sp}} & \mathbf{V}_{I_{Sp}I_{Eo}} \\ \mathbf{V}_{I_{Eo}I_{Ep}} & \mathbf{V}_{I_{Eo}I_{Sp}} & \mathbf{V}_{I_{Eo}I_{Eo}} \end{bmatrix},\end{aligned}$$

wobei

$$\begin{aligned}\mathbf{V}_{I_{Eo}I_{Eo}} &= \mathbf{V}_{I_{Ep}I_{Ep}} \\ \mathbf{V}_{I_{Sp}I_{Eo}} &= \text{Cov}(\mathbf{I}_{Sp}, \mathbf{I}'_{Eo}) = \mathbf{a}'(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AAS})\mathbf{G}^{-1}\text{Cov}(\mathbf{A}_p, \mathbf{A}'_o)\mathbf{G}^{-1}(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AAE})\mathbf{a} \\ &= \mathbf{a}'(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AAS})\mathbf{G}^{-1}\mathbf{G}\frac{1}{2}\mathbf{K}\mathbf{G}^{-1}(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AAE})\mathbf{a}\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
&= \frac{1}{2} \mathbf{a}'(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_S}) \mathbf{K} \mathbf{G}^{-1} (\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_E}) \mathbf{a} \\
\mathbf{V}_{I_{E_p} I_{E_o}} &= Cov(\mathbf{I}_{E_p}, \mathbf{I}'_{E_o}) = \mathbf{a}'(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_E}) \mathbf{G}^{-1} Cov(\mathbf{A}_p, \mathbf{A}'_o) \mathbf{G}^{-1} (\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_E}) \mathbf{a} \\
&= \frac{1}{2} \mathbf{a}'(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_E}) \mathbf{K} \mathbf{G}^{-1} (\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_E}) \mathbf{a} \\
\mathbf{V}_{H I_{E_o}} &= Cov(\mathbf{H}, \mathbf{I}'_{E_o}) = \mathbf{a}' Cov(\mathbf{A}_o, \mathbf{A}'_o) \mathbf{G}^{-1} (\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_E}) \mathbf{a} \\
&= \mathbf{a}' \mathbf{G} \mathbf{G}^{-1} (\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_E}) \mathbf{a} \\
&= \mathbf{V}_{I_{E_o} I_{E_o}}.
\end{aligned}$$

Damit ist

$$Cov(\mathbf{H}, \mathbf{I}_2) = \mathbf{V}_{H I_{E_p} I_{S_p} I_{E_o}} \mathbf{V}_{I_{E_p} I_{E_p} I_{S_p} I_{S_p} I_{E_o} I_{E_o}}^- \mathbf{V}_{H I_{E_o} I_{S_p} I_{E_p} H}$$

und

$$Var(\mathbf{I}_2) = \mathbf{V}_{H I_{E_p} I_{S_p} I_{E_o}} \mathbf{V}_{I_{E_p} I_{E_p} I_{S_p} I_{S_p} I_{E_o} I_{E_o}}^- \mathbf{V}_{H I_{E_o} I_{S_p} I_{E_p} H},$$

woraus sich $\mathbf{V}_{13} = V_{HI_2}$ und $\mathbf{V}_{33} = V_{I_2 I_2}$ ableiten.

Auf der dritten Selektionsstufe kommen schließlich noch die Informationen aus der Nachkommenschaftsprüfung der Kandidaten über $\mathbf{I}_{S_o}$ hinzu:

$$\mathbf{I}_3 = E(\mathbf{H} | \mathbf{I}_{E_p} \mathbf{I}_{S_p} \mathbf{I}_{E_o} \mathbf{I}_{S_o}) = \mu_H + \mathbf{V}_{H I_{E_p} I_{S_p} I_{E_o} I_{S_o}} \mathbf{V}_{I_{E_p} I_{E_p} I_{S_p} I_{S_p} I_{E_o} I_{E_o} I_{S_o} I_{S_o}}^- \begin{bmatrix} \mathbf{I}_{E_p} \\ \mathbf{I}_{S_p} \\ \mathbf{I}_{E_o} \\ \mathbf{I}_{S_o} \end{bmatrix}$$

mit

$$\begin{aligned}
\mathbf{V}_{H I_{E_p} I_{S_p} I_{E_o}} &= [\mathbf{V}_{H I_{E_p}} : \mathbf{V}_{H I_{S_p}} : \mathbf{V}_{H I_{E_o}} : \mathbf{V}_{H I_{S_o}}] \\
\mathbf{V}_{I_{E_p} I_{E_p} I_{S_p} I_{S_p} I_{E_o} I_{E_o} I_{S_o} I_{S_o}} &= \begin{bmatrix} \mathbf{V}_{I_{E_p} I_{E_p}} & \mathbf{V}_{I_{E_p} I_{S_p}} & \mathbf{V}_{I_{E_p} I_{E_o}} & \mathbf{V}_{I_{E_p} I_{S_o}} \\ \mathbf{V}_{I_{S_p} I_{E_p}} & \mathbf{V}_{I_{S_p} I_{S_p}} & \mathbf{V}_{I_{S_p} I_{E_o}} & \mathbf{V}_{I_{S_p} I_{S_o}} \\ \mathbf{V}_{I_{E_o} I_{E_p}} & \mathbf{V}_{I_{E_o} I_{S_p}} & \mathbf{V}_{I_{E_o} I_{E_o}} & \mathbf{V}_{I_{E_o} I_{S_o}} \\ \mathbf{V}_{I_{S_o} I_{E_p}} & \mathbf{V}_{I_{S_o} I_{S_p}} & \mathbf{V}_{I_{S_o} I_{E_o}} & \mathbf{V}_{I_{S_o} I_{S_o}} \end{bmatrix}
\end{aligned}$$

wobei

$$\begin{aligned}
\mathbf{V}_{H I_{S_o}} &= \mathbf{V}_{I_{S_o} I_{S_o}} \\
\mathbf{V}_{I_{E_p} I_{S_o}} &= Cov(\mathbf{I}_{E_p}, \mathbf{I}'_{S_o}) = \mathbf{a}'(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_E}) \mathbf{G}^{-1} Cov(\mathbf{A}_p, \mathbf{A}'_o) \mathbf{G}^{-1} (\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_S}) \mathbf{a} \\
&= \mathbf{a}'(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_E}) \mathbf{G}^{-1} \mathbf{G} \frac{1}{2} \mathbf{K} \mathbf{G}^{-1} (\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_S}) \mathbf{a} \\
&= \frac{1}{2} \mathbf{a}'(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_E}) \mathbf{K} \mathbf{G}^{-1} (\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_S}) \mathbf{a} \\
\mathbf{V}_{I_{E_o} I_{S_o}} &= Cov(\mathbf{I}_{E_o}, \mathbf{I}'_{S_o}) = \mathbf{a}'(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_E}) \mathbf{G}^{-1} Cov(\mathbf{A}_o, \mathbf{A}'_o) \mathbf{G}^{-1} (\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_S}) \mathbf{a} \\
&= \mathbf{a}'(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_E}) \mathbf{G}^{-1} (\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_S}) \mathbf{a} \\
&= \mathbf{V}_{I_{E_p} I_{S_p}}
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
\mathbf{V}_{I_{Sp}I_{So}} &= Cov(\mathbf{I}_{Sp}, \mathbf{I}'_{So}) = \mathbf{a}'(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_S})\mathbf{G}^{-1}Cov(\mathbf{A}_p, \mathbf{A}'_o)\mathbf{G}^{-1}(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_S})\mathbf{a} \\
&= \frac{1}{2}\mathbf{a}'(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_S})\mathbf{K}\mathbf{G}^{-1}(\mathbf{G} - \mathbf{T}_{AA_S})\mathbf{a}.
\end{aligned}$$

Wie für $\mathbf{I}_1$ und $\mathbf{I}_2$ können die Matrizen $Cov(\mathbf{H}, \mathbf{I}_3)$ und $Var(\mathbf{I}_3)$ aufgestellt werden, aus denen sich die Elemente $\mathbf{V}_{14} = V_{HI_3}$ bzw. $\mathbf{V}_{44} = V_{I_3I_3}$ ergeben.

Schließlich werden noch die Kovarianzen zwischen den Selektionskriterien benötigt mit

$$\begin{aligned}
Cov(\mathbf{I}_1, \mathbf{I}_2) &= \mathbf{V}_{HI_{Ep}I_{Sp}}\mathbf{V}_{I_{Ep}I_{Sp}I_{So}}^{-}Cov\left(\begin{bmatrix} \mathbf{I}_{Ep} \\ \mathbf{I}_{Sp} \end{bmatrix}, [\mathbf{I}'_{Ep} \mathbf{I}'_{Sp} \mathbf{I}'_{So}]\right) \\
&\quad \mathbf{V}_{I_{So}I_{So}I_{Ep}I_{Sp}I_{Ep}I_{Ep}}^{-}\mathbf{V}_{I_{So}I_{Sp}I_{Ep}H} \\
&= \dots \cdot \begin{bmatrix} \mathbf{V}_{I_{Ep}I_{Ep}} & \mathbf{V}_{I_{Ep}I_{Sp}} & \mathbf{V}_{I_{Ep}I_{So}} \\ \mathbf{V}_{I_{Sp}I_{Ep}} & \mathbf{V}_{I_{Sp}I_{Sp}} & \mathbf{V}_{I_{Sp}I_{So}}^* \end{bmatrix} \cdot \dots \\
Cov(\mathbf{I}_1, \mathbf{I}_3) &= \mathbf{V}_{HI_{Ep}I_{Sp}}\mathbf{V}_{I_{Ep}I_{Sp}I_{So}}^{-}Cov\left(\begin{bmatrix} \mathbf{I}_{Ep} \\ \mathbf{I}_{Sp} \end{bmatrix}, [\mathbf{I}'_{Ep} \mathbf{I}'_{Sp} \mathbf{I}'_{So} \mathbf{I}'_{So}]\right) \\
&\quad \mathbf{V}_{I_{So}I_{So}I_{Ep}I_{Sp}I_{Ep}I_{Ep}}^{-}\mathbf{V}_{I_{So}I_{So}I_{Sp}I_{Ep}H} \\
&= \dots \cdot \begin{bmatrix} \mathbf{V}_{I_{Ep}I_{Ep}} & \mathbf{V}_{I_{Ep}I_{Sp}} & \mathbf{V}_{I_{Ep}I_{So}} & \mathbf{V}_{I_{Ep}I_{So}} \\ \mathbf{V}_{I_{Sp}I_{Ep}} & \mathbf{V}_{I_{Sp}I_{Sp}} & \mathbf{V}_{I_{Sp}I_{So}}^* & \mathbf{V}_{I_{Sp}I_{So}}^* \end{bmatrix} \cdot \dots
\end{aligned}$$

Man beachte, dass die Kovarianzen $\mathbf{V}_{I_{Sp}I_{So}}^*$ und $\mathbf{V}_{I_{Sp}I_{So}}^*$ mit der Matrix $\mathbf{K}_a'$ berechnet werden.

$$\begin{aligned}
Cov(\mathbf{I}_2, \mathbf{I}_3) &= \mathbf{V}_{HI_{Ep}I_{Sp}I_{So}}\mathbf{V}_{I_{Ep}I_{Ep}I_{Sp}I_{So}I_{So}}^{-}Cov\left(\begin{bmatrix} \mathbf{I}_{Ep} \\ \mathbf{I}_{Sp} \\ \mathbf{I}_{So} \end{bmatrix}, [\mathbf{I}'_{Ep} \mathbf{I}'_{Sp} \mathbf{I}'_{So} \mathbf{I}'_{So}]\right) \\
&\quad \mathbf{V}_{I_{So}I_{So}I_{Ep}I_{Sp}I_{Ep}I_{Ep}}^{-}\mathbf{V}_{I_{So}I_{So}I_{Sp}I_{Ep}H} \\
&= \dots \cdot \begin{bmatrix} \mathbf{V}_{I_{Ep}I_{Ep}} & \mathbf{V}_{I_{Ep}I_{Sp}} & \mathbf{V}_{I_{Ep}I_{So}} & \mathbf{V}_{I_{Ep}I_{So}} \\ \mathbf{V}_{I_{Sp}I_{Ep}} & \mathbf{V}_{I_{Sp}I_{Sp}} & \mathbf{V}_{I_{Sp}I_{So}} & \mathbf{V}_{I_{Sp}I_{So}} \\ \mathbf{V}_{I_{So}I_{Ep}} & \mathbf{V}_{I_{So}I_{Sp}} & \mathbf{V}_{I_{So}I_{So}} & \mathbf{V}_{I_{So}I_{So}} \end{bmatrix} \cdot \dots
\end{aligned}$$

Somit resultiert aus $Cov(\mathbf{I}_1, \mathbf{I}_2)$ das Element $\mathbf{V}_{23} = V_{I_1I_2}$, aus $Cov(\mathbf{I}_1, \mathbf{I}_3)$ ergibt sich $\mathbf{V}_{24} = V_{I_1I_3}$ und aus $Cov(\mathbf{I}_2, \mathbf{I}_3)$ wird $\mathbf{V}_{34} = V_{I_2I_3}$ abgeleitet. Die Korrelationsmatrix für den vierdimensionalen Vektor wird aus

$$\mathbf{V} = \sqrt{Diag\{\mathbf{V}\}}\mathbf{C}\sqrt{Diag\{\mathbf{V}\}}$$

berechnet und hat schließlich die Form

$$\mathbf{C} = \begin{bmatrix} 1 & \rho_{12} & \rho_{13} & \rho_{14} \\ \rho_{21} & 1 & \rho_{23} & \rho_{24} \\ \rho_{31} & \rho_{32} & 1 & \rho_{34} \\ \rho_{41} & \rho_{42} & \rho_{43} & 1 \end{bmatrix}.$$

Das dreidimensionale Integral in Gleichung 6.1 kann nach einigen nicht trivialen Variablentransformationen, die bei Cochran (1951) sowie Jain und Amble (1962) beschrieben werden,

zu

$$E(H|I_1, I_2, I_3, k_1, k_2, k_3) = \frac{1}{\alpha} [\rho_{12} \ \rho_{13} \ \rho_{14}] \begin{bmatrix} \phi(k_1)\Phi(k_{2-1}, k_{3-1}) \\ \phi(k_2)\Phi(k_{1-2}, k_{3-2}) \\ \phi(k_3)\Phi(k_{1-3}, k_{2-3}) \end{bmatrix} \sigma_H,$$

umgeformt werden. $\phi()$ bezeichnet die Standardnormalverteilung und $\Phi()$ die kumulative Verteilungsfunktion der bivariaten Standardnormalverteilung.

$$\Phi(k_{1-i}, k_{2-i}) = \Phi(k_{1-i}, k_{2-i}; \boldsymbol{\mu} = \mathbf{0}; \mathbf{V}_{I^*|I_i}).$$

Dabei ist

$$\mathbf{V}_{I^*|I_i} = \mathbf{V}_{I^*I^*} - \mathbf{V}_{I^*I_i} \mathbf{V}_{I_iI_i}^{-1} \mathbf{V}_{I_iI^*} \quad \text{und} \quad k_{m-i} = \frac{k_m - \rho_{im}k_i}{\sqrt{1 - \rho_{im}^2}},$$

wobei I^* die Selektionsindices außer I_i beinhaltet.

Zur Lösung der Integrale wurde zunächst die Methode von Dutt und Soms (1976) verwendet, die mehrere mathematische Konzepte vereinigt. Eine Fourier Transformation ermöglicht die Zerlegung der Integrale in lineare Kombinationen von Integralen mit gleicher und kleinerer Dimension. Diese werden dann über eine Gauss-Hermite-Quadratur gelöst. Ducroq und Colleau (1986) haben die Dutt-Methode überprüft und kamen zu der Schlußfolgerung, dass die Methode hinreichend genau ist, wenn die Abschnittspunkte im Intervall $[-3, +3]$ liegen, der kleinste Eigenwert der Korrelationsmatrix größer als 0,2 ist und die Matrix keine sehr hohen Korrelationen enthält. Die hier berechneten Korrelationsmatrizen besitzen allerdings deutlich kleinere Eigenwerte und hohe Korrelationen. Typische Korrelationsmatrizen für männliche (links) und weibliche (rechts) Kandidaten beinhalten beispielsweise die Werte

$$\mathbf{C}_{male} = \begin{bmatrix} 1 & 0,320 & 0,436 & 0,798 \\ 0,320 & 1 & 0,978 & 0,457 \\ 0,436 & 0,978 & 1 & 0,546 \\ 0,798 & 0,457 & 0,546 & 1 \end{bmatrix} \quad \mathbf{C}_{female} = \begin{bmatrix} 1 & 0,313 & 0,427 & 0,488 \\ 0,313 & 1 & 0,977 & 0,839 \\ 0,427 & 0,977 & 1 & 0,875 \\ 0,488 & 0,839 & 0,875 & 1 \end{bmatrix}.$$

Aus den genannten Gründen wurden die Schätzwerte aus der Dutt-Methode mit einer Monte Carlo Simulation überprüft. Über eine Choleskyzerlegung der Korrelationsmatrix und standardnormalverteilten Zufallszahlen (Box-Muller Generator) wurden zunächst vierdimensionale Vektoren generiert. Mit diesen wurde dann eine Abschnittsselektion durchgeführt, in der nur die Vektoren behalten werden, deren Selektionsvariablen über den Abschnittspunkten liegen. Anschließend werden die Gesamtzuchtwerte dieser Vektoren gemittelt. Die Abweichungen von der Dutt-Methode waren dabei umso größer, je schärfer auf der 1. und/oder der 2. Stufe selektiert wurde. Dieses Verfahren wird deshalb durch eine Monte Carlo Simulation ersetzt. Damit entsteht aber der Nachteil, dass die Lösung nun mit einem Stichprobenfehler behaftet ist, der nur über die Anzahl der Wiederholungen vermindert werden kann. Die Anzahl der Wiederholungen wird so gewählt, dass der Standardfehler kleiner als 10^{-3} ist. Der Vorteil dieser Berechnungsstrategie ist aber, dass eine Korrektur auf die endliche Population mit Order Statistiken überflüssig ist und die Abschnittsselektion durch das praxisüblichere Censoring ersetzt werden kann. Zur Berechnung des Zuchtfortschritts werden die Kandidaten somit auf jeder der drei Stufen nach ihrem jeweiligen Selektionskriterium rangiert und anschließend eine definierte Zahl von Tieren selektiert.

Zu berücksichtigen ist weiterhin die **Korrelation zwischen den geschätzten Zuchtwerten der Kandidaten**, die aus den durchschnittlichen Diagonal- und Außerdiagonalelementen der Varianz-Kovarianz-Matrix der geschätzten Gesamtzuchtwerte abgeleitet werden kann. Aus den Diagonalelementen wird die Varianz der geschätzten Zuchtwerte berechnet, während man aus den Außerdiagonalelementen die Kovarianz zwischen den geschätzten Zuchtwerten erhält. Die Korrelation ergibt sich aus

$$\rho_{\hat{H}_k \hat{H}'_k} = \frac{Cov(\hat{H}_k, \hat{H}'_k)}{Var(\hat{H}_k)},$$

wobei $\hat{H}_k$ der geschätzte Gesamtzuchtwert auf der Selektionsstufe k ist. Es ist zu beachten, dass die Verwandtschaft zwischen den Kandidatentieren vorerst nicht berücksichtigt wird, da die vierdimensionalen Zufallsvektoren auch weiterhin *iid* (independently identically distributed) bleiben sollen. Der Selektionserfolg im Pfad ij und auf Selektionsstufe k ist dann

$$\Delta H_{i_k j} = E(\mathbf{H} | \text{Selektion})_{i_k j} (1 - \bar{\rho}_{\hat{H} \hat{H}_{i_k}})^{\frac{1}{2}} \sigma_H = i_{H_{i_k j}} (1 - \bar{\rho}_{\hat{H} \hat{H}_{i_k}})^{\frac{1}{2}} \rho_{H \hat{H}_{i_k}} \sigma_H.$$

Der jährliche Zuchtfortschritt für diese mehrstufige Selektion berechnet sich schließlich aus

$$\frac{\Delta H}{\Delta t} = \frac{\sum_{k=2}^3 (w_{m_k m} \Delta H_{m_k m} + w_{m_k f} \Delta H_{m_k f}) + \sum_{k=2}^3 (w_{f_k m} \Delta H_{f_k m} + w_{f_k f} \Delta H_{f_k f})}{\Delta t_{mm} + \Delta t_{mf} + \Delta t_{fm} + \Delta t_{ff}}.$$

Dabei bezeichnet $w_{i_k j}$ den Anteil der Nachkommen im Pfad ij , die von Eltern auf der Selektionsstufe k abstammen. Die Gewichtungsfaktoren $w_{i_k j}$ berechnen sich aus den Reproduktionsvektoren $\mathbf{r}'_{ij}$, deren Elemente den Genanteil eines Elternjahrganges am Geburtsjahrgang enthalten. $\mathbf{r}'_{ij}$ kann in Abhängigkeit des Zeitpunktes der dritten Selektion in

$$\mathbf{r}'_{ij} = [\mathbf{r}'_{i_2 j} : \mathbf{r}'_{i_3 j}]$$

unterteilt werden. Dabei stellt $\mathbf{r}'_{i_2 j}$ den Beitrag von Eltern bis zur 3. Stufe dar und $\mathbf{r}'_{i_3 j}$ den Beitrag von Eltern, die auf der dritten Stufe selektiert wurden. Die Gewichtungsfaktoren errechnen sich aus

$$w_{i_k j} = \mathbf{r}'_{i_k j} \mathbf{1},$$

wobei $\mathbf{1}$ einen Spaltenvektor mit der entsprechenden Länge bezeichnet. Die Generationsintervalle lassen sich ebenfalls über die Reproduktionsvektoren ableiten mit

$$\Delta t_{ij} = \mathbf{r}'_{ij} \mathbf{z},$$

wobei $\mathbf{z}$ einen Altersvektor der Form $\mathbf{z}' = [.5 \quad 1 \quad 1.5 \quad 2 \quad 2.5 \quad \dots]$ darstellt. Wie diesem Vektor zu entnehmen ist, beträgt die Länge eines Selektionszyklus bzw. der Altersunterschied zwischen den Kohorten 0,5 Jahre. Zur Veranschaulichung der dreistufigen Selektionspraxis dient das Schema in Tabelle 6.8, die Tabelle 6.2 sowie die Abbildung 6.8.

Es werden drei Hauptdesigns modelliert: zwei Nachkommendesigns und ein Halbgeschwisterdesign. Zu unterscheiden sind Jungsauen mit einem Wurf von Zuchtsauen mit zwei und mehr

Tabelle 6.8: Beispiel für die idealisierte Dreistufenselektion von männlichen und weiblichen Zuchttieren. Dabei sind $\mu_{m_i}(t)$ und $\mu_{f_i}(t)$ das genetische Mittel der i -ten männlichen bzw. weiblichen Kohorte zum Zeitpunkt t (Jahr/Geburtsjahr) und ΔH_{ikj} der Zuchtfortschritt im Pfad ij und auf Stufe k

Alter (Jahre)	Anzahl	Stufe	männliche Tiere
0	5400	-	$\mu_{m0}(2005)$
0,25	1700	1	$\mu_{m1}(2005) = \mu_{m0}(2004.5) + \Delta H_{m1}$
0,5	32	2	$\mu_{m1}(2005) = \mu_{m0}(2004.5) + \Delta H_{m2j}$
1,0	32	-	$\mu_{m2}(2005) = \mu_{m0}(2004.0) + \Delta H_{m2j}$
1,5	32	-	$\mu_{m3}(2005) = \mu_{m0}(2003.5) + \Delta H_{m2j}$
2,0	9	3	$\mu_{m4}(2005) = \mu_{m0}(2003.0) + \Delta H_{m3j}$

Alter (Jahre)	Anzahl	Stufe	weibliche Tiere
0	5400	-	$\mu_{f0}(2005)$
0,25	3700	1	$\mu_{f1}(2005) = \mu_{f0}(2004.5) + \Delta H_{f1}$
0,5	260	2	$\mu_{f1}(2005) = \mu_{f0}(2004.5) + \Delta H_{f2j}$
1,0	260	-	$\mu_{f2}(2005) = \mu_{f0}(2004.0) + \Delta H_{f2j}$
1,5	160	3	$\mu_{f3}(2005) = \mu_{f0}(2003.5) + \Delta H_{f3j}$
2,0	80	-	$\mu_{f4}(2005) = \mu_{f0}(2003.0) + \Delta H_{f3j}$

Würfen (Stammsauen) sowie Prüfeber von geprüften Ebern (Stammeber). Die Jungsauen können sowohl an Prüfeber als auch geprüfte Eber gepaart werden. Die Prüfeber werden hingegen ausschließlich an die Jungsauen gepaart, um die Reinzuchtnachkommen für die Nachkommen- und Geschwisterprüfung zu erzeugen. Die drei Hauptvarianten unterscheiden sich wie folgt:

Nachkommendesign 1 Die Eber werden erst nach der Nachkommenschaftsprüfung an die Stammsauen angepaart. Die Nachkommen von Jungsauen und Prüfebern werden nicht zur Zucht verwendet.

Nachkommendesign 2 Die Eber werden erst nach der Nachkommenschaftsprüfung an die Stammsauen angepaart. Die Nachkommen von Jungsauen und Prüfebern sind potentielle Zuchttiere.

Halbgeschwisterdesign Die Eber bekommen nach der 2. Selektion uneingeschränkte Deckerlaubnis. Die Nachkommen von Jungsauen und Prüfebern sind potentielle Zuchttiere.

Nachkommendesign 1 (NKD 1)

Da die Nachkommen von Jungsauen nicht zur Zucht verwendet werden, reduziert sich die Anzahl der Kandidatentiere auf der 1. Selektionsstufe. Die Reproduktionsvektoren in den Vaterpfaden haben daher die Form:

$$\begin{aligned} \mathbf{z}' &= [0.5 \quad 1 \quad 1.5 \quad 2 \mid 2.5 \quad 3 \quad \dots \quad 2.5 + 0.5(d_e - 1)] \\ \mathbf{r}'_{mm} = \mathbf{r}'_{mf} &= [0 \quad 0 \quad 0 \quad 0 \mid cx^0 \quad cx^1 \quad \dots \quad cx^{d_e-1}] \end{aligned}$$

wobei x die Mortalitätsrate und d_e die Einsatzdauer der geprüften Eber ist. c berechnet sich

stets aus

$$c = (1 - (\mathbf{r}'_{i_2j} \mathbf{1})) \frac{1 - x}{1 - x^d}.$$

Der vertikale Balken innerhalb des Vektors markiert die Unterteilung in die beiden Vektoren $\mathbf{r}'_{m_2j}$ und $\mathbf{r}'_{m_3j}$. Die Eber werden im Alter von 2 Jahren letztmalig selektiert, so dass ihre nächsten Nachkommen mit 2,5 Jahren geboren werden. Die Reproduktionsvektoren der Sauen lauten

$$\begin{aligned} \mathbf{z}' &= [.5 \quad 1 \quad 1.5 \mid 2 \quad 2.5 \quad \dots \quad 2+.5(d_s - 1)] \\ \mathbf{r}'_{fm} = \mathbf{r}'_{ff} &= [0 \quad a_s \quad ax \mid cx^0 \quad cx^1 \quad \dots \quad cx^{d_s-1}] , \end{aligned}$$

wobei a der Anteil der Jungsau- en in der Sauenpopulation ist und a_s der Anteil der Jungsau- en, die an die geprüften Eber gepaart werden. Die Sauen werden im Alter von 1,5 Jahren und damit noch vor der Anpaarung zum dritten Wurf ein drittes Mal selektiert. Die Einsatzdauer von geprüften Sauen d_s wird über ihre zyklische Austauschrate abgeleitet.

Nachkommendesign 2 (NKD 2)

Die Nachkommen von Jungsau- en sind potentielle Zuchttiere, so dass die Reproduktionsvektoren der Eber und Sauen die folgende Struktur besitzen:

$$\begin{aligned} \mathbf{z}' &= [.5 \quad 1 \quad 1.5 \quad 2 \mid 2.5 \quad 3 \quad \dots \quad 2.5+.5(d_e - 1)] \\ \mathbf{r}'_{mm} = \mathbf{r}'_{mf} &= [0 \quad a - a_s \quad 0 \quad 0 \mid cx^0 \quad cx^1 \quad \dots \quad cx^{d_e-1}] \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \mathbf{z}' &= [.5 \quad 1 \quad 1.5 \mid 2 \quad 2.5 \quad \dots \quad 2+.5(d_s - 1)] \\ \mathbf{r}'_{fm} = \mathbf{r}'_{ff} &= [0 \quad a \quad ax \mid cx^0 \quad cx^1 \quad \dots \quad cx^{d_s-1}] . \end{aligned}$$

Da die Prüfeber ausschließlich an die Jungsau- en gepaart werden, ist der Anteil der Prüfeber in den Nachkommen gleich dem Anteil der Jungsau- en a , minus dem Anteil der Jungsau- en a_s , die an die geprüften Eber gepaart werden.

Halbgeschwisterdesign (HSD)

Die Eber werden im Anschluß an die Nachkommenschaftsprüfung nochmals selektiert, sofern die Einsatzlänge d_e mehr als drei Zyklen beträgt. Der Beitrag der Prüfeber entspricht dem Anteil der angepaarten Jungsau- en, $a^* = a - a_s$, plus dem Anteil aus den Paarungen mit den Altsau- en.

$$\begin{aligned} \mathbf{z}' &= [.5 \quad 1 \quad 1.5 \quad 2 \mid 2.5 \quad \dots \quad 2.5+.5(d_e - 1)] \\ \mathbf{r}'_{mm} = \mathbf{r}'_{mf} &= [0 \quad a^* + (1 - a)p \quad (1-a)px^1 \quad (1-a)px^2 \mid cx^0 \quad \dots \quad cx^{d_e-1}] \end{aligned}$$

Dabei bezeichnet p den Anteil der Prüfeber an den insgesamt eingesetzten Ebern. Der Reproduktionsvektor der Jungsau- en ist derselbe wie im Nachkommendesign 2.

Das optimale Design soll nun über den Vergleich verschiedener Varianten gefunden werden. Die Erkenntnisse aus den vorherigen Kapiteln werden zur Festlegung konstanter Designparameter genutzt, um damit den Simulationsaufwand zu reduzieren. Die konstanten und variablen Designparameter sind in Tabelle 6.9 zusammengefasst.

In der Zuchtwertschätzung werden die Merkmale des Zuchtziels, deren Pendant in der Rein-

Tabelle 6.9: Konstante und variable Designparameter in den Modellkalkulationen

Konstante Parameter	Variable Parameter
• Zuchtziel (s. Kapitel 1) • Populationsgröße von 1200 Zuchtsauen • Alle Kandidaten mit Lebenstagszunahme u. Ultraschallspeckdicke • Prüfkapazität für Vatterassen in Bayern. Wöchentlich 10 Buchten à 12 Mastplätze • Prüfeber werden gleichzeitig mit Reinzucht- und Kreuzungsnachkommen geprüft • Die Aufstallung der Nachkommen eines Ebers findet innerhalb von vier bis sechs Wochen statt • Verwandte Prüftiere werden in verschiedene Buchten aufgestellt • Ein Ferkel je Wurf in der Kreuzungsprüfung • Ausfallrate auf Station prüfartspezifisch	• Anzahl der Prüfeber pro Halbjahr von 35 - 244 • Anteil der Reinzuchtprüfung auf Station von 0 - 80 % • Anzahl der Ferkel je Wurf in der Reinzuchtprüfung von 1 - 4 • Einsatzalter der Eber Halbgeschwisterdesign: 1 Jahr Nachkommendesign: 2 Jahre • Anzahl Stammeber von 9, 18, 36, 72 und 144 • Einsatzdauer der Eber von 1 - 4 Zyklen • Anteil der Jungsauen maximal bis zu 50 % • Austauschrate von geprüften Sauen: 25, 50 und 100 % je Zyklus • Anteil der Jungsauen, die an Prüfeber gepaart werden: 0, 30, 50 und 100 %

zucht sowie die Eigenleistungsmerkmale Lebenstagszunahme und Ultraschallspeckdicke verwendet. Hierfür werden die in dieser Arbeit geschätzten Populationsparameter benutzt. Die Kovarianzmatrizen der zufälligen Effekte wurden 'gebendert', um positiv definite Matrizen zu erhalten. Diese Kovarianzmatrizen sind im Anhang B aufgeführt.

6.2.2 Ergebnisse

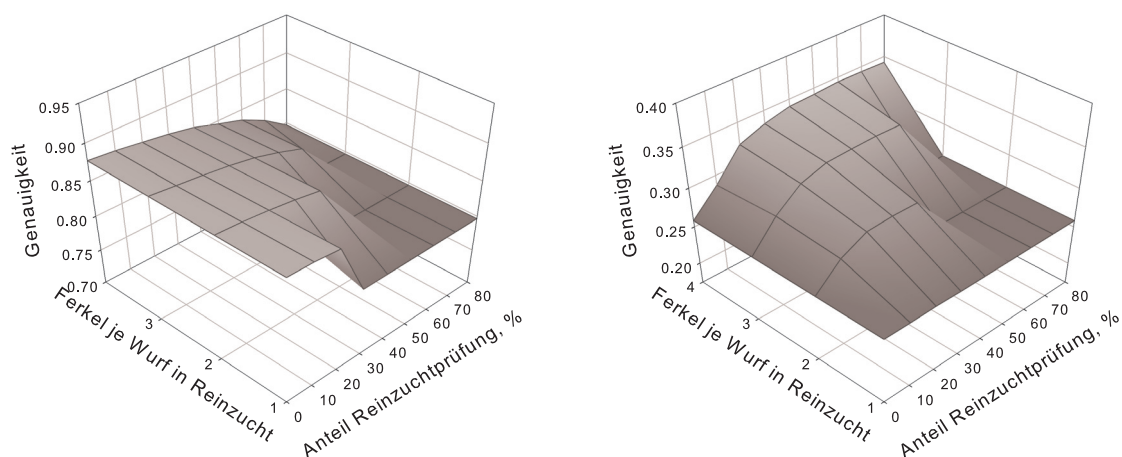
Zum besseren Verständnis der Ergebnisse und zur Überprüfung ihrer Plausibilität werden die Einflussgrößen auf den genetischen Fortschritt pro Zeit zunächst einzeln betrachtet.

Die **Genauigkeit** der Rangierung von Kandidatentieren wird auf allen drei Stufen von der Leistungsinformation aus der Nachkommen- und Geschwisterprüfung auf Station dominiert. Dies geht bereits aus der Analyse der Kovarianzmatrizen (s. S. 75) für den Gesamtzuchtwert und die

drei Selektionskriterien hervor. Der Grund ist, dass die relevanten Kreuzungsmerkmale, insbesondere die Fleischqualitätsmerkmale, auf Station direkt gemessen werden und die Leistungen von stationsgeprüften Reinzuchttieren mit diesen Merkmalen hoch korreliert sind (s. Kapitel 4). Dagegen ist die genetische Korrelation zwischen der Lebensstagszunahme von Zuchttieren in Reinzucht und den täglichen Zunahmen von Kreuzungstieren auf Station lediglich 0,42. Auch die genetische Korrelation zwischen der Ultraschallspeckdicke und dem Magerfleischanteil ist mit -0,51 nicht viel höher. Daher ist der Informationsgewinn aus der Eigenleistungsprüfung im Feld für den Gesamtzuchtwert gering und die Optimierung der Stationsprüfung wird umso wichtiger. In Abbildung 6.3 ist die Korrelation zwischen den wahren und geschätzten Zuchtwerten von Prüfebern und -sauen in Abhängigkeit des Reinzuchtanteils auf Station und der Anzahl Ferkel je Reinzuchtwurf dargestellt. Man beachte das unterschiedliche Niveau bei Ebern und Sauen.

Die Genauigkeit der Sauenzuchtwerte steigt sowohl mit zunehmender Ferkelzahl als auch mit

Abbildung 6.3: Genauigkeit (ρ) zwischen den wahren und geschätzten Zuchtwerten von Ebern (links) und Sauen (rechts) in Abhängigkeit des Reinzuchtanteils auf Station und der Anzahl geprüfter Ferkel je Reinzuchtwurf bei 35 Prüfebern pro Halbjahr



zunehmender Reinzuchtprüfung. Der Zuwachs beträgt rund 14-20 % von 1 auf 2 Ferkel, 3-9 % von 2 auf 3 Ferkel und 2-6 % von 3 auf 4 Ferkel. Die größeren Zuwächse werden bei höherem Reinzuchtanteil erzielt. Wie erwartet, steigt die Genauigkeit mit zunehmender Ferkelzahl wegen der umweltbedingten Ähnlichkeit zwischen den Wurfgeschwistern nicht linear (s. Kapitel 4). Der Genauigkeitsgewinn mit steigendem Reinzuchtanteil ist von 10 auf 20 % am größten. Bei 1 Ferkel erhöht sich die Genauigkeit um 0,3 %, bei 2 Ferkel um 5,5 %, bei 3 Ferkel um 8,3 % und bei 4 Ferkel gar um 12,4 %. Von 20 auf 30 % Reinzucht werden bei 3 und 4 Ferkel gut 3 % und von 30 auf 40 % nochmals 1-2 % zusätzlich erzielt. Die Ursache für den starken Anstieg mit zunehmender Reinzuchtprüfung, insbesondere bei 3 und 4 Ferkel, ist die Reduzierung eines 'Confoundings' zwischen dem Zuchtwert der Mutter und dem Buchteffekt. Dieses 'Confounding' resultiert aus der begrenzten wöchentlichen Prüfkapazität für Reinzuchttiere, weshalb verwandte Nachkommen nicht in unterschiedliche Buchten aufgestellt werden können. Eine gemeinsame Aufstallung von Reinzucht- und Kreuzungstieren in eine Bucht könnte

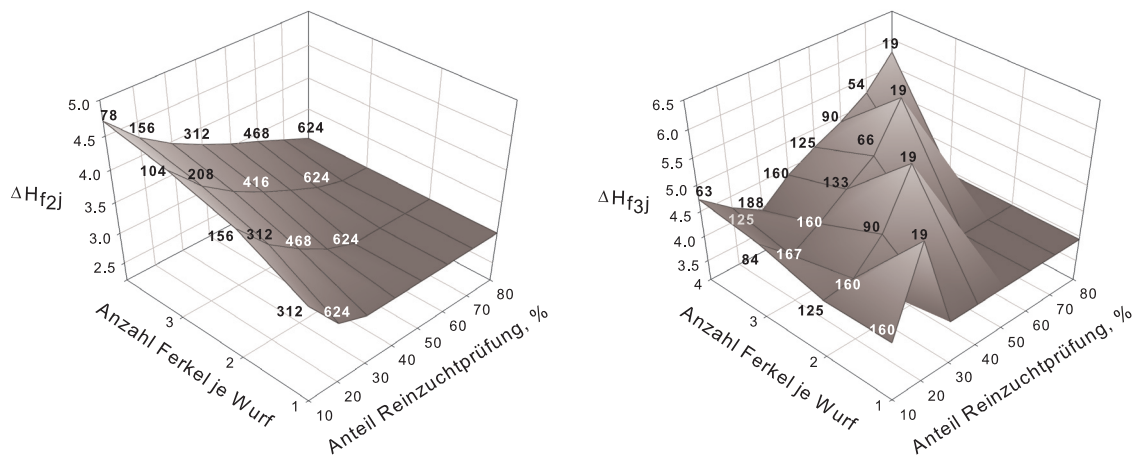
dieses 'Confounding' beseitigen. Dies ist jedoch nicht sinnvoll, weil Kreuzungstiere schneller wachsen als Reinzuchttiere, weshalb die Leistungen von Reinzuchttieren beeinträchtigt werden könnten. Ein Teil des Genauigkeitszuwachses mit steigender Reinzuchtprüfung entsteht auch aus einer genaueren Schätzung der Eberzuchtwerte für Reinzuchtleistung.

Die Korrelation zwischen den wahren und geschätzten Zuchtwerten der Prüfeber wird in erster Linie von der Anzahl der Prüfnachkommen je Eber bestimmt. Diese hängt bei gegebener Prüfkapazität von der Zahl der Prüfeber ab. Die Genauigkeit beträgt bei 35 Prüfebern pro Halbjahr mit je 90 Prüfnachkommen 0,88 und fällt mit jeden weiteren 35 Ebern um bis zu 0,04 Punkte. So erreichen 244 Prüfeber mit je 10 Prüfnachkommen nurmehr eine Genauigkeit von knapp 0,65. Die Anzahl der Prüfeber beeinflusst auch die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung in Abhängigkeit des Reinzuchtanteils und der Ferkelzahl. Je höher die Anzahl der Prüfeber, desto empfindlicher reagiert die Genauigkeit der Eberzuchtwerte auf einen Austausch von Kreuzungsdurch Reinzuchtnachkommen. Beispielsweise sink die Korrelation bei 244 Prüfebern je 10 % Reinzuchtprüfung um 1-3 %.

Die Genauigkeit der geschätzten Zuchtwerte von Ebern und Sauen wirkt sich auf die Genauigkeit der Selektion in allen Pfaden und auf allen Stufen aus. Die Genauigkeit der Rangierung auf der dritten Eberstufe orientiert sich stark an der Korrelation zwischen den wahren und geschätzten Eberzuchtwerten aus den Stationsleistungen. Auf der zweiten Stufe sowie der dritten Stufe der Sauen ist die Reduktion der Genauigkeit mit steigender Prüfeberzahl nur etwa halb so stark wie für die Eber auf der dritten Stufe. Dies ist auch plausibel, da die Nachkommenleistung als Halb- und Vollgeschwisterinformation in späteren Generationen nur 1/2 bis 3/4 mal soviel Wert ist. Die relative Abnahme der Genauigkeit bleibt aber auf der zweiten und dritten Stufe der Eber in etwa gleich.

Die **Selektionsintensitäten** und die **Generationsintervalle** in den Mutterpfaden werden vom Anteil der Reinzuchtprüfung auf Station, der Anzahl der Prüfnachkommen aus einem Wurf sowie der Austauschrate von geprüften Sauen bestimmt. Eine steigende Prüfkapazität für Reinzuchtnachkommen und/oder eine abnehmende Anzahl Ferkel je Wurf erhöht die Anzahl der geprüften Jungsauen. Dadurch wird die Selektionsintensität auf der 2. Stufe zwar reduziert, dafür stehen auf der 3. Stufe mehr Kandidaten zur Selektion bereit. Da die Population dann aus mehr Jungsauen besteht, wird auch die Zahl zu ersetzender Stammsauen kleiner. Beides führt zu einer steigenden Selektionsintensität. In Abbildung 6.4 ist der Zuchtfortschritt in den Mutterpfaden in Abhängigkeit der Reinzuchtprüfung und der Ferkelzahl für die 2. und 3. Stufe dargestellt. Die Zahlen auf der Oberfläche geben die Anzahl der selektierten Sauen an, wobei sie auf der 2. Stufe der Anzahl Prüfsauen entsprechen. Die Zahl der selektierten Sauen auf der 3. Stufe sind ein Beispiel für eine 25 %ige Austauschrate der geprüften Sauen. Während der genetische Fortschritt pro Generation auf der 2. Stufe mit zunehmender Prüfkapazität für Reinzuchttiere fällt, wächst dieser auf der 3. Stufe sehr stark an. Innerhalb der Anzahl Ferkel je Wurf ist das Maximum stets bei der höchsten Prüfsauenzahl und damit beim höchsten Jungsauenanteil von 50 % zu finden. Dabei steigt der Zuchtfortschritt pro Generation an den jeweiligen Maxima von einem bis vier Ferkel je Wurf kontinuierlich an. Die Prüfsauenzahl kontrolliert außerdem das Generationsintervall. Im NKD₂ und HSD sinkt das Generationsintervall mit steigender Prüfsauenzahl von 2,45 auf 1,31 Jahre. Da die Nachkommen von Jungsauen im NKD₁ nicht in der Zucht eingesetzt werden, liegt dort das Generationsintervall deutlich höher. Dennoch bestimmt der Jungsauenanteil auch in diesem Design das Generationsintervall, das mit steigendem Anteil allerdings nur von 2,55 auf 2,15 Jahre sinkt. Die Austauschrate geprüfter Sauen beeinflusst

Abbildung 6.4: Zuchtfortschritt pro Generation in den Mutterpfaden ($\Delta H_{f_{kj}}$) auf der 2. (links) und 3. (rechts) Selektionsstufe



sowohl die Selektionsintensität als auch das Generationsintervall. Je höher die Austauschrate, desto niedriger die Selektionsschärfe, aber umso kleiner wird auch das Generationsintervall. Wenn die Selektionsintensität durch einen hohen Jungsauanteil bereits groß ist, zeigt sich, dass eine höhere Austauschrate und damit kürzeres Generationsintervall besser ist.

Die **Selektionsintensitäten** in den Vaterpfaden werden von der Anzahl der Prüfeber, der Anzahl der Stammeber und der Einsatzlänge bestimmt. Je höher die Anzahl der Prüfeber, desto kleiner ist die Selektionsintensität auf der 2. Stufe, während gleichzeitig die Anzahl der Kandidaten und damit die Selektionsintensität auf der 3. Stufe zunimmt. Diese steigt darüber hinaus mit abnehmender Anzahl Stammeber und zunehmender Einsatzlänge. Eine höhere Einsatzdauer zieht jedoch ein höheres Generationsintervall nach sich. Es wurde nun untersucht, wie die Anzahl der Stammeber und die Einsatzlänge in den drei Hauptvarianten zusammen spielen. Im Halbgeschwisterdesign sind stets die Varianten mit der kürzesten Einsatzlänge optimal, weil das Generationsintervall mit einem Jahr am niedrigsten ist. In den Nachkommendesigns zeigt sich der Trend, dass mit abnehmender Stammeberzahl (steigender Selektionsschärfe) eine kürzere Einsatzlänge (niedrigeres Generationsintervall) mehr Zuchtfortschritt erzielt. Außerdem nimmt mit steigender Prüfeberzahl die Selektionsschärfe bei einer bestimmten Stammeberzahl zu, so dass tendenziell eine kürzere Einsatzzeit, meist 2 Einsatzperioden, besser ist.

Die Stationsparameter haben über die Anzahl der Prüfsauen (Jungsauanteil) nicht nur Einfluss auf die Generationsintervalle in den Mutterpfaden, sondern im NKD₂ und HSD auch in den Vaterpfaden. Mit steigender Prüfsauenzahl sinkt das Generationsintervall im NKD₂ (beispielsweise bei 18 Stammebern und einer Einsatzlänge von 2) von 2,61 auf 1,83 und im HSD von 1,2 auf 1,11 Jahre, sofern alle Jungsau mit Prüfebern verpaart werden. Werden jedoch geprüfte Eber an die Jungsau gepaart, dann steigen die Generationsintervalle in den Eberpfaden mit zunehmendem Anteil. Im HSD wird das Generationsintervall zudem noch vom Anteil der Prüfeber an den insgesamt eingesetzten Ebern beeinflusst. Je höher dieser Anteil ist, umso kleiner wird das Generationsintervall.

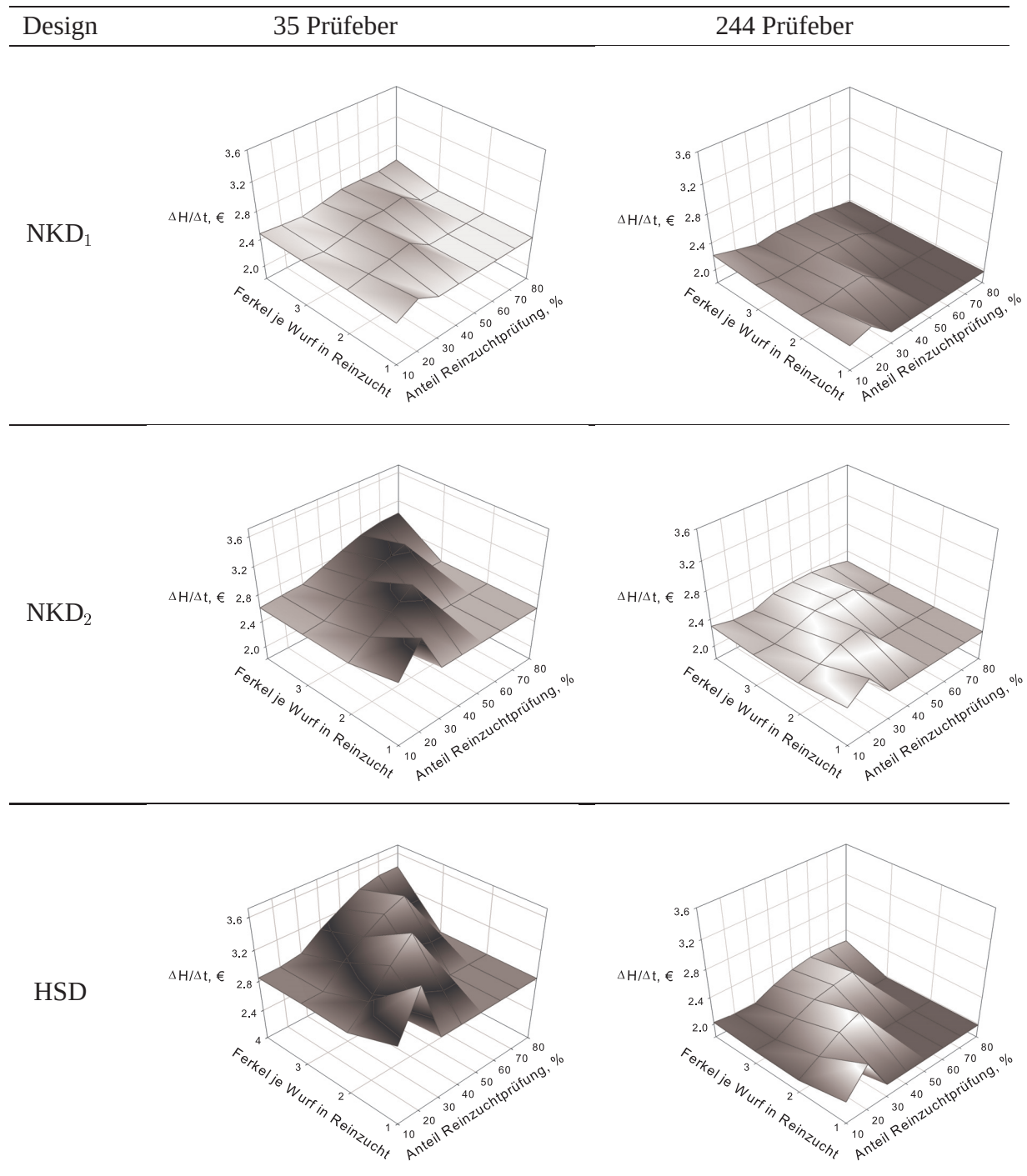
Der Zuchtfortschritt pro Generation in den Vaterpfaden zeigt in Abhängigkeit der Stationsparameter deutliche Unterschiede zwischen dem NKD₁ und den beiden anderen Hauptvarianten. Diese beruhen vor allem darauf, dass sich im NKD₁ mit zunehmender Prüfsauenzahl die Anzahl der Selektionskandidaten auf der 1. Stufe reduziert und somit Selektionsschärfe verloren geht. Im NKD₂ und HSD bestimmt die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung den genetischen Fortschritt pro Generation sehr stark. Ist die Zahl der Prüfeber hoch (wenig Prüfnachkommen je Eber), dann steigt der Zuchtfortschritt pro Generation auf der 3. Stufe mit abnehmender Reinzuchtprüfung und sinkender Ferkelzahl. Der höchste Fortschritt wird bei 2 Ferkel und 30 % Reinzucht erzielt, wobei sich aber diese Variante kaum von Designs mit geringerer Reinzuchtprüfung unterscheidet. Ist die Zahl der Prüf-eber hingegen niedrig (viele Prüfnachkommen je Eber), dann liegen die besten Varianten hinsichtlich des genetischen Fortschritts pro Generation ausschließlich bei 2 Ferkel und 30 bis 40 % Reinzuchtprüfung. Die Erklärung ist, dass der Zuchtfortschritt auf der 3. Stufe nicht nur von der Genauigkeit der Eberzuchtwerte bestimmt wird, sondern auch von der Information der Muttersau. Gerade diese ist bei wenig Reinzuchtprüfung durch das erwähnte Confounding gering (Abb. 6.3).

Zuvor wurde bereits der positive Effekt der Paarung von Jungsauen mit Prüfebern auf das Generationsintervall in den Vaterpfaden erwähnt. Ein weiterer Vorteil ist die gleichzeitige Verwendung der Information von geprüften Reinzuchtnachkommen für die Sauen- und Eberselektion. Mit einem steigendem Anteil von Jungsauen, die mit geprüften Ebern gepaart werden, sinkt die verfügbare Prüfkapazität für Prüfeber und infolgedessen die Genauigkeit der geschätzten Zuchtwerte. Dennoch stellt sich die Frage, ob es für den Gesamtfortschritt nicht besser wäre, einen bestimmten Anteil der Jungsauen mit geprüften Ebern zu verpaaren. Bei scharfer Selektion könnte das hohe genetische Niveau der geprüften Eber den Informationsverlust und das niedrigere Generationsintervall mehr als ausgleichen. In den Analysen zeigte sich aber, dass im NKD₂ und HSD eine 100 %ige Verpaarung der Jungsauen mit Prüfebern stets optimal ist. Die Überlegenheit ist umso größer, je höher die Anzahl der Stammeber (Selektionsintensität sinkt). Im NKD₁ trifft dies aber nicht immer zu, weil das Generationsintervall in den Vaterpfaden unbeeinflusst bleibt.

Die folgenden Ergebnisse stammen aus Designvarianten, in denen die Jungsauen ausschließlich an Prüfeber gepaart wurden. In der Tabelle 6.5 ist der Zuchtfortschritt pro Jahr für die drei Hauptvarianten bei 35 und 244 Prüfebern dargestellt. Aus den vielen Designvarianten wurde für jede Reinzuchtanteil/Ferkelzahl-Kombination das Maximum herausgesucht. Der genetische Fortschritt pro Jahr nimmt mit steigender Reinzuchtprüfung zu. Die wesentlichen Ursachen sind der steigende Zuchtfortschritt in den Mutterpfaden und die sinkenden Generationsintervalle. Im NKD₁ ist der Zuwachs mit steigender Prüfsauenzahl geringer, weil die Generationsintervalle in den Eberpfaden konstant sind und in den Mutterpfaden weniger fallen. Die höheren Generationsintervalle im NKD₁ sind für das allgemein niedrigere Niveau im Zuchtfortschritt pro Jahr verantwortlich. Das absolute Optimum ist meist bei 40 % Reinzuchtprüfung und 2 Ferkel je Wurf zu finden. Die Unterschiede zu einer niedrigeren bzw. höheren Ferkelzahl je Wurf sind aber nur gering. Bei vielen Prüfebern kann auch 20 % Reinzuchtprüfung und ein Ferkel optimal sein, da die Genauigkeit der geschätzten Eberzuchtwerte hier höher ist als bei einer größeren Anzahl Ferkel je Reinzuchtwurf.

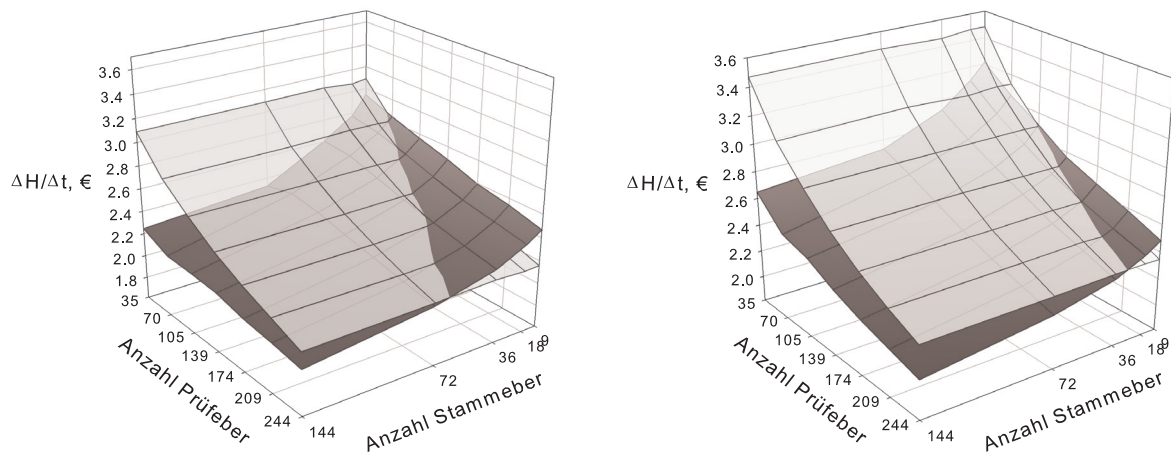
Schließlich ist noch zu klären, wie sich der genetische Fortschritt pro Zeit in Abhängigkeit der Anzahl Prüfeber und der Zahl der Stammeber verhält. Im Folgenden werden ausschließlich das NKD₂ und das HSD verglichen, da beide dem NKD₁ weit überlegen sind. Außerdem werden

Abbildung 6.5: Zuchtfortschritt pro Jahr in Abhängigkeit des Prüfdesigns, der Anzahl Prüfer pro Halbjahr, des Reinzuchtanteils auf Station und der Ferkelzahl je Reinzuchtwurf



nur die Varianten bei 2 Ferkel je Wurf und 20 bzw. 40 % Reinzucht betrachtet, weil die erste Variante dem heutigen Prüfschema entspricht und die zweite optimal ist. Die Ergebnisse sind in der Abbildung 6.6 zu finden, wobei die mehrfarbige Oberfläche das NKD₂ und die grau-weiße das HSD darstellt. Dabei wurde die Einsatzlänge mit dem höchsten Zuchtfortschritt pro Jahr gewählt. Das HSD ist dem NKD₂, bis auf einige wenige Varianten, in denen die Selektionsintensität hoch ist, überlegen. Diese Überlegenheit steigt mit zunehmender Anzahl Stammeber

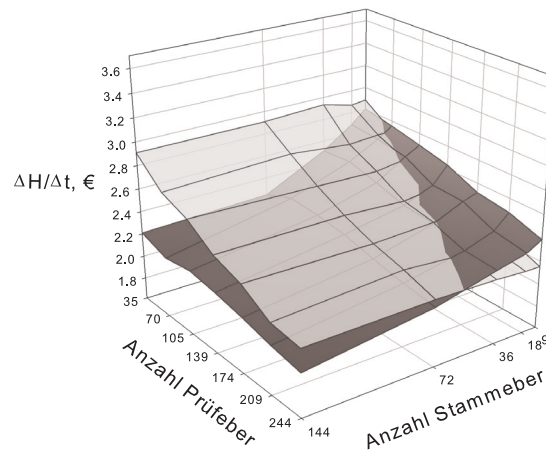
Abbildung 6.6: Ökonomischer Zuchtfortschritt pro Jahr in Abhängigkeit der Anzahl Prüfer pro Halbjahr und der Anzahl Stammeber bei 20 % Reinzuchtprüfung (links) und 40 % Reinzuchtprüfung (rechts) [NKD₂: mehrfarbig, HSD: grau-weiß]



und abnehmender Prüferzahl. Der genetische Fortschritt pro Jahr steigt in beiden Hauptvarianten mit sinkender Prüferzahl, weil die Genauigkeit der Selektion zunimmt. Im NKD₂ sinkt der Zuchtfortschritt mit zunehmender Stammeberzahl, während das HSD keine Unterschiede zeigt. Der Grund ist die minimale Einsatzlänge von nur einem Zyklus. Daher enthält dieses System nur Prüfer, die an alle Sauen der Population gepaart werden. Diese Aussagen treffen sowohl für 20 als auch 40 % Reinzuchtanteil zu, wobei sich das Nachkommendesign gegenüber dem Halbgeschwisterdesign bei 20 % besser darstellt als bei 40 % Reinzuchtanteil. Der Zuchtfortschritt bewegt sich bei 40 % Reinzuchtanteil im NKD₂ in einem Bereich von 2,20 (untere Ecke) bis 3,31 Euro pro Jahr (obere Ecke). Der Fortschritt im HSD steigt von 2,43 auf 3,59 Euro pro Jahr.

Bisher wurde der Effekt der Verwandtschaft zwischen Kandidatentieren auf die Selektionsintensität nicht berücksichtigt. Besonders bei der Familienselektion auf der ersten, aber auch auf der zweiten Stufe, kann diese Vernachlässigung zu einer beträchtlichen Überschätzung der Selektionsintensität führen. Diese ist von der Korrelation zwischen den Selektionskriterien der Kandidaten, der Halb- und Vollgeschwisterstruktur in der Population sowie der Anzahl der Vergleichstiere abhängig. Die Halb- und Vollgeschwisterstruktur wird im wesentlichen vom Anpaarungsverhältnis der Sauen an die Eber bestimmt. Die Anzahl der Vergleichstiere ist in der Realität durch die Selektion innerhalb Betriebe und Zeitgefährtengruppen relativ niedrig, so dass die Selektionsintensität tatsächlich deutlich niedriger ist als bisher berechnet. Aus diesen Gründen wurden die Korrelationen zwischen den Selektionskriterien von Halb- und Vollgeschwistern abgeleitet und in die Berechnung der Überlegenheit von selektierten Kandidatentieren einbezogen. Die Ergebnisse sind in Abbildung 6.7 dargestellt. Der genetische Fortschritt pro Jahr wird unter Berücksichtigung der Korrelation zwischen den Selektionskriterien verwandter Kandidatentiere um 10-20 % reduziert. Wie zu erwarten war, wird der Zuchtfortschritt im Halbgeschwisterdesign um bis zu 5 % stärker verringert als im Nachkommendesign. Dadurch verbessert sich das Nachkommendesign gegenüber dem Halbgeschwisterdesign. Der Vergleich zugunsten des Nachkommendesigns würde noch besser ausfallen, wenn die Nach-

Abbildung 6.7: Ökonomischer Zuchtfortschritt pro Jahr in Abhängigkeit der Anzahl Prüfeber pro Halbjahr und der Anzahl Stammeber bei 40 % Reinzuchtprüfung, unter Berücksichtigung der Korrelation zwischen den Selektionskriterien verwandter Kandidatentiere [NKD₂: mehrfarbig, HSD: grau-weiß]



kommenschaftsprüfung früher abgeschlossen wird. Tatsächlich sollte das Alter der Eber beim Abschluß der Nachkommenschaftsprüfung zwischen 1,8 und 2 Jahren liegen.

Aus den Ergebnissen der deterministischen Simulation kann geschlossen werden, dass ein Halbgeschwisterdesign dem Nachkommendesign im Zuchtfortschritt pro Jahr nur dann überlegen ist, wenn die Anzahl der Nachkommen je Prüfeber sehr hoch ist.

6.2.3 Diskussion der Modellierung

Die Modellkalkulationen sind in der Abbildung der wahren Zuchtpraxis und der quantitativ-genetischen Prozesse bei Selektion eingeschränkt. Dies kann sich auf den berechneten Zuchtfortschritt und die Rangierung von Designs auswirken.

Selektion hat zur Folge, dass die Verteilung der Zuchtwerte von Elterntieren schief und die Varianz kleiner als in der Ausgangspopulation ist. Die Zuchtwerte der Kandidatentiere in späteren Generationen können daher nicht mehr normalverteilt sein. Die Reduktion der Varianz in der Nachkommengeneration wird auch als Bulmer-Effekt bezeichnet, der mit steigender Genauigkeit der Zuchtwertschätzung und zunehmender Selektionsschärfe größer wird. Die Ergebnisse im Nachkommendesign sollten daher auf den ersten Blick stärker überschätzt sein als im Halbgeschwisterdesign. Allerdings ist zu bedenken, dass im Halbgeschwisterdesign die additiv-genetische Varianz zwischen Familien wesentlich stärker zur Selektion genutzt wird als im Nachkommendesign, so dass keine endgültige Abschätzung möglich ist. Die Berücksichtigung des Bulmer-Effektes in einer deterministischen Simulation ist äußerst schwierig, weil nur die additiv-genetische Varianz zwischen Familien beeinflusst wird, nicht aber die additiv-genetische Varianz innerhalb Familien. Die veränderten Momente der Zuchtwertverteilung bewirken auch eine Änderung in der Korrelation zwischen den wahren und geschätzten Zuchtwerten, was wiederum Einfluss auf die Verteilung der Zuchtwerte in den nachfolgenden Generationen hat.

Die Modellkalkulationen haben den weiteren Nachteil, dass sich die (Jahres-)Effektive Populationsgröße mit Hilfe der Formel nach Hill (1979) nicht exakt abschätzen lässt. Zum einen, weil die wahre Verteilung der Familiengröße bei den verschiedenen Varianten nicht bekannt ist und zum anderen, weil die Korrelation in der Familiengröße über Generationen nicht berücksichtigt wird. Erst die Analyse des Inzuchtzuwachses in einer Monte Carlo Simulation lässt verlässlichere Aussagen zu. Außerdem wirkt sich die (Jahres-)Effektive Populationsgröße langfristig auch auf die additiv-genetische Varianz und somit auf den Selektionserfolg aus. Die Inzuchtsteigerung pro Jahr wird besonders von der Selektionsschärfe auf der 2. Stufe beeinflusst, da die Halb- und Vollgeschwisterinformation zu einer stärkeren Selektion verwandter Tiere führen kann. Bei gleichem Sau:Eber-Verhältnis wird die Inzuchtsteigerung im Halbgeschwisterdesign daher höher sein als im Nachkommendesign.

Eine stochastische Simulation ist somit zur Verifizierung der Modellkalkulationen angebracht. Eine Monte Carlo Simulation bietet darüber hinaus auch die Möglichkeit, die Entwicklung der Genauigkeit der Selektion, der additiv-genetischen Varianz sowie der Inzucht über die Zeit zu verfolgen.

6.3 Monte Carlo Simulation

6.3.1 Simulationsprogramm

Die Simulation startet mit unverwandten Tieren, die wahre Zuchtwerte für die Eigenleistungen im Feld sowie die Reinzucht- und Kreuzungsleistungen auf Station erhalten. Dazu wird für jedes Tier ein Vektor $\mathbf{u}$ mit $N(\mathbf{0}, \mathbf{I})$ -verteilten Zufallszahlen generiert, der dann zu

$$\mathbf{A}_w \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{G})$$

transformiert wird. Dabei ist $\mathbf{G}$ die additiv-genetische Kovarianzmatrix der Merkmalszuchtwerte im Vektor $\mathbf{A}_w$. Für die Transformation wird $\mathbf{G}$ mittels Choleskyzerlegung in eine untere und eine obere Dreiecksmatrix $\mathbf{L}$ bzw. $\mathbf{L}'$ zerlegt. Da gilt

$$\text{Var}(\mathbf{A}_w) = \mathbf{G} = \mathbf{L}\mathbf{L}' = \mathbf{L}\mathbf{L}' = \mathbf{L}\text{Var}(\mathbf{u})\mathbf{L}',$$

folgt

$$\mathbf{A}_w = \mathbf{L}\mathbf{u}.$$

Die standardnormalverteilten Zufallszahlen werden mit einem Box-Muller-Generator gebildet. Die männlichen und weiblichen Tiere werden nun zufällig verpaart, um die erste Nachkommen- generation zu erzeugen. Die Nachkommen erhalten dann wahre Zuchtwerte, die sich aus

$$\mathbf{A} = \frac{1}{2}\mathbf{A}_s + \frac{1}{2}\mathbf{A}_d + \sqrt{d}\mathbf{A}_w$$

berechnen, wobei $\mathbf{A}_s$ die Zuchtwerte des Vaters, $\mathbf{A}_d$ die Zuchtwerte der Mutter und $\sqrt{d}\mathbf{A}_w$ das Mendelian Sampling bezeichnet. d ist definiert mit

$$d = .25[4 - (1 + F_s) - (1 + F_d)],$$

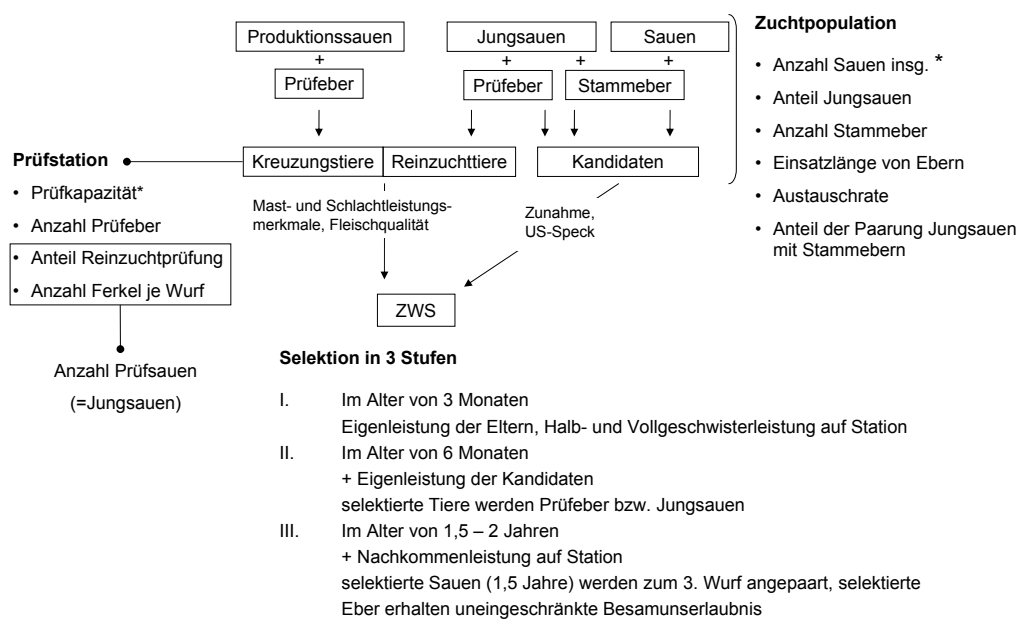
wobei F_s der Inzuchtkoeffizient des Vaters und F_d der Inzuchtkoeffizient der Mutter ist. Die Eigenleistung eines Nachkommen im Merkmal i wird mit

$$y_{ijklm} = \mu_i + a_{ij} + b_{ik} + c_{ikl} + A_{ijklm} + e_{ijklm}$$

modelliert. In diesem Modell beschreibt a_{ij} den Zyklus*Markt Effekt für Eber bzw. den Zyklus-Effekt für Sauen. b_{ik} ist der Zyklus*Betrieb-Effekt, c_{ikl} der Wurfumwelteffekt, A_{ijklm} der Zuchtwert eines Tieres und e_{ijklm} die Restabweichung.

Die Selektion von Kandidatentieren zur Zucht der nächsten Generation wird auf drei Stufen durchgeführt. Das Schema dieser Dreistufenselektion ist in Abbildung 6.8 dargestellt. Das Se-

Abbildung 6.8: Idealisierte Zuchtpraxis bei der Vatterrasse Piétrain in Bayern



* Nur die Anzahl der Sauen und die Prüfkapazität sind fix

lektionskriterium der ersten Selektionsstufe ist der Durchschnitt der geschätzten Elternzuchtwerte. Da diese in der ersten Nachkommengeneration noch nicht vorliegen, wird für jedes Tier ein Zuchtwert aus dem Vollgeschwistermittel und der Einzelbeobachtung geschätzt (Falconer und Mackay, 1996, S. 236). Die Kandidaten auf der ersten Stufe werden dann innerhalb von Betrieb und Zeitgefährtengruppe selektiert. Die Eigenleistung der selektierten Zuchtläufer wird anschließend in den Datensatz für die Zuchtwertschätzung aufgenommen, genauso wie die Leistungen von Reinzucht- und Kreuzungsnachkommen auf Station. Diese stammen in den ersten beiden Halbjahren von Tieren aus der Ausgangspopulation ab, später hingegen von den auf der zweiten Stufe selektierten männlichen und weiblichen Kandidaten. Die Zuchtwertschätzung wird am Ende eines jeden Halbjahres mit den Leistungen aus allen Generationen durchgeführt. Dafür wird das Softwarepaket Pest.f90 verwendet. Die geschätzten Zuchtwerte werden dann für Selektionsentscheidungen auf der zweiten und dritten Stufe genutzt. Auf der zweiten Stufe sind die Kandidaten ein halbes Jahr alt, wobei die Sauen innerhalb Betriebe und die Eber auf Märkten rangiert und selektiert werden. Die selektierten Tiere werden dann als potentielle Elterntiere der nächsten Generation ins Pedigree aufgenommen, das zur Aktualisierung der Verwandtschaftsmatrix verwendet wird. Die dritte Selektion findet mit dem Vorliegen der Prüf-

ergebnisse der Nachkommen statt. Der Aufnahmezeitpunkt in die Zuchtpopulation kann je nach Zuchtschema unterschiedlich sein und wird deshalb über einen Zeitgeber geregelt. Alteber und -sauen, die ersetzt werden sollen, werden über die geschätzten Zuchtwerte ermittelt.

Die Eber und Sauen der neu erstellten Population werden dann zufällig innerhalb (Natursprungeber) oder über (Besamungseber) Betriebe angepaart, wobei darauf geachtet wird, dass eine maximale Coancestry zwischen den Paarungspartnern nicht überschritten wird. Falls dabei eine Sau nicht angepaart werden kann, wird für diese Sau der Eber mit dem niedrigsten Verwandtschaftsgrad ausgesucht. Anschließend beginnt ein neuer Zyklus. Neben den Parametern für die Stationsprüfung besitzt die Monte Carlo Simulation u.a. die folgenden Variablen: Anzahl der Eber und Sauen in der Population, Anzahl der Betriebe in denen die Sauen gehalten werden, Anzahl der aufgezogenen Ferkel je Sau und Wurf, Anzahl der Eberauktionen, Anzahl der Eber in der Nachkommenschaftsprüfung, Zeitpunkt der Aufnahme in die Population von Natursprung-ebern, Besamungsebern und Sauen, maximaler Verwandtschaftskoeffizient für die Anpaarung, Anzahl der Zyklen, zeitlicher Abstand zwischen der Eigenleistung im Feld und der Nachkommenschaftsprüfung auf Station, maximale Einsatzdauer von Ebern.

Das genetische Niveau der Population wird in jedem Zyklus für alle Merkmale des Zuchtziels gespeichert. Außerdem wird in jedem Zyklus die durchschnittliche Coancestry potentieller Paarungspartner und der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient eines Geburtsjahrgangs aus der Verwandtschaftsmatrix abgeleitet. Daraus wird dann die Jahreseffektive Populationsgröße berechnet. Nach Abschluss einer Wiederholung, bestehend aus einer vorgegebenen Anzahl Zyklen, werden anhand des Pedigrees weitere Kenngrößen ermittelt. So werden für jeden Pfad das Generationsintervall, die Varianz der Familiengröße, die Anzahl der männlichen und weiblichen Elterntiere, die Varianz in der Anzahl Enkel sowie die (Jahres-)Effektive Populationsgröße mit der Formel nach Hill (1979) berechnet.

6.3.2 Auswertungsdesign

Zur Analyse verschiedener Designvarianten wird eine Zuchtpopulation konstruiert, die aus 288 Sauen besteht. Diese Population umfasst etwa ein Viertel der aktuellen bayerischen Zuchtpopulation. Diese Populationsgröße wurde aufgrund begrenzter Rechenzeit und Rechenkapazität gewählt. Die Population entspricht damit eher der eines Zuchtunternehmens oder möglicherweise der zukünftigen Größe der bayerischen Population. Das Erstferkelalter beträgt ein Jahr, die Zwischenwurfzeit sechs Monate und je Wurf werden 9 Ferkel aufgezogen. Auf der ersten Selektionsstufe werden 30 % der männlichen und 80 % der weiblichen Kandidaten selektiert. Die zweite Selektionsstufe überstehen 72 Jungsauen, die gleichviele Altsauen der Zuchtpopulation ersetzen und die mit den erfolgreichen männlichen Kandidatentieren, den Prüfebern, verpaart werden. Aus jeder dieser Paarungen werden dann zwei Nachkommen auf Station getestet. Die dritte Selektion findet schließlich nach der Nachkommenschaftsprüfung auf Station statt. Die geprüften Sauen sind 1,5 Jahre und die geprüften Eber 2 Jahre alt. Über die 'gene flow' Methode von Hill (1974) wurde untersucht, ab welchem Zyklus der jährliche Zuchtfortschritt annähernd konstant bleibt. Im Halbgeschwisterdesign wird ein Gleichgewicht bereits nach 20 Zyklen erreicht, während im Nachkommendesign 20-30 Zyklen notwendig sind. Deshalb werden 30 Selektionszyklen betrachtet, was bei einer Zykluslänge von sechs Monaten 15 Jahren entspricht. Der Zuchtfortschritt wird anschließend über eine Regression aus den letzten 10 Selektionszyklen geschätzt.

Die Modellvarianten mit dem vollständigen Zuchtziel benötigen sehr lange Rechenzeiten, weshalb für die meisten Untersuchungen das Zuchtziel auf das ökonomisch wichtigste Merkmal, den Magerfleischanteil, reduziert wurde. In die Zuchtwertschätzung fließen daher der Magerfleischanteil von Reinzucht- und Kreuzungstieren auf Station sowie die Lebenstagszunahme und die Ultraschallspeckdicke ein.

Im Halbgeschwisterdesign werden in jedem Zyklus 8 Eber mit 18 Reinzucht- und 72 Kreuzungsnachkommen getestet (entspricht 35 Prüfebern in den Modellkalkulationen), während im Nachkommendesign 32 Eber mit 5 bzw. 18 Nachkommen geprüft werden (entspricht 144 Prüfebern). Die variablen Designparameter sind die Anzahl der eingesetzten Zuchteber sowie die Einsatzlänge. Die verschiedenen Designvarianten sind in Tabelle 6.10 dargestellt. Zur Erhöhung der Jahreseffektiven Populationsgröße wurde aus jeder Vollgeschwisterfamilie das beste männliche sowie das beste weibliche Tier selektiert, die dann auf der 2. Selektionsstufe vorgestellt werden. Dies wird der tatsächlichen Zuchtpraxis gerechter, denn die Züchter achten besonders auf die Vermeidung von Inzucht. Eine gute Übereinstimmung der geschätzten Jahreseffektiven Populationsgröße für die bayerische Piétrainpopulation mit den Ergebnissen aus den Monte Carlo Simulationen (Sau:Eber-Verhältnis 3-4:1) rechtfertigen dieses Vorgehen.

Tabelle 6.10: Anzahl der Zuchteber, die je Zyklus selektiert werden, in Abhängigkeit des Sau:Eber-Verhältnisses und der Einsatzlänge in Zyklen

Einsatzlänge Zyklen	Sau:Eber-Verhältnis			
	50	25	12,5	6,25
1	4	8	16	32
2	2	4	8	16
4	1	2	4	8

Bei der Auswertung der Ergebnisse stellte sich heraus, dass die Streuungen um die Regressionsgeraden von Designvarianten signifikant verschieden sind. Daher werden zum Vergleich der Varianten zweiseitige Permutationstests durchgeführt.

6.3.3 Ergebnisse

In den folgenden Tabellen sind die Ergebnisse der deterministischen und stochastischen Simulation gegenübergestellt. Der genetische Fortschritt pro Jahr steigt in beiden Methoden mit zunehmendem Sau:Eber-Verhältnis, was durch die schärfere Selektion von nachkommegeprüften Ebern erreicht wird. Die Steigerung in der Monte Carlo Simulation konnte mit dem Permutationstest signifikant nachgewiesen werden. Abgesehen von einer Ausnahme, wird das Optimum im NKD₁, sowohl in der Monte Carlo Simulation als auch in den Modellkalkulationen, bei einer Einsatzlänge von 2 Zyklen erzielt. Folglich ist die Selektionsintensität bei einem Zyklus noch zu gering, während bei 4 Zyklen zuviele Eber an die Population angepaart werden, die vom Zuchtfortschritt bereits überholt wurden. Im NKD₂ zeigt sich jedoch ein anderes Bild. Zunächst fällt unmittelbar der allgemein höhere Zuchtfortschritt ins Auge. Die Erklärung sind die niedrigeren Generationsintervalle von 1,8 bis 2,1 Jahren, die sehr gut mit denen aus den Modellkalkulationen vereinbar sind. Im Unterschied zum NKD₁ und zu den Ergebnissen der Modellkalkulationen ist eine Einsatzlänge von 4 Zyklen besser als 2. Dies ist mit dem Selektionsgeschehen auf

Tabelle 6.11: Jährlicher Zuchtfortschritt im Magerfleischanteil in % in Abhängigkeit des Sau:Eber-Verhältnisses und der Einsatzlänge in Zyklen im Nachkommendesign 1 (32 Prüfeber pro Halbjahr)

Monte Carlo Simulation

Einsatzlänge Zyklen	Sau:Eber-Verhältnis			
	50	25	12,5	6,25
1	0,60	0,59	0,50	0,43
2	0,65	0,63	0,58	0,55
4	0,59	0,59	0,55	0,53

s.e. $(\Delta H / \Delta t) = 0,004-0,016$

Modellkalkulation

Einsatzlänge Zyklen	Sau:Eber-Verhältnis			
	50	25	12,5	6,25
1	0,96	0,89	0,82	0,69
2	0,96	0,92	0,86	0,78
4	0,93	0,90	0,85	0,80

Tabelle 6.12: Jährlicher Zuchtfortschritt im Magerfleischanteil in % in Abhängigkeit des Sau:Eber-Verhältnisses und der Einsatzlänge in Zyklen im Nachkommendesign 2 (32 Prüfeber pro Halbjahr)

Monte Carlo Simulation

Einsatzlänge Zyklen	Sau:Eber-Verhältnis			
	50	25	12,5	6,25
1	0,69	0,65	0,61	0,60
2	0,70	0,67	0,64	0,62
4	0,73	0,68	0,66	0,64

s.e. $(\Delta H / \Delta t) = 0,004-0,016$

Modellkalkulation

Einsatzlänge Zyklen	Sau:Eber-Verhältnis			
	50	25	12,5	6,25
1	1,09	1,03	0,97	0,85
2	1,09	1,04	0,99	0,92
4	1,06	1,02	0,98	0,93

den ersten beiden Selektionsstufen zu erklären, wo die Nachkommen von Prüfebern und Jungsaunen bevorzugt selektiert werden. Dies lässt sich an den sehr niedrigen Generationsintervallen in den Eberpfaden erkennen, wenn alle Vollgeschwister zur Selektion zugelassen wären. Wie erwähnt, wird dies zur Erhöhung der Jahreseffektiven Populationsgröße vermieden. Folglich würden die Nachkommen von Prüfebern und Jungsaunen weitgehend ausreichen, um die nächste Generation Prüfeber und Jungsaunen zu stellen. Da nicht alle Nachkommen von Prüfebern und Jungsaunen auf der 2. Stufe vorgestellt werden, werden auch Nachkommen von geprüften Ebern benötigt. Das Generationsintervall sollte nun mit zunehmender Einsatzlänge steigen. Dies trifft zwar zu, jedoch ist die Steigung kleiner als man nach den Modellkalkulationen erwarten würde. Somit werden auf der 2. Stufe eher die Nachkommen der jüngsten geprüften Eber selektiert. Diese sind bei einer Einsatzlänge von 4 Zyklen stärker selektiert als bei 2 Zyklen und haben daher ein höheres genetisches Niveau. Man muss allerdings hinzufügen, dass dies nur unter der hier modellierten Zuchtpraxis gültig ist. In einem Schema, in dem die geprüften Eber im Vergleich zu den Prüfebern relativ besser sind, kann eine kürzere Einsatzdauer günstiger sein. Beispielsweise, wenn die Anzahl der Prüfeber etwas höher ist und so eine größere Selektionsintensität erreicht wird.

Im Halbgeschwisterdesign ist der jährliche Zuchtfortschritt im Magerfleischanteil höher als in den Nachkommendesigns (Tabelle 6.13). In der deterministischen Simulation ist das HSD

Tabelle 6.13: Jährlicher Zuchtfortschritt im Magerfleischanteil in % in Abhängigkeit des Sau:Eber-Verhältnisses und der Einsatzlänge im Halbgeschwisterdesign (8 Prüfer pro Halbjahr)

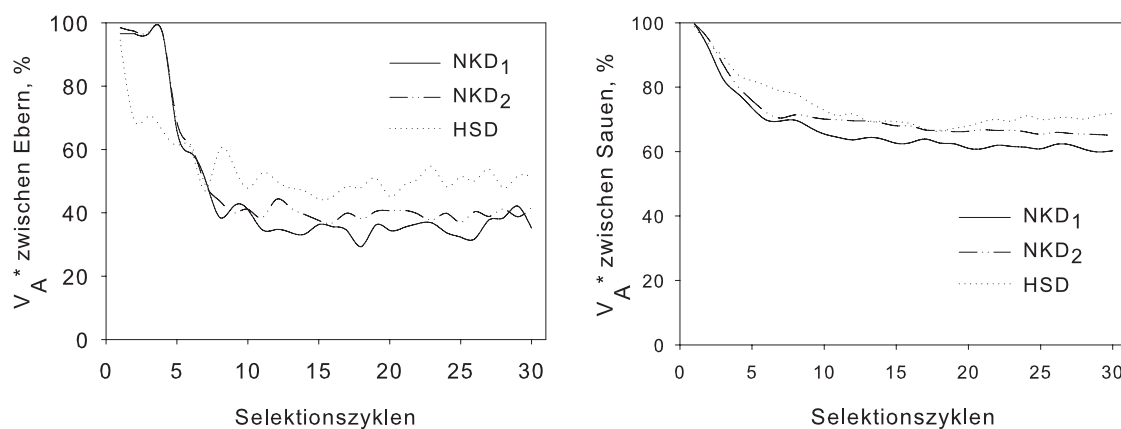
Monte Carlo Simulation					Modellkalkulation				
Einsatzlänge Zyklen	Sau:Eber-Verhältnis				Einsatzlänge Zyklen	Sau:Eber-Verhältnis			
	25	12,5	6,25			25	12,5	6,25	
1	0,70	-	-		1	1,30	-	-	
2	-	0,69	-		2	-	1,24	-	
4	-	-	0,67		4	-	-	1,03	

s.e.($\Delta H/\Delta t$) = 0,004-0,0016

den beiden Nachkommendesigns um 30 % bzw. 20 % überlegen. Dabei gilt es aber zu beachten, dass im Halbgeschwisterdesign weniger Eber geprüft wurden, weshalb die Genauigkeit der Eberzuchtwerte höher ist und mehr Halb- und Vollgeschwisterinformation auf der 2. Stufe zur Verfügung steht. Außerdem wird das HSD durch das reduzierte Zuchtziel begünstigt, da es keine Fleischbeschaffenheitsmerkmale enthält und somit die Eigenleistung im Feld mehr zur Genauigkeit des geschätzten Gesamtzuchtwertes beiträgt. In der stochastischen Simulation sind die Differenzen des HSD zu den Nachkommendesigns mit 15-25 % bzw. 7-8 % geringer. Desweiteren ist der Zuchterfolg in den Modellkalkulationen höher als in der Monte Carlo Simulation. Der Unterschied beträgt in den Nachkommendesigns im Durchschnitt 33 % und im Halbgeschwisterdesign 41 %. Wie in der Diskussion zu den Modellkalkulationen bereits angesprochen wurde, sind die Ursachen in einer Vernachlässigung der Effekte aus Selektion zu suchen. Zusätzlich wirkt sich die Korrelation der Selektionskriterien zwischen verwandten Kandidaten auf den Vergleich aus, da dieser Effekt in der deterministischen Simulation nicht berücksichtigt wurde.

In Abbildung 6.9 sind die additiv-genetischen Varianzen zwischen den eingesetzten Ebern und Sauen über die Zeit aufgetragen. Dabei handelt es sich um Eber, die uneingeschränkt an die Zuchtsauenpopulation angepaart werden und somit im Halbgeschwisterdesign die 2. bzw. im Nachkommendesign die 3. Selektionsstufe erfolgreich bestanden haben. Die Varianz zwischen eingesetzten Ebern sinkt in den Nachkommendesigns nach den ersten Zyklen wesentlich stärker als im HSD. Nach etwa 10 Zyklen wird ein Gleichgewicht erreicht, um das die Varianzen anschließend geringfügig fluktuieren. Die Reduktion der additiv-genetischen Varianz beträgt im Durchschnitt bis zu 70 % im NKD₁, etwa 60 % im NKD₂ und 40-50 % im HSD. Die Varianz zwischen Sauen verringert sich mit 30-40 % weniger stark, wobei wiederum das NKD₁ niedrigere Werte aufweist als die beiden anderen Varianten. Die stärkere Reduktion bei den Nachkommendesigns ist durch die höhere Genauigkeit und die schärfere Selektion auf der dritten Stufe zu erklären. Der Verlauf der Varianzen über die Zeit und die Unterschiede zwischen den Designs stimmen sehr gut mit der Theorie überein (Falconer und Mackay, 1996, S. 201). In der Konsequenz ist die nutzbare Varianz für die Selektion stark reduziert. Dies gilt insbesondere für die ersten beiden Selektionsstufen, wo wegen der Halb- und Vollgeschwisterinformation

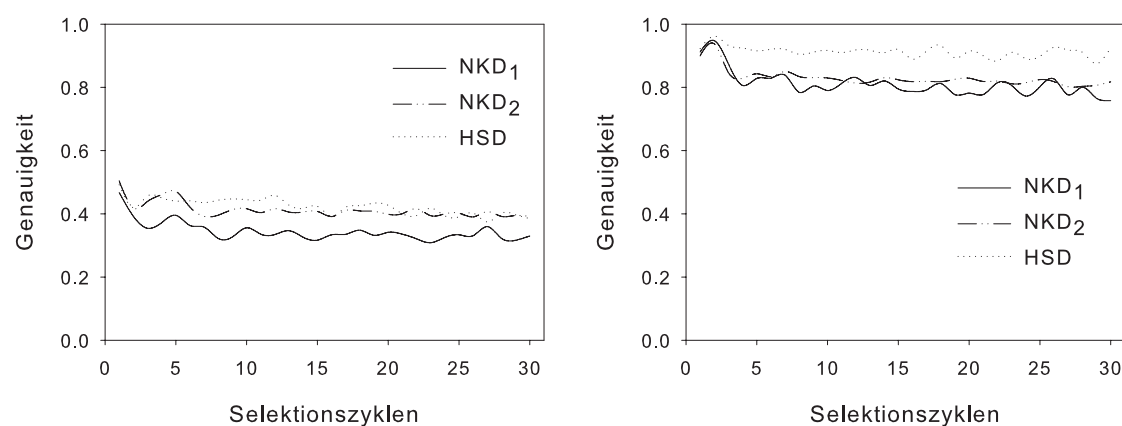
Abbildung 6.9: Additiv-genetische Varianz zwischen eingesetzten Ebern (links) und Sauen (rechts) in Prozent des Anfangswertes



vorwiegend die Varianz der Eber und Sauen ausgenutzt wird. Dadurch wird das HSD besonders stark benachteiligt, weil auf der 3. Stufe kaum noch oder gar nicht mehr selektiert wird. Dies ist auch der Grund für die größere Differenz zwischen stochastischer und deterministischer Simulation im Halbgeschwisterdesign im Vergleich zu den Nachkommendesigns.

Die veränderten Momente der Zuchtwertverteilungen bewirken eine Verringerung der Korre-

Abbildung 6.10: Korrelation zwischen dem Gesamtzuchtwert und dem Selektionskriterium auf der 2. (links) bzw. der 3. Stufe (rechts) der Eber



lation zwischen dem Gesamtzuchtwert und den Selektionskriterien. Ähnlich wie bei den Varianzen ist die Reduktion bei den Nachkommendesigns zu Beginn stärker und bereits nach wenigen Zyklen stellt sich ein Gleichgewicht ein (Abb. 6.10). Die Verringerung der Genauigkeit der Selektion ist in den Nachkommendesigns erkennbar größer und sinkt um bis zu 10 %. Dabei stimmen die Genauigkeiten in den ersten Zyklen gut mit den Werten in der deterministischen Simulation überein.

Die additiv-genetische Varianz wird nicht nur durch den Bulmer-Effekt reduziert, sondern langfristig auch durch den Inzuchtzuwachs. Dadurch sinkt der Anteil der Heterozygoten in der Population und damit die additiv-genetische Varianz innerhalb Familien. Dies wirkt sich in nachfolgenden Generationen auf die gesamte additiv-genetische Varianz aus. Der geeignete Parameter zur Beschreibung der jährlichen Inzuchtsteigerung und zum Vergleich von Designvarianten ist die Jahreseffektive Populationsgröße, die in der Tabelle 6.11 für die Nachkommendesigns dargestellt ist. Die Jahreseffektive Populationsgröße nimmt mit zunehmendem Sau:Eber-Verhältnis

Tabelle 6.14: Jahreseffektive Populationsgröße in den Nachkommendesigns

NKD ₁						NKD ₂					
Einsatzlänge		Sau:Eber-Verhältnis				Einsatzlänge		Sau:Eber-Verhältnis			
Zykluen		50	25	12,5	6,25	Zykluen		50	25	12,5	6,25
	1	33,7	41,7	72,1	111,4		1	25,1	37,1	63,4	78,1
	2	20,9	32,1	39,5	59,4		2	21,5	27,5	46,9	55,8
	4	16,8	22,5	37,6	55,8		4	20,9	26,3	43,2	50,2
s.e.(N _a) = 2-7						s.e.(N _a) = 2-5					

und zunehmender Einsatzdauer, also mit steigender Selektionsintensität, ab. Man würde nun erwarten, dass die Jahreseffektive Populationsgröße im NKD₂ kleiner ist als im NKD₁, da das Generationsintervall im NKD₂ niedriger ist. Dies trifft allerdings nicht immer zu, weil die Anzahl der Eltern, die zur nächsten Generation beitragen, im NKD₂ höher ist. Es sind dies die Jungsauen und Prüfeber mit ihren erfolgreichen Nachkommen. Die Jahreseffektiven Populationsgrößen liegen im HSD in einem engen Bereich zwischen 17 bis 20 Tieren. Beim Vergleich mit den Nachkommendesigns ist allerdings die schärfere Selektion auf der 2. Stufe zu beachten, wo die Gefahr verwandte Tiere zu selektieren wesentlich größer ist als auf der 3. Stufe. Eine vergleichbar niedrige Jahreseffektive Populationsgröße wird nur bei einer sehr scharfen Selektion in den Nachkommendesigns erreicht. Ist die Anzahl der Prüfeber hingegen größer, dann steigt die Jahreseffektive Populationsgröße auch im Halbgeschwisterdesign. Zum Beispiel wird bei 32 Prüfebern eine Jahreseffektive Populationsgröße von knapp 60 Tieren erzielt. Die kleineren Werte im HSD sind aber auch auf niedrigere Generationsintervalle zurückzuführen.

Abschließend sind in der Tabelle 6.15 die Ergebnisse der Monte Carlo Simulation mit dem neuen Zuchtziel für Vatterassen dargestellt. Die ökonomischen Gewichte der Mastleistungs-, Schlachtkörper- und Fleischbeschaffenheitsmerkmale entsprechen denen, die in Kapitel 2 empfohlen wurden. Die Austauschrate von Jungsauen beträgt in diesen Designvarianten 50 % und das Sau:Eber-Verhältnis 12,5. Der ökonomische Zuchtfortschritt pro Jahr ist im Vergleich zur deterministischen Simulation wesentlich niedriger und die Rangierung der Prüfdesigns hat sich geändert. Zwar ist das NKD₁ den beiden anderen auch weiterhin unterlegen, jedoch ist das NKD₂ um 1 % besser als das HSD. Insgesamt sind die Differenzen zwischen den Hauptvarianten geringer als in der deterministischen Simulation, jedoch konnten die Unterschiede des NKD₁ zu den beiden anderen Designs mit einem Permutationstest signifikant nachgewiesen werden. Dieses Ergebnis bestätigt die in der Diskussion zur deterministischen Simulation geäußerten Bedenken einer Vernachlässigung der quantitativ-genetischen Prozesse bei Selektion. Zu berücksichtigen ist aber auch, dass in der Monte Carlo Simulation eine vierfach kleinere Popu-

Tabelle 6.15: Ökonomischer Zuchtfortschritt pro Jahr ($\Delta H/\Delta t$) in Euro, Jahreseffektive Populationsgröße und durchschnittliches Generationsintervall in den drei Hauptvarianten

	NKD ₁	NKD ₂	HSD
$\Delta H/\Delta t$, Euro	1,30	1,47	1,45
N_a	50	54	34
$\Delta \bar{t}$	2,49	1,80	1,56

s.e.($\Delta H/\Delta t$) = 0,02-0,04; s.e.(N_a) = 2-4

lation modelliert wurde als im deterministischen Verfahren. Die geringere Anzahl der Kandidaten führt zu einer niedrigeren Selektionsintensität und damit zu einem geringeren Zuchterfolg gegenüber den Modellkalkulationen. Dennoch sollten die Ergebnisse der Monte Carlo Simulation zum Vergleich mit dem realisierten Zuchtfortschritt in der bayerischen Piétrain-Population bevorzugt herangezogen werden, weil die Ergebnisse der Modellkalkulationen deutlich überschätzt sind. Trotzdem können mit den gewonnenen Erkenntnissen aus der deterministischen Simulation wertvolle Empfehlungen zur Verbesserung der Zuchtpraxis gegeben werden.

Erfreulicherweise ist nicht nur der jährliche Zuchtfortschritt, sondern auch die Jahreseffektive Populationsgröße im NKD₂ am höchsten. Die Ursache ist der hohe Jungsauenanteil von 50 %, so dass mehr Elterntiere zur nächsten Generation beitragen. Trotz kürzerem Generationsintervall wirkt sich ein hoher Anteil nachkommegeprüfter Jungsauen daher sowohl positiv auf den genetischen Fortschritt als auch die Jahreseffektive Populationsgröße aus. Im Übrigen kann dieser Effekt auch beim Halbgeschwisterdesign festgestellt werden, in dem die Jahreseffektive Populationsgröße mit 34 Tieren höher ist als gegenüber den 17-20 Tieren in den Designs mit 25 % Jungsauenanteil.

Kapitel 7

Allgemeine Diskussion

Das Ziel dieser Arbeit sind Untersuchungen zur Verbesserung der Wettbewerbsfähigkeit der bayerischen Schweineproduktion durch die Optimierung des Zuchtprogramms bei der Vater rasse Piétrain. Die Aufgabe der Vatterassenzüchter ist es, Eber zu produzieren, deren Kreuzungsnachkommen den Anforderungen der Produzenten, Vermarkter und Konsumenten von Schweinefleisch gerecht werden. Für die Züchter bedeutet dies Genotypen zu selektieren, die unter den kommerziellen Produktionsbedingungen die höchsten phänotypischen Leistungen in den ökonomisch relevanten Merkmalen erzielen. Zur Bestimmung dieser Merkmale und ihrer wirtschaftlichen Bedeutung wurden als erstes ökonomische Gewichte für Mastleistungs-, Schlachtkörper- und Fleischbeschaffenheitsmerkmale abgeleitet. Ausgehend von einer gesamtwirtschaftlichen Betrachtungsweise, die alle Marktteilnehmer einbezieht, führten die Ergebnisse zu den folgenden Schlussfolgerungen: Die bayerische Schweinezucht sollte auch in Zukunft Magerfleisch betonen. Allerdings sollte dem intramuskulären Fettgehalt, als Merkmal der Genußqualität des Fleisches, eine neue, größere Bedeutung zukommen. Zwar wird den Züchtern und Produzenten eine Verbesserung der Fleischbeschaffenheitsmerkmale nicht direkt bezahlt, jedoch beeinflussen sie in hohem Maße die Vorliebe des Verbrauchers für Schweinefleisch und damit langfristig den gesamten Produktionsumfang. Die geschätzte genetische Korrelation zwischen dem Magerfleischanteil und dem intramuskulären Fettgehalt von $-0,2$ ist für eine Indexselektion nicht allzu ungünstig. Von Vorteil ist ebenso eine unerwartet niedrige genetische Korrelation zwischen dem intramuskulären Fettgehalt und der Rückenspeckdicke von $0,3$, so dass unter diesem Zuchtziel keine Verfettung der Mastschweine zu befürchten ist. Dagegen ist der ökonomische Gewinn aus einer Zucht auf die Mastleistungsmerkmale tägliche Zunahmen und Futterverwertung im Vergleich zum Magerfleischanteil im Moment wesentlich niedriger einzustufen. Der pH_1 , der sich hinsichtlich der PSE-Problematik zwar schon jetzt in einem akzeptablen Bereich befindet, darf im Zuchtziel nicht fehlen, um negative Auswirkungen auf die Fleischbeschaffenheit zu vermeiden.

Durch die ökonomische Gewichtung der geschätzten Zuchtwerte der Einzelmerkmale und die Aggregation zum Gesamtzuchtwert erhält man ein Kriterium zur Rangierung von Selektionskandidaten, das die Züchtung an eine effiziente Tierproduktion bindet. Da primär die Leistungen der Mastendprodukte verbessert werden sollen, enthält das Zuchtziel für Vatterassen ausschließlich die Zuchtwerte für Kreuzungsleistung.

Die Grundlage zur Schätzung von Zuchtwerten bildet die Leistungserhebung bei den Selektionskandidaten und ihren Verwandten. In einem Zuchtprogramm sind die Kosten und der Informationsgewinn für die Zuchtwertschätzung entscheidende Faktoren für die Wahl des effizientesten Prüfverfahrens. Wichtige Aspekte sind die Erfassbarkeit von Merkmalen des Zuchtziels

oder korrelierter Hilfsmerkmale, die Genauigkeit der Messung, die Erfassung systematischer Umwelteinflüsse sowie Genotyp-Umwelt-Interaktionen zwischen der Prüf- und Produktionsumwelt. In der Schweinezucht findet man üblicherweise die Eigenleistungsprüfung im Feld, die Eigenleistungsprüfung von Ebern auf Station, die Nachkommen- und Geschwisterprüfung auf Station sowie die gelenkte Nachkommenschaftsprüfung von Besamungsbern im Feld. Nachfolgend werden die Vor- und Nachteile der einzelnen Prüfverfahren kurz skizziert. Der Gentest als weitere Form der Leistungserhebung wird hier nicht besprochen, da er zur Zeit nur für Defektgene eine Rolle spielt.

Die **Eigenleistungsprüfung im Feld** ist, bezogen auf den monetären Prüfaufwand je Selektionskandidat, wohl die billigste Art der Leistungserhebung. Es werden die Lebenstagszunahme, die Ultraschallspeckdicke sowie Exterieurmerkmale erhoben und zur Schätzung des Gesamtzuchtwertes verwendet. Aufgrund der niedrigen genetischen Korrelationen zu den Merkmalen des Zuchtziels, insbesondere zu den Fleischbeschaffenheitsmerkmalen, ist der Informationsbeitrag zum Gesamtzuchtwert aber nur gering. So beträgt die genetische Korrelation zwischen der Lebenstagszunahme und den täglichen Zunahmen von Kreuzungstieren auf Station nach eigenen Parameterschätzungen nur 0,42. Die genetische Korrelation zwischen der Ultraschallspeckdicke und dem Magerfleischanteil ist mit -0,51 nicht viel höher. Busse (1985) schätzte zwischen Mast- und Schlachtleistungen von Reinzuchtstieren der Deutschen Herdbuchzucht niedrigere Korrelationen zwischen Feld und Station, während Schmutz (1995) und Von Felde (1996) etwas höhere Werte fanden. Diese genetischen Korrelationen werden von der Merkmalsdefinition, der genetischen Korrelation zwischen Reinzucht- und Kreuzungsleistung sowie Eber*Herden-Interaktionen (Merks, 1989) beeinflusst. Außerdem muss beachtet werden, dass in den Zuchtbetrieben keine Mast, sondern Aufzucht betrieben wird, was ebenfalls zu den niedrigen genetischen Korrelationen beiträgt.

Die **Eigenleistungsprüfung von Ebern auf Station** wurde in Bayern von 1969 bis 1985 durchgeführt. Sie wurde jedoch eingestellt, weil die Zuchteber nach der Prüfung schwerwiegende Exterieurmängel aufweisen und diese Prüfungsform wegen hygienischer Bedenken weder von den Züchtern noch von den Besamungsstationen akzeptiert wird. Aus züchterischer Sicht bietet die Eigenleistungsprüfung von Ebern auf Station hingegen klare Vorteile. Wie in Kapitel 4 dargestellt, besitzen die Reinzuchtleistungen auf Station hohe genetische Korrelationen zu den Kreuzungsmerkmalen. Daher könnte die Information von den Mastleistungsmerkmalen im Vergleich zu einer Nachkommen- und Geschwisterprüfung wesentlich kostengünstiger erhoben werden. Darüber hinaus ist die Selektionsintensität bei gegebener Prüfkapazität viel höher. Für die Eigenleistungsprüfung gilt aber allgemein, dass physikalische und sensorische Fleischbeschaffenheitsmerkmale nicht gemessen werden, was den informativen Wert für den Gesamtzuchtwert erheblich mindert. Eine Biopsie dürfte dem Konsumenten, der zunehmenden Wert auf ethische Aspekte legt, nicht vermittelbar sein. Die Eigenleistungsprüfung von Jungebern auf Station wird in Bayern aber immer wieder diskutiert. Solange sich aber keine gravierenden Änderungen für die Züchtung ergeben (z.B. Tierzuchtgesetz), wird diese Prüfungsform mittelfristig kaum akzeptiert werden. In Frankreich wurde die stationäre Prüfung der Jungeber jedenfalls erfolgreich mit der Nachkommen- und Geschwisterprüfung auf Station kombiniert (Götz, 2004).

Die Prüfkapazität auf Station wird in Bayern ausschließlich zur **Nachkommen- und Geschwisterprüfung** genutzt. Die Merkmale des Zuchtziels, einschließlich der Fleischqualitätsmerkmale, werden unter standardisierten Bedingungen an Reinzucht- und Kreuzungstieren erhoben.

Daher werden im Vergleich zu den Feldprüfungen höhere Erblichkeiten bei den gemessenen Merkmalen erzielt. Die Nachkommen- und Geschwisterprüfung auf Station liefert damit zwar den höchsten Informationsbeitrag für das Selektionskriterium, sie weist jedoch einige nicht unbedeutende Nachteile auf. So ist das Generationsintervall gegenüber einer Eigenleistungsprüfung höher, die Selektionsintensität niedriger und die Kosten je Selektionskandidat viel größer.

Alle bisher genannten Prüfungsformen in der Zuchtstufe oder auf Station weisen die Gefahr von Genotyp-Umwelt-Interaktionen auf. Sie haben zur Folge, dass sich die Rangierung der Kandidaten unter kommerziellen Mastbedingungen von der Rangierung unter Prüfbedingungen unterscheidet. Dies kann den Wert der Information stark reduzieren. Die Übertragung des kalkulierten Zuchtfortschritts in die Praxis ist dann nicht mehr gewährleistet. In der Literaturübersicht von Webb und Curran (1986) werden die Haltungsform, Gruppengröße, Fütterung, Wurfnummer, Geschlecht, Grad der Umweltkontrolle und die Länge des Testabschnitts als die wesentlichen Ursachen für Genotyp-Umwelt-Interaktionen genannt. Merks (1989) schätzte die genetischen Korrelationen zwischen Leistungen auf verschiedenen Stufen des Zuchtprogramms. An Schweinen der holländischen Population schätzte er dabei auch die genetische Korrelation zwischen Station und kommerzieller Mast. Für die täglichen Zunahmen ergaben sich keine klaren genetischen Beziehungen ($-0,48 - 0,17$), während bei den Schlachtkörpermerkmalen genetische Korrelationen von 0,57 bis 0,64 geschätzt wurden. Für den Schweinezuchtverband Nord-West ermittelten Tholen u. a. (1997) eine negative genetische Korrelation von $-0,29$ zwischen den täglichen Zunahmen von Reinzuchttieren auf Station und der Nettozunahme von feldgeprüften Kreuzungsnachkommen. Die genetische Korrelation zwischen dem geschätzten Fleischanteil auf Station und dem FOM-Fleischanteil im Feld wurde dagegen mit 0,67 viel höher geschätzt. Im Gegensatz dazu fanden Trappmann und Kirstgen (1995) in der westfälischen Schweinepopulation deutlich höhere genetische Korrelationen zwischen Station und Produktionsstufe. Sie schätzten 0,6 für die Nettozunahme und 0,9 für den Magerfleischanteil. Die hohen genetischen Korrelationen von Fleischanteilsmerkmalen konnten Tholen u. a. (2001) an Auto-FOM Daten aus der Stationsprüfung und der Produktion mit Werten über 0,8 bestätigen.

Angesicht der hohen Kosten einer Stationsprüfung und möglicher Genotyp-Umwelt-Interaktionen wird seit vielen Jahren über die Vor- und Nachteile einer gelenkten Nachkommenschaftsprüfung von Besamungssebern im Feld diskutiert. Die Nachkommen sind Kreuzungstiere, die in der kommerziellen Produktionsumwelt aufgezogen, gemästet und geschlachtet werden. Dies erfordert ein hohes Maß an Organisation von der Anpaarung der Eber bis zur Leistungserhebung am Schlachtband. Dabei bereitet vor allem die Identifikation der Tiere auf den verschiedenen Produktionsstufen große Schwierigkeiten. Die Kosten einer gelenkten Feldprüfung sind aus diesen Gründen nicht zu unterschätzen. Zwar entgeht man dem Risiko von Genotyp-Umwelt-Interaktionen zwischen Station und Praxis, jedoch kann auch die Produktionsumwelt sehr heterogen sein. So können Genotyp*Herden-Interaktionen auftreten, die zu einer unterschiedlichen Rangierung der Eber in den Produktionsbetrieben führen können. Solche Interaktionen wurden von Tholen u. a. (1997) nachgewiesen und dürften maßgeblich auf die hygienischen Umweltbedingungen zurückzuführen sein. Folglich ist das Ergebnis einer gelenkten Feldprüfung im Idealfall ein Genotyp, der über viele Betriebe hinweg am besten ist. Dieser Genotyp stellt sozusagen nur eine allgemeine Produktionseignung dar und ist für keinen speziellen Produktionstyp optimal. Je homogener die Produktionsumwelt jedoch ist, desto besser sollte dieser Genotyp für den einzelnen Produktionstyp sein. Damit schwindet aber auch der Vorteil der gelenkten Feldprüfung gegenüber einer Stationsprüfung, wobei die Feldprüfung ohnehin gravierende Nachteile besitzt. Einerseits kann die Futterverwertung nicht erhoben werden und andererseits ist

die Heritabilität der Leistungen im Feld wegen der unkontrollierbaren Umwelteffekte niedriger. Zudem wird der Informationsgewinn aus einer Feldprüfung oftmals überschätzt, weil zwischen den Wurfgeschwistern in Kreuzung eine relativ hohe genetische- und umweltbedingte Korrelation besteht (Vatermodell für Kreuzungsleistungen, s. Kapitel 4). Zu beachten ist auch, dass möglicherweise Reinzuchttiere aus der Zuchtstufe einbezogen werden müssten, um wichtige Informationen über die Muttersauen zu erhalten. Götz (2004) kommt zu dem Schluß, dass die gelenkte Feldprüfung die stationäre Prüfung nicht ersetzen kann, sondern allenfalls eine sinnvolle Ergänzung ist, um dem Ferkelerzeuger objektive Entscheidungsgrundlagen zu liefern. In Deutschland wird die gelenkte Feldprüfung bereits für die westfälische und sächsische Vaterassenpopulation durchgeführt. In der Schweiz wird diese Prüfungsform neben der Stationsprüfung gerade etabliert.

Zur Vermeidung von Genotyp-Umwelt-Interaktionen zwischen Station und Produktionsstufe ist die fortlaufende Anpassung der Prüfumwelt an die sich ändernden Produktionsbedingungen notwendig. Zwar ist die Produktionsumwelt in Bayern vielfältig, jedoch zeigen sich in den Mastverfahren langfristige Tendenzen (LKV, 2004). So werden knapp 90 % aller Mastschweine bei einem mittleren Platzangebot von $0,72 \text{ m}^2/\text{Tier}$ und einer durchschnittlichen Gruppengröße von 14,5 Tieren je Bucht auf Vollspaltenboden gehalten. Die Alternative wäre Teilspaltenboden, auf dem in Bayern aber nur 7 % der Tiere gemästet werden. Die Flüssig- und Naßfütterung sind die bedeutendsten Fütterungstechniken, bei einem zunehmenden Anteil mehrstufiger Regime. Zukünftig werden wohl auch in Bayern noch größere Gruppen zu finden sein, wie beispielsweise schon heute in der norddeutschen Schweineproduktion. Am Futtertrog treten durch Hunger und Futterneid Rangkämpfe um das Futter auf, weshalb das Tier zu Fressplatz-Verhältnis eine entscheidende Größe zur Erzeugung einer homogenen Mastgruppe darstellt. Bei zu weitem Verhältnis entsteht eine Konkurrenzsituation, die Einfluss auf das Fressverhalten und damit auf die Futteraufnahme der Tiere nimmt (Fraser, 1984; Gonyou, 1999; Sambras, 1978). Infolgedessen können auch andere Leistungsmerkmale beeinflusst werden. Das Mastendgewicht ist seit Anfang der 90er Jahre von 105 kg auf 116 kg in 2004 gestiegen (LKV, 2004). Daraus kann geschlossen werden, dass in der Praxis spätreife Mastschweine, d.h. Schweine mit hohem Muskelansatzvermögen und spätem Fettansatz, gefragt sind. Aufgrund dieser eher homogenen denn heterogenen Produktionsumwelt, verliert das wesentliche Argument für eine gelenkte Feldprüfung, nämlich die Vermeidung von Genotyp-Umwelt-Interaktionen, an Bedeutung. Die grundsätzliche Schwierigkeit bei der Anpassung der Stationsprüfung an die kommerziellen Mastverfahren ist allerdings, dass die Praxis zeitlich immer vorausseilen wird. Da die Züchtung aber nur mittel- bis langfristig einen Zuchterfolg erzielen kann, müssten die zukünftigen Produktionsbedingungen schon heute bekannt sein. Letzteres gilt natürlich sowohl für die Leistungsprüfung auf Station als auch die gelenkte Feldprüfung.

Das Prüfverfahren in Großbuchten auf Station entspricht mit Gruppengröße, Platzangebot und Bodenbelag den aktuellen Vorgaben aus der Praxis. Höhere Mastendgewichte sind damit zur Vermeidung von Genotyp*Mastendgewicht-Interaktionen zukünftig möglich. Größere Unterschiede sind jedoch bei der Fütterungstechnik und dem Fütterungsregime zu finden. Die Futteraufnahme wird auf Station aus messtechnischen Gründen tierindividuell mit Abrufautomaten erfasst. Eine gleichzeitige Futteraufnahme der Prüftiere kann dadurch nicht stattfinden, so dass viele Verhaltensinteraktionen zwischen den Buchtgefährten verloren gehen. Bisher sind keine Arbeiten bekannt, welche die Genotyp-Umwelt-Interaktionen zwischen der Prüfung in Großbuchten auf Station und der Mast im Feld untersucht haben. Dies wäre vor dem Umbau der Stallungen unbedingt notwendig gewesen, da nicht klar ist, ob das neue Prüfverfahren eine hö-

here genetische Korrelation zur Praxis hat als das alte in 2er-Buchten.

Die Ergebnisse aus der Untersuchung zum Vergleich des alten und neuen Haltungssystems auf Station haben sowohl phänotypische als auch genetische Unterschiede gezeigt. Das Wachstumsniveau ist in Großbuchten um etwa 30 g/Tag niedriger als in 2er-Buchten, während der Fleischanteil um knapp 1 % höher ist. Die Parameterschätzung ergab zwar sehr hohe bis vollständige genetische Korrelationen für die Fleischqualitätsmerkmale, jedoch relativ niedrige für die Mastleistungsmerkmale. Für die täglichen Zunahmen wurde eine genetische Korrelation von 0,5 und für die Futterverwertung von 0,7 geschätzt. Diese niedrigen Korrelationen können auch als Genotyp-Umwelt-Interaktionen betrachtet werden, die bei Verwendung des Gesamtzuchtwertes zu erheblichen Rangverschiebungen führen werden. Die genetischen Korrelationen zwischen den Fleischanteilsmerkmalen und der Futterverwertung sind höher als in 2er-Buchten, der Antagonismus zwischen den täglichen Zunahmen und den Fleischanteilsmerkmalen ist kleiner und die günstige Korrelation zwischen den beiden Mastleistungsmerkmalen geringer. Dies weist auf eine stärkere Nutzung der Futterenergie für den Muskelansatz hin. Damit werden die Fleischanteilsmerkmale und die Futterverwertung unter dem gegenwärtigen Zuchtziel stärker betont als mit den Leistungen aus 2er-Buchten. Dadurch könnte sich die Gefahr einer Selbststratification der Mastschweine erhöhen (Brandt, 1987; Kanis, 1990; Krieter, 1986). Deshalb wird ein Monitoring der Futteraufnahme in Zukunft noch wichtiger. Die tierindividuelle Messung der Futteraufnahme über die Mast bietet hierfür Vorteile. Random Regression Modelle zur Beschreibung von Futteraufnahmekurven wurden bereits untersucht (Bermejo, 2002; Schnyder u. a., 1999; Schulze u. a., 2002).

Aus den phänotypischen und genetischen Ergebnissen kann geschlossen werden, dass sich die Mastschweine in Großbuchten langsamer entwickeln als in 2er-Buchten. Allerdings beziehen sich die Ergebnisse auf den für die Station üblichen Mastabschnitt zwischen 30 und 105 kg. Der 5. Bayerische Stichprobentest und einige Literaturstellen, wie De Haer (1992), Labroue u. a. (1994) und Von Felde (1996), geben Hinweise, dass die genetischen Zusammenhänge bei höherem Mastendgewicht anders sind. Diese Untersuchungen ergaben ein höheres Wachstumsniveau und einen niedrigeren Magerfleischanteil von Tieren in Großbuchten im Vergleich zu Tieren in Einzelhaltung. Die Unterschiede zwischen dem alten und neuen Aufstallungssystem sind in dieser Arbeit wohl im wesentlichen auf das Fressverhalten zurückzuführen. Es wird vermutet, dass zu Mastbeginn eine Konkurrenz um den Platz am Futterautomaten entsteht, die zu einer geringeren Futteraufnahme führt als in 2er-Buchten. Die Futteraufnahme ist zu Mastbeginn allerdings noch so gering, dass die Futtermenge in späteren Mastabschnitten, bei höherer Fressgeschwindigkeit und Futteraufnahme, ausgeglichen werden kann. Möglicherweise kommt es bei einem höheren Mastendgewicht sogar zu einem kompensatorischen Wachstum. Darauf weist der 5. Bayerische Stichprobentest hin, in dem bei einem durchschnittlichen Mastendgewicht von 117 kg höhere tägliche Zunahmen erzielt wurden als in 2er-Buchten zwischen 30 und 105 kg. Man bedenke, dass das Wachstumsniveau am Ende der Mast sinken sollte (Kirchgesner, 1997).

Eine langsamere Entwicklung der Mastschweine in Großbuchten im Vergleich zu den 2er-Buchten hat zur Folge, dass noch weniger Information über die späte Mastphase, in der die Tiere zur Verfettung neigen, erhoben wird als bisher. Deshalb erscheint die Erhöhung des Mastendgewichts auf praxisübliche Werte dringlicher denn je. Ein höheres Mastendgewicht würde die Prüfung um etwa 14 Tage verlängern, was die Prüfkapazität auf Station um etwa 10-15 % reduzieren würde. Desweiteren sollte untersucht werden, ob Genotyp-Geschlecht-Interaktionen

existieren. Diese wurden in anderen Schweinepopulationen bereits von Roberts und Curran (1986), Sellier u. a. (1985) und Merks (1989) nachgewiesen. Die Aufstallung von Kastraten in der Kreuzungsprüfung sollte keine Probleme bereiten.

Für weitere Planungsrechnungen zum optimalen Prüfdesign sollten genetische Populationsparameter zwischen Station und Produktionsstufe geschätzt werden. Ohne diese Parameter sind keine verlässlichen Aussagen darüber möglich, ob die Nachkommen- und Geschwisterprüfung auf Station einer gelenkten Feldprüfung von Besamungsebern in der Produktion wirklich überlegen ist.

Optimierung der Leistungsprüfung und Zuchtpraxis

Die ersten Schritte zur Optimierung der Leistungsprüfung und Zuchtpraxis wurden bereits mit der Ableitung aktueller ökonomischer Gewichte unternommen. Es folgte die notwendige Weiterentwicklung der Zuchtwertschätzung für Vaterrassen, in der nun die Leistungsdaten von Reinzucht- und Kreuzungstieren auf Station sowie von Kreuzungstieren des alten und neuen Haltungssystems bestmöglich gewichtet werden. Die Weiterentwicklung war notwendig, weil Reinzucht- und Kreuzungsleistungen bisher mit zwei unabhängigen Zuchtwertschätzungen ausgewertet wurden. Dies hatte zur Konsequenz, dass viele Natursprungeber und Zuchtsauen keinen Zuchtwert für Kreuzungsleistung besaßen und viele Besamungseber keinen Zuchtwert für Reinzuchtleistung. Die Anpaarung von Besamungsebern in der Zuchtstufe war dadurch unsicher, weshalb die Zuchtsauen überwiegend mit Natursprungebern verpaart wurden. Die Zuchtwerte der Natursprungeber werden aber im Vergleich zu den Besamungsebern wesentlich ungenauer geschätzt, was sich nachteilig auf den Zuchtfortschritt auswirkt. Zudem kehrte sich das Verhältnis von Reinzucht- zu Kreuzungsprüfung auf Station in den letzten 10 bis 15 Jahren durch den gestiegenen Bedarf an geprüften Besamungsebern um. Das aktuelle Verhältnis beträgt nun 20 % Reinzucht- zu 80 % Kreuzungsprüfung. Folglich konnte ein Großteil der kostspieligen Leistungsinformation gar nicht oder nur ineffizient für Selektionsentscheidungen genutzt werden. Mit der Einführung der neuen Zuchtwertschätzung können die Zuchtwerte nun genauer geschätzt werden und erstmals besitzen alle Zuchttiere einen Zuchtwert für Kreuzungsleistung. Die gemeinsame Rangierung von Natursprung- und Besamungsebern sowie eine sichere Anpaarung von Besamungsebern in der Zuchtstufe ist damit möglich. Darüber hinaus eröffnet sowohl die Implementierung der neuen Zuchtwertschätzung als auch die Umrüstung des Haltungssystems von der Aufstallung in 2er-Buchten auf Großgruppen mit Abrufstation neue Möglichkeiten zur weiteren Optimierung des Zuchtprogramms in Bayern.

Die bayerische Vaterrassenpopulation umfasst zur Zeit ca. 1200 Piétrainsauen, die von etwa 40 aktiven Züchtern gehalten werden. Die Züchter produzieren Eber zum Verkauf an die Ferkelerzeuger und Besamungsstationen. Die Zuchtpraxis kann in idealisierter Form als eine Selektion in 3 Stufen abgebildet werden, in der die Leistungen aus der Nachkommen- und Geschwisterprüfung auf Station die bedeutendste Informationsquelle zur Zuchtwertschätzung darstellt. Die Natursprungeber und ein kleiner Teil der Besamungseber werden gleich nach der Eigenleistungsprüfung an die Zuchtsauen gepaart, so dass sie bereits Reinzuchtnachkommen besitzen, bevor die Nachkommenschaftsprüfung stattgefunden hat. Diese Eber tragen formal betrachtet zu einem Halbgeschwisterdesign bei. Demgegenüber stehen Besamungseber, die erst nach erfolgreicher Beendigung der Nachkommenschaftsprüfung in der Zuchtpopulation eingesetzt werden. Diese Eber sind einem Nachkommendesign zuzuordnen. Da die Zuchtsauen nun zu

35 % mit Natursprungebern und 65 % mit Besamungsebern verpaart werden, entsteht eine Mischung aus Halbgeschwister- und Nachkommendesign. Die Leistungsinformation auf Station wird einerseits zur Selektion nachkommegeprüfter Kandidaten genutzt und andererseits als Halb- und Vollgeschwisterinformation in der nächsten Generation, um eine nachträgliche Selektion von erfolgreich geprüften Natursprungebern und Zuchtsauen durchzuführen.

Schwachstellen der aktuellen Zuchtpraxis

Im diesem Abschnitt werden die wichtigsten Schwachstellen der aktuellen Zuchtpraxis besprochen.

- In den Zuchtbetrieben werden verschiedene Aufzuchtstrategien durchgeführt, die sich in unterschiedlichen Wachstumskurven widerspiegeln (Götz, 1996). Die Leistungen sind daher streng genommen als verschiedene Merkmale zu betrachten. Zudem sind die genetischen und umweltbedingten Betriebseffekte kaum zu trennen, da die genetische Verknüpfung der Zuchtbetriebe gering ist. Die Ursache ist, dass bislang vorwiegend Natursprungeber eingesetzt wurden, die fast ausschließlich innerhalb eines Betriebes angepaart werden. Aus diesen Gründen kann die Eigenleistung der Zuchttiere nur innerhalb der Betriebe verglichen werden. Im Hinblick auf die Selektionsintensität ist der Vergleich innerhalb der Betriebe äußerst ungünstig, weil nur wenige Zeitgefährten vorgestellt werden können und sich diese in Halb- und Vollgeschwistergruppen unterteilen. Die Verwandtschaft führt zu einer Korrelation zwischen dem geschätzten Selektionskriterium, wodurch die effektive Selektionsintensität z.T. drastisch verringert wird.
- Die Eigenleistungsprüfung im Feld wird bei einem durchschnittlichen Lebendgewicht der Jungeber von 155 kg durchgeführt. Das Prüfgewicht liegt somit etwa 40 kg über dem aktuellen Endgewicht in der kommerziellen Mast. Der informative Wert der Eigenleistung für den Gesamtzuchtwert ist dadurch reduziert.
- Die Piétrainsauen nehmen zwar an der Zuchtleistungsprüfung teil, die Lebenstagszunahme und die Ultraschallspeckdicke werden allerdings nicht erhoben. Die Ausnahme bilden wenige Sauen, die zum Verkauf anstehen und nach den Qualitätsanforderungen der Erzeugergemeinschaft und Züchtervereinigung für Zucht- und Hybridzuchtschweine in Bayern w. V. (EGZH) ultraschallgetestet sein müssen. Die meisten Jungsauen erscheinen somit auch nicht in der Zuchtwertschätzung für Eigenleistung im Feld, in der die Eigenleistungsinformation mit den Zuchtwerten der Eltern kombiniert wird. Zur Selektion der Jungsauen stehen daher nur die Zuchtwerte ihrer Eltern zur Verfügung. Neben einem geringeren Zuchtfortschritt könnte dies zu einer stärkeren Selektion verwandter Kandidaten in den Sauenpfaden und infolgedessen zu einem höheren Inzuchtzuwachs führen.
- Ein großer Nachteil gegenüber den zentral geführten Zuchtunternehmen wird bei der Analyse der genetischen Trends innerhalb der Zuchtbetriebe offensichtlich. Unterschiedliche genetische Trends in den Betrieben weisen auf verschiedene Zuchtziele hin. Eine Ursache ist sicherlich, dass neben dem Gesamtzuchtwert auch die Zuchtwerte in den Einzelmerkmalen zu Selektionsentscheidungen herangezogen werden. Bei der Befragung der Züchter stellte sich zudem heraus, dass nicht nur die Mastleistungs-, Schlachtkörper- und Fleischbeschaffenheitsmerkmale des aktuellen Zuchtziels von Bedeutung sind, sondern auch Exterieurmerkmale, die Wurfleistung der Sauen sowie die Spermaqualität und das Sprungverhalten der Eber. In einigen Betrieben wird sogar besonderer Wert auf das Aussehen der Zuchtschweine gelegt. Durch alle diese Merkmale geht Selektionsschärfe für

die wirtschaftlich bedeutenden Merkmale im Zuchtziel verloren. Abgesehen vom Aussehen der Schweine ist jedoch kritisch zu hinterfragen, welche ökonomische Relevanz diese zusätzlichen Merkmale für den einzelnen Züchter bzw. für die gesamte Schweineproduktion besitzen.

- Nach den Richtlinien des Bayerischen Staatsministeriums für Landwirtschaft und Forsten über Mindestleistung und Prüfung der Besamungseber benötigte ein Natursprungeber für ein vollständiges Prüfergebnis in der Vergangenheit mindestens 6 geprüfte Reinzuchtnachkommen, während ein Besamungseber mindestens 13 geprüfte Kreuzungsnachkommen haben musste. In Zukunft entscheidet aber nicht mehr die Zahl der geprüften Nachkommen, sondern die Genauigkeit der geschätzten Zuchtwerte. Die untere Grenze der Genauigkeit beträgt 45 % für Natursprungeber und 72 % für Besamungseber. Dies ändert jedoch nichts an dem grundsätzlichen Problem, dass die Zuchtwerte der Natursprungeber auch weiterhin viel ungenauer geschätzt werden als die der Besamungseber. Die geschätzten Zuchtwerte der Natursprungeber sind dadurch stärker zum Populationsmittel regressiert und besitzen eine geringere Varianz als die geschätzten Zuchtwerte der Besamungseber. Die neue Zuchtwertschätzung mit Hilfe von Reinzucht- und Kreuzungsleistungen ermöglicht zwar erstmals die gemeinsame Rangierung von Natursprung- und Besamungsebern, jedoch werden die Natursprungeber weniger in den Extremen zu finden sein als die Besamungseber. Ein Vergleich beider Ebergruppen wird daher kaum zustande kommen. Infolgedessen ist die Selektionsintensität tatsächlich kleiner, als man aus der Anzahl der nachkommengeprüften Kandidaten erwarten würde. Die geprüften Natursprungeber können zwar untereinander verglichen werden, jedoch wird die Selektionsintensität auch weiterhin sehr niedrig bleiben. Einerseits, weil in einem Zuchtbetrieb nur wenige oder gar keine Zeitgefährten existieren und andererseits, weil eine Selektion über die Betriebe eher unwahrscheinlich ist, da der Züchter in die Prüfung des Ebers investiert hat und erfolgreich geprüfte Natursprungeber nicht verkaufen wird. Außerdem würden die Züchter wohl dazu neigen, einen gekauften Zuchteber lange einzusetzen, was das Generationsintervall verlängern würde.

Es entsteht damit die Situation, dass gut geprüfte Besamungseber in der Ferkelerzeugung eingesetzt werden, wo kein kumulativer Zuchtfortschritt erzielt wird, während Natursprungeber mit wesentlich geringerer Genauigkeit an die Zuchtpopulation gepaart werden. Aus züchterischer Sicht wird dadurch kostspielige Prüfkapazität vergeudet, da die Leistungsinformation nicht effizient zur Erzeugung eines nachhaltigen Zuchtfortschritts genutzt wird. Anscheinend wird mehr Wert auf die Vermarktung hochwertiger Besamungseber gelegt, als hochwertige Eber in der Zucht einzusetzen. Dieser Eindruck erhärtet sich bei der Betrachtung der Anforderungen, die in den Erzeugungs- und Qualitätsregeln der EGZH an Zuchteber gestellt werden. Demnach genügt bereits ein Körzuchtwert von 90 Punkten damit ein Eber zur Zucht zugelassen wird. Das bedeutet seltsamerweise, dass unterdurchschnittliche Eber in der Zucht eingesetzt werden dürfen. Dagegen liegen die Anforderungen für Besamungseber mit 110 Punkten im Körzuchtwert deutlich höher.

Der zunehmende Einsatz von Besamungsebern in den letzten Jahren ist aufgrund dieser Zusammenhänge positiv zu bewerten. Allerdings gibt es einige Zuchtbetriebe, die sehr stark oder ausschließlich Natursprungeber verwenden. Gerade diese Betriebe werden in Zukunft benachteiligt, weil in den überarbeiteten Richtlinien für Besamungseber auch eine Genauigkeitsgrenze für Muttersauen festgelegt wurde. So darf die Genauig-

keit des geschätzten Zuchtwertes 35 % nicht unterschreiten. Diese Grenze wird von den Nachkommen der Besamungseber leichter erreicht als von den Nachkommen der Natursprungeber. Die weiblichen Nachkommen von Natursprungebern können daher entweder keine Besamungseber hervorbringen oder es müssen unter Umständen mehr Reinzuchtnachkommen auf Station getestet werden.

- Die Jungsauen werden überwiegend mit geprüften Ebern verpaart. Die Information von Reinzuchtnachkommen auf Station wird daher kaum oder gar nicht zur Eberselektion verwendet. Es finden sich Natursprungeber mit bis zu 60 Reinzuchtnachkommen auf Station, so dass teure Prüfkapazität suboptimal genutzt wird.
- Das Sau:Eber-Verhältnis von 3-4:1 deutet auf eine niedrige Selektionsschärfe hin. Das Anpaarungsverhältnis erscheint daher als eine Möglichkeit zur Steigerung des Zuchtfortschritts.
- Die aktuelle Zuchtpraxis entspricht einer Mischung aus einem Halbgeschwister- und einem Nachkommendesign. Das Halbgeschwisterdesign zeichnet sich zwar durch ein niedriges Generationsintervall aus, jedoch ist bei Zuchtreife nur wenig Halb- und Vollgeschwisterinformation vorhanden, weil die Eltern (Natursprungeber und Zuchtsauen) mit relativ wenigen Nachkommen geprüft werden. Dadurch ist dieses Halbgeschwisterdesign einem Nachkommendesign unterlegen. Das Nachkommendesign, in dem die Besamungseber erst nach einer erfolgreichen Nachkommenschaftsprüfung angepaart werden, zeigt zwar eine ausreichend hohe Genauigkeit und Selektionsschärfe bei den geprüften Ebern, allerdings ist das Generationsintervall um ein halbes Jahr höher. Beide Prüfdesigns haben daher Nachteile.

Optimierungsvorschläge und deren Umsetzbarkeit

Die Eigenleistungsprüfung im Feld sollte zu einem früheren Zeitpunkt als bisher durchgeführt werden, um das Prüfungsgewicht der Zuchttiere dem praxisüblichen Mastendgewicht von 115 bis 120 kg Lebendgewicht anzupassen. Die genetischen Korrelationen zwischen den Eigenleistungsmerkmalen und den Merkmalen des Zuchtziels würden dadurch sicherlich steigen. In Frankreich und der Schweiz wird die Eigenleistungsprüfung im Feld bei einem Lebendgewicht von etwa 100 kg durchgeführt. Nach mündlichen Mitteilungen von J.-P. Bidanel bzw. A. Hofer werden damit recht hohe genetische Korrelationen von 0,7 bis 0,9 bei den täglichen Zunahmen und dem Fleischanteil zwischen Feld und Station erzielt. Desweiteren könnten die Besamungseber durch eine frühzeitigere Eigenleistungsprüfung im Feld früher in den Testeinsatz gehen, wodurch das Generationsintervall verkürzt werden könnte. Dies würde sich vor allem in einem Nachkommendesign positiv auf den Zuchtfortschritt auswirken. Es sollten vor allem nicht nur die Jungeber, sondern auch die Jungsauen getestet werden. Zu diesem Ergebnis kamen auch Niebel und Fewson (1979b).

Ein stärkerer Vergleich der Jungeber und -sauen über die Betriebe hinweg ist anzustreben. Dazu muss aber vor allem die genetische Verknüpfung zwischen den Betrieben verbessert werden, um genetische und umweltbedingte Betriebseffekte trennen zu können. Dies ist ein Grund, warum der Anteil der Besamungseber in der Zucht weiter erhöht werden sollte. Darüber hinaus wäre es wünschenswert die Aufzuchtbedingungen in den Zuchtbetrieben zu harmonisieren, damit die Leistungen aus verschiedenen Betrieben vergleichbarer werden. Bei der Vielzahl von Züchtern erscheint dies jedoch illusorisch. Ein stärkerer Vergleich der Zuchttiere auf Märkten verbessert

die Situation keinesfalls. Der Auftrieb der Eber auf Märkten ist aber ohnehin rückläufig, weil besonders die Besamungsstationen hygienische Risiken vermeiden wollen. Außerdem steht eine Reduzierung des Prüfgewichts bei Jung-ebren im Gegensatz zum Marktverkauf. Eber, die auf dem Markt vorgestellt werden, müssen schwerer sein, um ein besseres Bild beim Käufer abzugeben. Die Eber werden von den Züchtern deshalb besonders stark angefüttert, was für den Vergleich von Ebern abträglich ist. Eine Möglichkeit, die Zuchttiere über Betriebe zu rangieren und Märkte zu umgehen, ist die Veröffentlichung der Zuchtwerte. Das Internet wäre dafür besonders geeignet, da die Zuchtwerte nicht nur allen Züchtern, sondern auch den Ferkelerzeugern und Besamungsstationen zugänglich wären. Die Selektion von Jungsauen könnte dadurch ebenfalls an Schärfe gewinnen. Nicht zu vergessen sind die positiven Effekte auf die Jahreseffektive Populationsgröße. Die Kombination der Leistungen aus der Eigenleistungs- und Stationsprüfung in eine Zuchtwertschätzung sollte zudem angestrebt werden.

Die Untersuchungen zur Modellierung von Leistungen in Großgruppen mit Abrufstation haben gezeigt, dass mit der Umstellung des Haltungssystems auch neue Anforderungen an die Aufstallung der Prüftiere entstehen, um eine informative Datenstruktur zu erzielen. Es ist unbedingt zu beachten, die Nachkommen der Vater- und Mutterassen sowie die Nachkommen eines Ebers in verschiedene Buchten aufzustallen. Andernfalls wird die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung stark verringert. Die Aufstallung von Tieren verschiedener Rassen in eine Bucht würde die Anzahl der Vergleichstiere zur Schätzung des Buchteffektes verkleinern, da die Zuchtwertschätzungen von Vater- und Mutterassen getrennt sind. Dies reduziert einerseits die Genauigkeit der geschätzten Buchteffekte und andererseits die Genauigkeit der Eberzuchtwerte, weil weniger Ebervergleiche innerhalb einer Bucht möglich sind. Die Trennung von Halb- und Vollgeschwistern ist aus demselben Grund sehr wichtig. Das aktuelle Datenmaterial aus Großbuchten weist in diesen Punkten noch erhebliche Defizite auf, weshalb der Effekt Bucht*Datum als zufällig definiert werden musste, obwohl signifikante Differenzen zwischen den Buchten nachgewiesen werden konnten. Die Modellierung des Buchteffektes ist daher ein Kompromiss aus einer möglichen Verzerrung und einem Genauigkeitsgewinn der geschätzten Zuchtwerte. Die Kreuzungsleistungen wurden mit einem zufälligen Betriebseffekt modelliert. Ähnlich wie der Buchteffekt ist die Definition als zufällig nur ein Kompromiss aus Verzerrung und Genauigkeit. Ein Betrieb-Jahr Effekt ist wichtig, weil die Eberzuchtwerte mit den genetischen Herdeneffekt vermischt sein können, was zu einer Verzerrung der Zuchtwerte führen kann (Vatermodell für Kreuzungsleistungen). Eine einfache Umgehung des Problems wäre, wenn jeder Kreuzungsnachkomme eines Besamungsebers aus einem anderen Betrieb stammen würde. Eine stärkere Koordinierung der Anpaarung von Besamungsebern und der Auswahl der Prüftiere könnte daher von Vorteil sein. Durch die sinkende Zahl der Ferkelerzeugerbetriebe, die an der Stationsprüfung teilnehmen, sollte eine genauere Schätzung von fixen Betrieb-Jahr-Effekten in Zukunft aber gelingen. Allerdings sollte auch beachtet werden, dass die Zahl der Betriebe nicht zu stark abnimmt, da man sonst Gefahr läuft keine repräsentative Stichprobe von Ferkelerzeugerbetrieben mehr zu bekommen. Genotyp-Umwelt-Interaktionen könnten die Folge sein.

In den Untersuchungen zur Parameterschätzung konnte der Einfluss des Halothan-Locus auf die Fleischqualitätsmerkmale nachgewiesen werden. Eine exakte Berücksichtigung dieses Effektes in der Zuchtwertschätzung ist nicht möglich, da die Genotypen der Prüftiere bekannt sein müssten. Eine Typisierung der Prüftiere ist jedoch zu teuer, so dass eine zügige Sanierung zur Verbesserung der Zuchtwertschätzung empfohlen wird.

Für die Leistungen in 2er-Buchten als auch in Großbuchten wurden heterogene Varianzen zwi-

schen den Leistungsprüfanstalten festgestellt. Diese werden nicht nur auf genetische Unterschiede zwischen den Zuchttieren in Nord- und Südbayern zurückgeführt, sondern auch stationsspezifischen Effekten zugeordnet. Ein weiterer Abgleich der Stationsprüfung in Grub und Schwarzenau ist daher dringend zu empfehlen, da die Leistungen in der Zuchtwertschätzung sonst nicht korrekt gewichtet werden können. Dies könnte sich über eine ungenauere Rangierung der Kandidaten auf den genetischen Fortschritt auswirken.

Eine Maßnahme zur Erhöhung der Genauigkeit der Zuchtwertschätzung mit Hilfe der Kreuzungsleistungen lässt sich aus den geschätzten Populationsparametern ableiten. Die Korrelation zwischen Wurfgeschwistern reduziert den informativen Wert von zwei Ferkel aus einem Wurf gegenüber zwei Ferkel von verschiedenen Produktionssauen. Deshalb sollte in der Kreuzungsprüfung zukünftig nur ein Ferkel je Wurf auf Station getestet werden. Ermöglicht wird dies durch die Umrüstung auf das neue Haltungsverfahren in Großgruppen mit Abrufstation, weil die Notwendigkeit entfällt, zwei Wurfgeschwister in eine 2er-Bucht aufzustallen. Die Umsetzbarkeit dieses Vorschlages gilt es zu überprüfen, denn ein zusätzlicher Aufwand bei der Abholung der Prüftiere könnte entstehen. Ein höherer Anteil von Prüfebern in der Ferkelerzeugung sollte nicht notwendig werden, da ein Prüfeber üblicherweise an 50 Produktionssauen gepaart wird. Außerdem würde dies sicherlich weder von den Ferkelerzeugern noch von den Besamungsstationen, die weniger Sperma von Spitzenebern verkaufen könnten, akzeptiert werden.

Die Simulationsstudien haben gezeigt, dass ein Nachkommendesign hinsichtlich des jährlichen Zuchtfortschritts und der Jahreseffektiven Populationsgröße langfristig das optimale Zuchtschema ist, sofern die folgenden Empfehlungen beachtet werden:

- Alle Eber werden in der künstlichen Besamung eingesetzt.
- Die Eber werden gleichzeitig mit Reinzucht- und Kreuzungsnachkommen auf Station geprüft.
- Die Prüfeber werden an die Jungsauen gepaart, um einerseits die Reinzuchtnachkommen für die Stationsprüfung zu produzieren und andererseits so früh wie möglich die potentiellen Zuchtnachkommen der nächsten Generation zu erzeugen.
- Nur die erfolgreich geprüften Eber bekommen die Deckerlaubnis für die Zuchtpopulation.

Diese Zuchtstrategie kombiniert die vorzüglichen Eigenschaften eines Halbgeschwister- sowie eines strengen Nachkommendesigns, in dem nur geprüfte Eber die Zuchtkandidaten erzeugen dürfen. Mit einem Halbgeschwisterdesign könnte zwar kurzfristig ein höherer Zuchtfortschritt erzielt werden, jedoch würde sich dies ungünstig auf die Jahreseffektive Populationsgröße auswirken. Die Anzahl der Nachkommen je Prüfeber müsste in einem solchen Halbgeschwisterdesign sehr hoch sein, weshalb die Zahl der Prüfeber bei gegebener Prüfkapazität klein wäre. Je niedriger die Anzahl der Prüfeber, umso kleiner wird die Jahreseffektive Populationsgröße sein. Die Ursache ist die stärkere Verwendung von Halb- und Vollgeschwisterinformation zur Selektion der Tiere bei der Zuchtreife, was zu einer stärkeren Selektion verwandter Tiere führt.

Die Sauen sollten wie bisher mit zwei Nachkommen aus dem ersten Wurf geprüft werden, so dass die Selektion mit der Information von stationsgeprüften Nachkommen noch vor der Anpaarung zum dritten Wurf stattfinden kann. Die Jungsauen sollten ausschließlich mit Prüfebern verpaart werden, weil die Information von Reinzuchttieren auf Station dann vollständig zur

Sauen- und Eberselektion verwendet werden kann. Außerdem kann in einem Nachkommendesign nur so das Generationsintervall in den Vaterpfaden verkürzt und damit der Zuchtfortschritt bedeutend erhöht werden. Das Generationsintervall könnte sowohl in den Mutter- als auch den Vaterpfaden durch die Erhöhung des Jungsauenanteils in der Population gesenkt werden. Da die Nachkommen aller Jungsauen auf Station geprüft werden sollen, würde auch der Anteil der Reinzuchtprüfung auf Station zunehmen. Die höhere Selektionsintensität wirkt sich dann zusätzlich positiv auf den Zuchterfolg aus. Trotz des niedrigeren Generationsintervalls, würde ein höherer Jungsauenanteil auch die Jahreseffektive Populationsgröße erhöhen, weil mehr Sauen zur nächsten Generation beitragen würden. Eine höhere Remontierungsrate dürfte in der bayerischen Herdbuchzucht aber nur schwer umsetzbar sein. Die Aufzuchtkosten je Betrieb würden steigen und weniger Ferkel könnten aufgezogen werden, weil die Wurfgröße mit steigender Wurfzahl zunimmt. Außerdem steigen dann die Kosten der Stationsprüfung für die Züchter. Die Übertragung der zusätzlichen Kosten auf die Kaufseber dürfte kaum durchsetzbar sein, so dass ein höherer Jungsauenanteil zu einem Wettbewerbsnachteil führen könnte. Im Hinblick auf den jährlich realisierten Zuchtfortschritt in 5,3 Mio. Schlachtschweinen sind die zusätzlichen Kosten für die gesamte Schweineproduktion jedoch marginal. Die Piétrainzüchter leben aber in erster Linie von der Eberproduktion, die es auf einzelbetrieblicher Ebene zu optimieren gilt. Der Zuchtfortschritt ist dabei als ein Qualitätskriterium zu betrachten, der einen Mehrerlös auf dem Markt und so einen Wettbewerbsvorteil gegenüber der Konkurrenz verschafft. Daher müssen der Grenznutzen und die Grenzkosten dieser Vorschläge in eine Optimierung des betriebswirtschaftlichen Gewinns eingebunden werden. Aus der Sicht der Piétrainzüchter sind für die Eberproduktion auch Exterieurmerkmale, die Wurfgröße der Sauen, die Spermaqualität oder das Sprungverhalten der Eber auf einzelbetrieblicher Ebene wichtig. Ein Zuchtunternehmen muss diese Merkmale ebenso beachten, jedoch stuft es die Bedeutung dieser Merkmale womöglich anders ein als die bayerischen Vatterassenzüchter. Hier spielen vor allem Marktstrategien eine Rolle.

Die Bedeutung der Verpaarung von Jungsauen mit Prüfebern für den einzelnen Züchter soll nochmals an den Ergebnissen der Monte Carlo Simulation verdeutlicht werden. Die Nachkommen aus diesen Paarungen wurden in den Untersuchungen bevorzugt selektiert, so dass ein Züchter gute Chancen hätte, daraus wertvolle Tiere für die Zucht und den Verkauf zu erzeugen.

Der jährliche Zuchtfortschritt kann durch eine Reduzierung der aktuellen Zahl der Prüfeber erhöht werden. Jeder Eber hätte dann mehr geprüfte Nachkommen, wodurch die Genauigkeit der Selektion auf jeder Stufe steigen würde. Jedoch würde die Jahreseffektive Populationsgröße dann stark abnehmen. Die Zahl der Prüfeber könnte aber ohnehin nicht zu stark reduziert werden, da die Besamungsstationen ihre Eber mit Nachkommen auf Station testen wollen. Damit tragen die Besamungsstationen, zum Vorteil der Züchter, wesentlich zur Finanzierung der Stationsprüfung bei. In einer Zuchtpraxis, in der alle Tiere von Besamungsebern abstammen, hätte jeder Kandidat in etwa dieselbe Genauigkeit des geschätzten Pedigreezuchtwertes, so dass die Prüfkapazität gleichmäßig auf alle Prüfeber verteilt werden könnte. Die Zahl der Nachkommen je Eber sollte sich dann nach der Anzahl Prüfeber richten, die für einen bestimmten Zeitraum erwartet wird. Dabei sollte die Zahl der Nachkommen eines Ebers nur geringfügig vom Durchschnitt abweichen. Aktuell werden etwa 10 % der Besamungseber mit mehr als 20 Nachkommen und 10 % mit weniger als 10 Nachkommen geprüft. Eine höhere Anzahl Nachkommen kann unter der aktuellen Situation sinnvoll sein, wenn die Kandidaten über wenig Pedigreeinformation verfügen (z.B. Importeber). Dagegen ist eine unvollständige und ungenaue Prüfung von Besamungsebern eine Verschwendung von Prüfkapazität.

Das langfristig optimale Sau:Eber-Verhältnis zu benennen ist schwierig, weil der Zuchtfortschritt mit zunehmendem Verhältnis zwar ansteigt, jedoch sinkt gleichzeitig die Jahreseffektive Populationsgröße. Der Grund ist, dass weniger geprüfte Eber zur nächsten Generation beitragen. In der bayerischen Piétrainpopulation ist das Anpaarungsverhältnis mit 3-4:1 zur Zeit sehr gering, weshalb die Jahreseffektive Populationsgröße mit etwa 400 Tieren relativ hoch ist. Zur Übertragung der Ergebnisse aus der Monte Carlo Simulation, in der eine kleinere Population betrachtet wurde, wird das Verhältnis der Jahreseffektiven Populationsgröße zur tatsächlichen Zahl der Sauen in der Population N_a/N berechnet. Das Verhältnis zwischen Effektiver Populationsgröße und tatsächlicher Populationsgröße N_e/N ist in der Biologie zur Konservierung bedrohter Tierarten gebräuchlich (Frankham, 1995; Nunney, 2003). In der bayerischen Piétrainpopulation ergibt sich für N_a/N (400/1200) ein Wert von 0,33. Bei einem Anpaarungsverhältnis von 12,5:1 (Tabelle 6.14) erhält man, je nach Einsatzdauer der Eber, Werte von 0,15-0,22. Dies entspricht in der tatsächlichen Population einer Jahreseffektiven Populationsgröße von mindestens 200 Tieren und einer Effektiven Populationsgröße von 80 Tieren. Betrachtet man die Effektiven Populationsgrößen anderer Zuchtpopulationen bzw. Species sollte ein Sau:Eber-Verhältnis von 10-15:1 nicht überschritten werden. Eine kürzere Einsatzzeit der geprüften Eber wirkt sich positiv auf die Jahreseffektive Populationsgröße aus, da mehr Eber zur nächsten Generation beitragen und die Varianz in der Familiengröße kleiner ist. Die von Meuwissen (1997) vorgeschlagene Methode zur Maximierung des Zuchtfortschritts bei einer vorher festgelegten Inzuchtrate wird hier aus zwei Gründen nicht als sinnvoll erachtet. Zum einen, weil diese Methode darin beschränkt ist, dass der Zuchtfortschritt nicht auch mit einer kleineren Inzuchtrate maximiert werden könnte. Zum anderen verlangt die Umsetzung der Methode nach einem strengen Paarungsplan, der wohl in einem straff organisierten Zuchtunternehmen durchführbar wäre, nicht aber in einer Zuchtorganisation mit vielen Züchtern.

In den Tabellen 7.1 und 7.2 sind die Vorschläge zur Optimierung der Leistungsprüfung und Zuchtpraxis nochmals zusammengefasst und den Schwachstellen der aktuellen Situation gegenübergestellt.

Bewertung des aktuellen Zuchtprogramms und Ausblick

Die bayerische Schweinezucht wurde in den vergangenen Jahrzehnten über die Finanzierung der Leistungsprüfung, Zuchtwertschätzung und Beratung durch den Freistaat Bayern stark unterstützt. Die damit verbundenen Ziele sind im § 1 des Tierzuchtgesetzes formuliert:

1. Die Leistungsfähigkeit der Tiere unter Berücksichtigung der Vitalität erhalten und verbessern,
2. die Wirtschaftlichkeit, insbesondere die Wettbewerbsfähigkeit, der tierischen Erzeugung verbessern,
3. die von den Tieren gewonnenen Erzeugnisse sollen den an sie gestellten qualitativen Anforderungen entsprechen und
4. eine genetische Vielfalt erhalten.

Auf der Grundlage der Leistungsprüfung und Zuchtwertschätzung konnte die bayerische Herdbuchzucht einen genetischen Fortschritt in den wirtschaftlich relevanten Merkmalen erzielen

Tabelle 7.1: Vorschläge zur Steigerung des jährlichen Zuchtfortschritts

Aktuelle Situation	Vorschläge
Eigenleistungsprüfung im Feld	
• Eigenleistungsprüfung im Feld mit 155 kg Lebendgewicht • Lebenstagszunahme u. Ultraschall-speckdicke werden nur bei Ebern gemessen • Vergleich von Ebern im Betrieb oder auf vielen kleinen Märkten • verschiedene Aufzuchtverfahren in den Zuchtbetrieben	• Eigenleistungsprüfung zwischen 115 bis 120 kg Lebendgewicht • Eigenleistungsprüfung von Ebern und Sauen • stärkerer Vergleich über Betriebe anstreben
Nachkommen- und Geschwisterprüfung auf Station	
• Besamungseber werden überwiegend nur in Kreuzung geprüft • Eber werden unterschiedlich genau geprüft • 2 Ferkel je Wurf in Kreuzung • Mehrere Kreuzungsnachkommen eines Ebers stammen aus einem Betrieb • 2 Ferkel je Wurf in Reinzucht • Anteil Reinzuchtprüfung auf Station 20 % • Tiere verschiedener Rassentypen werden in einer Bucht aufgestellt • Nachkommen eines Ebers werden in einer Bucht aufgestellt • Intramuskulärer Fettgehalt wird nur in Reinzuchttieren gemessen • Mastendgewicht 105 kg • ausschließlich weibliche Tiere werden auf Station geprüft	• Eber in Reinzucht und Kreuzung prüfen • Eber mit gleicher Genauigkeit prüfen • 1 Ferkel je Wurf in Kreuzung • jeder Kreuzungsnachkomme aus einem anderen Betrieb • 2 Ferkel je Wurf in Reinzucht • Anteil Reinzuchtprüfung 40 % (bei höherem Jungsauenanteil) • Rassentypen in verschiedene Buchten aufstellen • Nachkommen eines Ebers in verschiedene Buchten aufstellen • Intramuskulärer Fettgehalt in Reinzucht- und Kreuzung messen • Mastendgewicht 115-120 kg • weibliche Tiere und Kastraten sollten auf Station geprüft werden

Tabelle 7.2: Vorschläge zur Steigerung des jährlichen Zuchtfortschritts (Fortsetzung)

Aktuelle Situation	Vorschläge
Zuchtpraxis	
• ungenau geprüfte Natursprungeber mit geringer Selektionsschärfe • Besamungseber mit langem Generationsintervall • Jungsauen werden überwiegend mit geprüften Ebern verpaart • Jungsauenanteil (1. Wurf) in der Population 25 % • niedriges Sau:Eber-Verhältnis von 3-4:1	• nur Besamungseber einsetzen • Prüfeber an Jungsauen paaren • Jungsauen ausschließlich mit Prüfebern paaren • Jungsauenanteil erhöhen • Sau:Eber-Verhältnis bis maximal 15:1

(Kapitel 6.5). Die Bedeutung der Nachkommen- und Geschwisterprüfung auf Station ist dabei besonders hervorzuheben. Ohne sie hätten Leistungsinformationen zur direkten genetischen Verbesserung der Futterverwertung und der Fleischbeschaffenheit gefehlt. Zwar ist für den Zuchterfolg in der Fleischbeschaffenheit im wesentlichen die begonnene Sanierung des Halothan-Locus verantwortlich, dennoch trugen die pH-Messungen nicht nur zum Zuchtfortschritt in der Fleischbeschaffenheit, sondern auch zur Stressresistenz der Schweine und damit zur Vitalität bei. Die Stationsprüfung spielt daher nicht nur für die Produktionseffizienz, sondern auch für die Absatzsicherung, Qualitätssicherung, den Verbraucherschutz sowie eine artgerechte und nachhaltige tierische Erzeugung eine ganz entscheidende Rolle. Da die Fleischqualitätsmerkmale in Zukunft sicherlich weiter an Bedeutung gegenüber den Mastleistungsmerkmalen gewinnen werden, wird die Überlegenheit der Stationsprüfung im Vergleich zu anderen Prüfungsformen wohl noch zunehmen. Eine Eigenleistungsprüfung im Feld oder eine Eigenleistungsprüfung von Jungebern auf Station könnte dies alleine bei weitem nicht leisten. Wie aus dem § 1 des Tierzuchtgesetzes hervorgeht, soll eine Subventionierung der Schweinezucht der Wettbewerbsfähigkeit der gesamten Schweineproduktion dienen. Daher ist zu betonen, dass sich eine finanzielle Unterstützung nicht nach der Anzahl der Züchter richten sollte, sondern nach dem Umfang und der Leistungsfähigkeit der Schweineproduktion. Dies macht allerdings nur dann einen ökonomischen Sinn, wenn der Zuchtfortschritt der bayerischen Vatterrassenzüchter größer ist als in konkurrierenden Zuchtunternehmen.

Die Finanzierung der Nachkommen- und Geschwisterprüfung durch den Staat ist aber auch kritisch zu hinterfragen. Da die Leistungsprüfung, insbesondere die Stationsprüfung, sehr kostenintensiv ist, wurde den bayerischen Züchtern ein Wettbewerbsvorteil gegenüber anderen Zuchtunternehmen und -organisationen verschafft. Dieser Wettbewerbsvorteil trug sicherlich dazu bei, dass die bayerische Piétrainzucht im bayerischen Markt bis heute konkurrenzlos ist. Dies könnte sich über die Preise von Zuchtschweinen ungünstig auf die gesamte Schweineproduktion auswirken. Aufgrund der Konkurrenz der Zuchtbetriebe innerhalb Bayerns ist diese Gefahr jedoch gering. Kritisch zu betrachten ist aber vor allem, dass die Subvention des Staates

eine kleinbetriebliche Herdbuchzucht bewahrt hat. Die vielen (kleinen) Betriebe, die nicht wie ein Zuchtunternehmen agieren, weisen aus züchterischer Sicht die beschriebenen Schwachstellen auf (vor allem die niedrige Selektionsintensität und unterschiedliche Zuchtziele). Dadurch kann das riesige Potential zur Erzeugung eines hohen Zuchtfortschritts, welches durch die Stationsprüfung und eine moderne Zuchtwertschätzung geboten wird, nicht optimal genutzt werden. Dies wird im Vergleich des realisierten Zuchtfortschritts mit den Ergebnissen der Simulationsstudien deutlich. Die Monte Carlo Simulation hat gezeigt, dass selbst mit einer kleineren Zuchtpopulation ein höherer Zuchtfortschritt erzielt werden könnte als mit der aktuellen Herdbuchpopulation. Eine kleinere Zuchtpopulation wäre nicht nur in der Haltung günstiger, sondern auch die Kosten einer vergleichbar intensiven Leistungsprüfung wären geringer. Somit stellt sich für den Staat die Frage, wie eine effizientere Nutzung von öffentlichen Mittel erreicht werden kann, ohne zu stark in die Züchtung einzugreifen oder gar zu lenken.

Das bisher geltende Tierzuchtgesetz wird wohl in naher Zukunft novelliert, um es den Erfordernissen der EU-Regelungen für die Tierzucht anzupassen. Im Gesetzentwurf zur Ablösung des Tierzuchtgesetzes wird die staatliche Leistungsprüfung und Zuchtwertschätzung auf die Zuchtorganisationen übertragen. Dadurch würde das Interesse der Züchter an einer effizienteren Nutzung der Leistungsinformation zwangsläufig wachsen. Der Freistaat Bayern verfügt über eine sehr leistungsfähige und moderne Leistungsprüfung auf Station. Eine einfache Rechnung zeigt, dass die Leistungsprüfung mit geringem Kostenaufwand erhalten werden könnte. Da sich die Leistungsprüfung zum Teil selbst finanziert, ist nur das Defizit abzudecken. Bei etwa 10000 Prüftieren und einer Produktion von 5,3 Mio. Mastschweinen pro Jahr, würde jedes kommerzielle Mastschwein mit 0,25 Euro belastet. Bezogen auf die jährliche Schweinefleischproduktion von etwa 48 Mio. kg pro Jahr in Bayern, würde eine Preisanhebung von lediglich 0,0026 Euro je kg Schlachtgewicht ausreichen, um das Defizit aus der Stationsprüfung zu finanzieren. Diese Mehrkosten würden wohl in den üblichen Preisschwankungen für Schweinefleisch untergehen. Eine Übertragung der Kosten auf die Konsumenten würde damit sicher nicht zu einem Nachfragerückgang führen, sondern den Absatz über eine verbesserte Fleischqualität langfristig sichern. Die ausschließliche Weitergabe der Kosten an die Produzenten ist wohl nicht gerechtfertigt, da der Zuchtfortschritt allen Marktteilnehmern zugute kommt.

Eine Neufassung des Tierzuchtgesetzes wird insbesondere notwendig, um die Regelungen zur künstlichen Besamung, welche die Warenverkehrs-, Dienstleistungs-, Niederlassungs- und Wettbewerbsfreiheit behindern könnten, den Erfordernissen der EU-Regelungen anzupassen. Die Erteilung einer Besamungserlaubnis für Eber, einschließlich der Notwendigkeit einer Nachkommenschaftsprüfung, ist im Gesetzentwurf nicht mehr enthalten. Dennoch ist zu vermuten, dass die Besamungsstationen auch weiterhin ihre Eber prüfen werden, um einen Qualitätsnachweis von der Genetik ihrer Eber zu bekommen. Andernfalls unterscheiden sich diese Eber kaum noch von ihren Geschwistern im Natursprung und ein höherer Preis für Sperma wäre hinfällig. Die Eigenleistungsprüfung von Ebern auf Station als Alternative oder in Kombination mit der Nachkommen- und Geschwisterprüfung auf Station könnte dann wieder stärker diskutiert werden. Dies trifft besonders zu, wenn die Zahl der Zuchtbetriebe weiter sinken würde, so dass auch die hygienischen Bedenken kleiner würden. Im ungünstigsten Fall würde die Kreuzungsprüfung, die zur Zeit 80 % der Prüfkapazität für Vatterassen umfasst, ganz wegfallen. Es ist zu bezweifeln, dass die Zuchtorganisation die zusätzliche Kostenbelastung aus dem Ankauf von Kreuzungstieren alleine tragen könnte. Eine erneute Optimierung des Zuchtprogramms wird dann erforderlich.

In den Untersuchungen zur Optimierung der aktuellen Leistungsprüfung und Zuchtpraxis wurde die Prüfkapazität zugrunde gelegt, die aktuell für die Vatterasse genutzt wird. Die Mutterassen blieben in dieser Arbeit völlig unberücksichtigt. Zur Verbesserung der Wettbewerbsfähigkeit der bayerischen Schweineproduktion sollten in die zukünftigen Planungsrechnungen sowohl die Vater- als auch die Mutterassen einbezogen werden. Eine andere Verteilung der Prüfkapazität auf Vater- und Mutterassen könnte optimal sein.

Fazit

Die Leistungsprüfung und Zuchtpraxis bei der Vatterasse Piétrain in Bayern kann weiter optimiert werden. Zur Verbesserung der Zuchtpraxis ist in erster Linie ein stärkerer Vergleich der Zuchttiere über die Betriebe anzustreben. Der zunehmende Einsatz von Besamungssebern in der Zucht führt bei nachkommegeprüften Ebern bereits in die gewünschte Richtung. In Zukunft sollten aber ausschließlich Besamungsseber in der Zuchtpopulation eingesetzt werden. Durch eine genauere Rangierung der Zuchtkandidaten und eine höhere Selektionsintensität wird der Zuchtfortschritt pro Jahr steigen. Darüber hinaus wird die genetische Verknüpfung der Zuchtbetriebe verbessert, so dass eine effizientere Nutzung der Eigenleistung im Feld zukünftig möglich wird. Jungeber und -sauen könnten dann über die Betriebe verglichen und selektiert werden. Dies würde nicht nur den Zuchtfortschritt entscheidend heben, sondern auch die Jahreseffektive Populationsgröße günstig beeinflussen. Die Kombination der Leistungen aus der Eigenleistungsprüfung im Feld mit den Leistungen aus der Nachkommen- und Geschwisterprüfung auf Station in eine Zuchtwertschätzung sollte anvisiert werden.

Diese Arbeit gibt eine Reihe von Vorschlägen zur Steigerung des genetischen Fortschritts unter Beachtung der Nachhaltigkeit der bayerischen Piétrain-Population. Die Verwirklichung der meisten Vorschläge ist nicht daran gebunden, dass sie von allen Züchtern der Zuchtorganisation umgesetzt werden, sondern jeder Züchter kann seine eigenen Entscheidungen treffen. Viele dieser Vorschläge können auch weitgehend unabhängig voneinander betrachtet werden, so dass die Chancen und Risiken von den Züchtern sicherlich abgewogen werden können.

In der Leistungsprüfung auf Station sollte als erstes die Aufstallung in Großbuchten optimiert werden, indem die Prüftiere von Vater- und Mutterassen sowie Nachkommen eines Ebers in unterschiedlichen Buchten gemästet werden. Das Mastendgewicht sollte auf mindestens 115 kg angehoben und eine Prüfung beider Geschlechter in Erwägung gezogen werden, um Genotyp-Umwelt-Interaktionen zu vermeiden.

Zusammenfassung

Das Ziel dieser Arbeit sind Untersuchungen zur Verbesserung der Wettbewerbsfähigkeit der bayerischen Schweineproduktion durch die weitere Optimierung des Zuchtprogramms bei der Vatterrasse Piétrain.

Zu diesem Zweck wurde als erstes das Zuchtziel aktualisiert, indem ökonomische Gewichte für Mastleistungs-, Schlachtkörper- und Fleischbeschaffenheitsmerkmale abgeleitet wurden. Im Unterschied zu früheren Zuchtzielen ist nun der intramuskuläre Fettgehalt als Merkmal zur Verbesserung der Genußqualität des Fleisches enthalten. Damit wird das Ziel verfolgt, den Schweinefleischkonsum mittel- bis langfristig zu sichern.

Anschließend wurde ein Zuchtwertschätzmodell entwickelt, in das die Leistungen von Reinzucht- und Kreuzungsnachkommen auf Station gleichzeitig eingehen. Dazu wurden genetische und umweltbedingte Populationsparameter, insbesondere die genetischen Korrelationen zwischen Reinzucht- und Kreuzungsleistungen, geschätzt. Nach einjähriger Testphase sind das neue Zuchtziel und die neue Zuchtwertschätzung zum 1. April 2005 offiziell eingeführt worden.

Durch die Umrüstung des Haltungssystems von 2er-Buchten auf Großbuchten mit Abrufstation entsteht seit 2001 eine neue Prüfumwelt auf den bayerischen Leistungsprüfstationen. Für die Leistungen von Kreuzungstieren in Großbuchten wurden Modelle entwickelt, die zur Schätzung von Populationsparametern in Großbuchten sowie genetischer Korrelationen zwischen Leistungen in 2er-Buchten und Großgruppen verwendet wurden. Die Leistungen in beiden Aufstallungssystemen zeigten sowohl phänotypische als auch genetische Unterschiede, die zu dem Schluß führen, dass sich die Mastschweine in Großbuchten langsamer entwickeln als in 2er-Buchten. In den Mastleistungsmerkmalen ergaben sich relativ niedrige genetische Korrelationen von 0,5-0,7, die auch als Genotyp-Umwelt-Interaktionen zwischen den Haltungssystemen auf Station interpretiert werden können. Diese werden zu Rangverschiebungen bei der Umstellung führen. Die unterschiedlichen Leistungen werden auf ein anderes Futteraufnahmeverhalten in Großbuchten als in 2er-Buchten zurückgeführt.

Für die weitere Optimierung der Leistungsprüfung und Zuchtpraxis wurden die Populationsstrukturen und die bisherige Zuchtstrategie untersucht. Die Bewertung des aktuellen Zuchtgeschehens erfolgte über den realisierten Zuchtfortschritt und die (Jahres-) Effektive Populationsgröße. Die geschätzten Populationsparameter dienten anschließend zur Durchführung von Modellkalkulationen, in denen die bayerische Leistungsprüfung und verschiedene Zuchtstrategien simuliert werden. Zur Verifizierung der Ergebnisse, unter Berücksichtigung der quantitativ-genetischen Prozesse bei der Selektion (z.B. Bulmer-Effekt) und der Jahreseffektiven Populationsgröße, schloss sich eine Monte Carlo Simulation an. Anhand der Ergebnisse dieser Simulationsstudien konnten detaillierte Vorschläge zur Erhöhung des jährlichen Zuchtfortschritts unter Beachtung der Nachhaltigkeit der bayerischen Piétrain-Population erarbeitet werden.

Anhang A

Zuchtwertschätzmodelle in den Modellkalkulationen

Das Ziel ist das Zuchtwertschätzmodell so zu programmieren, dass der Rechenaufwand und die Rechenzeit minimiert werden.

Bei dem Ausgangsmodell handelt es sich um ein multivariates Modell für t Merkmale, in dem die Beobachtungen innerhalb der Merkmale geordnet sind. Es lautet

$$\begin{aligned}\mathbf{y} &= (\mathbf{I}_t \otimes \mathbf{X}_{\alpha_0})\mathbf{b}_\alpha + (\mathbf{I}_t \otimes \mathbf{X}_{\beta_0})\mathbf{b}_\beta + (\mathbf{I}_t \otimes \mathbf{Z}_{c_0})\mathbf{c} + (\mathbf{I}_t \otimes \mathbf{Z}_{A_0})\mathbf{A} + \mathbf{e} \\ &= \mathbf{X}_\alpha \mathbf{b}_\alpha + \mathbf{X}_\beta \mathbf{b}_\beta + \mathbf{Z}_c \mathbf{c} + \mathbf{Z}_A \mathbf{A} + \mathbf{e},\end{aligned}$$

wobei $\mathbf{y}$, $\mathbf{b}_\alpha$, $\mathbf{b}_\beta$, $\mathbf{c}$, $\mathbf{A}$ und $\mathbf{e}$ Vektoren der Leistungsbeobachtungen, der fixen Umwelteinflüsse, der fixen Betriebseffekte, der zufälligen Prüfgruppeneffekte, der additiv-genetischen Effekte sowie der Restabweichungen sind. Nach Merkmalen partitioniert haben die Vektoren die Struktur:

$$\begin{aligned}\mathbf{y}' &= [\mathbf{y}'_1, \mathbf{y}'_2, \dots, \mathbf{y}'_t], \\ \mathbf{b}'_\alpha &= [\mathbf{b}'_{\alpha_1}, \mathbf{b}'_{\alpha_2}, \dots, \mathbf{b}'_{\alpha_t}], \\ \mathbf{b}'_\beta &= [\mathbf{b}'_{\beta_1}, \mathbf{b}'_{\beta_2}, \dots, \mathbf{b}'_{\beta_t}], \\ \mathbf{c}' &= [\mathbf{c}'_1, \mathbf{c}'_2, \dots, \mathbf{c}'_t], \\ \mathbf{A}' &= [\mathbf{A}'_1, \mathbf{A}'_2, \dots, \mathbf{A}'_t], \\ \mathbf{e}' &= [\mathbf{e}'_1, \mathbf{e}'_2, \dots, \mathbf{e}'_t].\end{aligned}$$

Im statistischen Modell stellen $\mathbf{X}_0$ und $\mathbf{Z}_0$ Inzidenzmatrizen, $\mathbf{I}_t$ eine Einheitsmatrix der Dimension gleich der Anzahl der Merkmale t und $\otimes$ das Kroneckerprodukt dar. Die Kovarianzmatrizen der zufälligen Effekte sind definiert mit

$$\begin{aligned}\text{Var}(\mathbf{c}) &= \mathbf{G}_c = \mathbf{G}_{c_0} \otimes \mathbf{I}_c, \\ \text{Var}(\mathbf{A}) &= \mathbf{G}_A = \mathbf{G}_{A_0} \otimes \mathbf{N}_A \\ \text{Var}(\mathbf{e}) &= \mathbf{R} = \mathbf{R}_0 \otimes \mathbf{I}_n,\end{aligned}$$

wobei $\mathbf{G}_{c_0}$ und $\mathbf{G}_{A_0}$ $t \times t$ -Varianz-Kovarianzmatrizen sind, n die Anzahl der Tiere, c die Anzahl der Prüfgruppen und $\mathbf{N}_A$ die Verwandtschaftsmatrix ist. Die Mixed-Model-Gleichungen haben

folglich die Form

$$\begin{bmatrix} \mathbf{R}_0^{-1} \otimes \mathbf{X}'_\alpha \mathbf{X}_\alpha & \mathbf{R}_0^{-1} \otimes \mathbf{X}'_\alpha \mathbf{X}_\beta & \mathbf{R}_0^{-1} \otimes \mathbf{X}'_\alpha \mathbf{Z}_c & \mathbf{R}_0^{-1} \otimes \mathbf{X}'_\alpha \mathbf{Z}_A \\ \mathbf{R}_0^{-1} \otimes \mathbf{X}'_\beta \mathbf{X}_\alpha & \mathbf{R}_0^{-1} \otimes \mathbf{X}'_\beta \mathbf{X}_\beta & \mathbf{R}_0^{-1} \otimes \mathbf{X}'_\beta \mathbf{Z}_c & \mathbf{R}_0^{-1} \otimes \mathbf{X}'_\beta \mathbf{Z}_A \\ \mathbf{R}_0^{-1} \otimes \mathbf{Z}'_c \mathbf{X}_\alpha & \mathbf{R}_0^{-1} \otimes \mathbf{Z}'_c \mathbf{X}_\beta & \mathbf{R}_0^{-1} \otimes \mathbf{Z}'_c \mathbf{Z}_c + \mathbf{G}_c^{-1} & \mathbf{R}_0^{-1} \otimes \mathbf{Z}'_c \mathbf{Z}_A \\ \mathbf{R}_0^{-1} \otimes \mathbf{Z}'_A \mathbf{X}_\alpha & \mathbf{R}_0^{-1} \otimes \mathbf{Z}'_A \mathbf{X}_\beta & \mathbf{R}_0^{-1} \otimes \mathbf{Z}'_A \mathbf{Z}_c & \mathbf{R}_0^{-1} \otimes \mathbf{Z}'_A \mathbf{Z}_A + \mathbf{G}_A^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\mathbf{b}}_\alpha \\ \hat{\mathbf{b}}_\beta \\ \hat{\mathbf{c}} \\ \hat{\mathbf{A}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{R}_0^{-1} \otimes \mathbf{X}'_\alpha \\ \mathbf{R}_0^{-1} \otimes \mathbf{X}'_\beta \\ \mathbf{R}_0^{-1} \otimes \mathbf{Z}'_c \\ \mathbf{R}_0^{-1} \otimes \mathbf{Z}'_A \end{bmatrix} \mathbf{y}$$

Kanonische Transformation

Eine Diagonalisierung von mehr als zwei Kovarianzmatrizen setzt voraus, dass die Matrizen paarweise kommutativ sind. Dies trifft für $\mathbf{G}_{c_0}$, $\mathbf{G}_{A_0}$ und $\mathbf{R}_0$ jedoch nicht zu. Deshalb werden nur die Kovarianzmatrizen der Rest- und Gruppeneffekte diagonalisiert, um eine Absorption der fixen Effekte sowie der Gruppeneffekte in die additiv-genetischen Gleichungen durchzuführen. Dies ist dann für jedes Merkmal separat möglich. Im Anschluss werden diese Gleichungen über die transformierte additiv-genetische Kovarianzmatrix kombiniert. Nach der Rücktransformation wird dann die Genauigkeit der geschätzten Zuchtwerte abgeleitet. Zur Diagonalisierung von $\mathbf{G}_{c_0}$ und $\mathbf{R}_0$ muss mindestens eine dieser Matrizen positiv definit (p.d.) sein. Ist $\mathbf{R}_0$ p.d. und symmetrisch, existiert eine nicht singuläre Matrix $\mathbf{P}$, so dass gilt

$$\begin{aligned} \mathbf{P}'\mathbf{R}_0\mathbf{P} &= \mathbf{I} \\ \mathbf{P}'\mathbf{G}_{c_0}\mathbf{P} &= \mathbf{D}. \end{aligned}$$

$\mathbf{D}$ ist eine Diagonalmatrix, deren Elemente Lösungen der charakteristischen Gleichung von $\mathbf{G}_{c_0}$ nach $\mathbf{R}_0$ sind, mit

$$|\mathbf{G}_{c_0} - \lambda\mathbf{R}_0| = 0.$$

Da $\mathbf{R}_0$ p.d. ist, kann die Kovarianzmatrix der Resteffekte durch Choleskyzerlegung in eine untere und eine obere Dreiecksmatrix, $\mathbf{L}$ und $\mathbf{L}'$, zerlegt werden:

$$\mathbf{R}_0 = \mathbf{L}\mathbf{L}'.$$

Damit kann die charakteristische Gleichung umgeformt werden zu

$$\begin{aligned} |\mathbf{L}^{-1}||\mathbf{G}_{c_0} - \lambda\mathbf{L}\mathbf{L}'||\mathbf{L}'^{-1}| &= 0 \\ |\mathbf{L}^{-1}\mathbf{G}_{c_0}\mathbf{L}'^{-1} - \lambda\mathbf{I}| &= 0, \end{aligned}$$

weil ganz allgemein $|\mathbf{AB}| = |\mathbf{A}||\mathbf{B}|$ gilt. $\mathbf{L}^{-1}\mathbf{G}_{c_0}\mathbf{L}'^{-1}$ ist symmetrisch, weshalb eine orthogonale Matrix $\mathbf{U}$ existiert, so dass $\mathbf{U}'\mathbf{L}^{-1}\mathbf{G}_{c_0}\mathbf{L}'^{-1}\mathbf{U} = \text{Diag}\{\lambda_i\}$. Wird $\mathbf{P} = \mathbf{L}'^{-1}\mathbf{U}$ gesetzt, ergibt sich

$$\begin{aligned} \mathbf{P}'\mathbf{G}_{c_0}\mathbf{P} &= \text{Diag}\{\lambda_i\} \\ \mathbf{P}'\mathbf{R}_0\mathbf{P} &= \mathbf{U}'\mathbf{L}^{-1}\mathbf{R}_0\mathbf{L}'^{-1}\mathbf{U} \\ &= \mathbf{U}'\mathbf{L}^{-1}\mathbf{L}\mathbf{L}'\mathbf{L}'^{-1}\mathbf{U} \\ &= \mathbf{U}'\mathbf{U} \\ &= \mathbf{I}. \end{aligned}$$

Eine Matrix $\mathbf{U}$, die diese Bedingungen erfüllt, enthält die Eigenvektoren aus der Zerlegung $\mathbf{L}^{-1}\mathbf{G}_{c_0}\mathbf{L}'^{-1}$ zu $\mathbf{UDU}$. Das genetisch-statistische Modell kann nun mit $\mathbf{Q} = \mathbf{P}' \otimes \mathbf{I}_n$ transformiert

werden, woraus die folgenden Eigenschaften resultieren:

$$\begin{aligned} E(\mathbf{Qy}) &= \mathbf{QX}_\alpha \mathbf{b}_\alpha + \mathbf{QX}_\beta \mathbf{b}_\beta \\ Var(\mathbf{Qy}) &= \mathbf{Z}_c(\mathbf{D} \otimes \mathbf{I}_c)\mathbf{Z}'_c + \mathbf{Z}_A(\mathbf{\Sigma}_A \otimes \mathbf{N}_A)\mathbf{Z}'_A + \mathbf{I}, \end{aligned}$$

mit $\mathbf{\Sigma}_A = \mathbf{P}'\mathbf{G}_{A_0}\mathbf{P}$. Das komplexe Mehrmerkmalsmodell kann dann in t Submodelle unterteilt werden. Lässt man die additiv-genetische Kovarianzmatrix zunächst außer acht, hat die linke Seite der Mixed-Model-Gleichungen im Merkmal i die Form

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'_{\alpha_0} \mathbf{X}_{\alpha_0} & \mathbf{X}'_{\alpha_0} \mathbf{X}_{\beta_0} & \mathbf{X}'_{\alpha_0} \mathbf{Z}_{c_0} & \mathbf{X}'_{\alpha_0} \mathbf{Z}_{A_0} \\ \mathbf{X}'_{\beta_0} \mathbf{X}_{\alpha_0} & \mathbf{X}'_{\beta_0} \mathbf{X}_{\beta_0} & \mathbf{X}'_{\beta_0} \mathbf{Z}_{c_0} & \mathbf{X}'_{\beta_0} \mathbf{Z}_{A_0} \\ \mathbf{Z}'_{c_0} \mathbf{X}_{\alpha_0} & \mathbf{Z}'_{c_0} \mathbf{X}_{\beta_0} & \mathbf{Z}'_{c_0} \mathbf{Z}_{c_0} + \lambda_{c_i}^{-1} \mathbf{I}_c & \mathbf{Z}'_{c_0} \mathbf{Z}_{A_0} \\ \mathbf{Z}'_{A_0} \mathbf{X}_{\alpha_0} & \mathbf{Z}'_{A_0} \mathbf{X}_{\beta_0} & \mathbf{Z}'_{A_0} \mathbf{Z}_{c_0} & \mathbf{Z}'_{A_0} \mathbf{Z}_{A_0} \end{bmatrix},$$

worin $\lambda_{c_i}^{-1}$ das reziproke Diagonalelement von $\mathbf{D}$ im Merkmal i ist.

Ausgehend von dieser Koeffizientenmatrix werden alle Effekte in die additiv-genetischen Gleichungen absorbiert. Für das oben beschriebene Modell sind dazu drei Absorptionsschritte nötig. Als erstes wird die Koeffizientenmatrix mit

$$\begin{bmatrix} \mathbf{I} & \mathbf{0} & -\mathbf{X}'_{\alpha_0} \mathbf{Z}_{c_0} (\mathbf{Z}'_{c_0} \mathbf{Z}_{c_0} + \lambda_{c_i}^{-1} \mathbf{I}_c)^{-1} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{I} & -\mathbf{X}'_{\beta_0} \mathbf{Z}_{c_0} (\mathbf{Z}'_{c_0} \mathbf{Z}_{c_0} + \lambda_{c_i}^{-1} \mathbf{I}_c)^{-1} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & -\mathbf{Z}'_{A_0} \mathbf{Z}_{c_0} (\mathbf{Z}'_{c_0} \mathbf{Z}_{c_0} + \lambda_{c_i}^{-1} \mathbf{I}_c)^{-1} & \mathbf{I} \end{bmatrix}$$

vormultipliziert. Streicht man die entstandenen Nullspalten und setzt $\mathbf{M}_1 = \mathbf{I} - \mathbf{Z}_{c_0} (\mathbf{Z}'_{c_0} \mathbf{Z}_{c_0} + \lambda_{c_i}^{-1} \mathbf{I}_c)^{-1} \mathbf{Z}'_{c_0}$, dann lautet die linke Seite des Gleichungssystems

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'_{\alpha_0} \mathbf{M}_1 \mathbf{X}_{\alpha_0} & \mathbf{X}'_{\alpha_0} \mathbf{M}_1 \mathbf{X}_{\beta_0} & \mathbf{X}'_{\alpha_0} \mathbf{M}_1 \mathbf{Z}_{A_0} \\ \mathbf{X}'_{\beta_0} \mathbf{M}_1 \mathbf{X}_{\alpha_0} & \mathbf{X}'_{\beta_0} \mathbf{M}_1 \mathbf{X}_{\beta_0} & \mathbf{X}'_{\beta_0} \mathbf{M}_1 \mathbf{Z}_{A_0} \\ \mathbf{Z}'_{A_0} \mathbf{M}_1 \mathbf{X}_{\alpha_0} & \mathbf{Z}'_{A_0} \mathbf{M}_1 \mathbf{X}_{\beta_0} & \mathbf{Z}'_{A_0} \mathbf{M}_1 \mathbf{Z}_{A_0} \end{bmatrix}.$$

Im zweiten Schritt wird mit

$$\begin{bmatrix} \mathbf{I} & -\mathbf{X}'_{\alpha_0} \mathbf{M}_1 \mathbf{X}_{\beta_0} (\mathbf{X}'_{\beta_0} \mathbf{M}_1 \mathbf{X}_{\beta_0})^{-1} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & -\mathbf{Z}'_{A_0} \mathbf{M}_1 \mathbf{X}_{\beta_0} (\mathbf{X}'_{\beta_0} \mathbf{M}_1 \mathbf{X}_{\beta_0})^{-1} & \mathbf{I} \end{bmatrix}$$

vormultipliziert, so dass mit $\mathbf{M}_2 = \mathbf{M}_1 - \mathbf{M}_1 \mathbf{X}_{\beta_0} (\mathbf{X}'_{\beta_0} \mathbf{M}_1 \mathbf{X}_{\beta_0})^{-1} \mathbf{X}'_{\beta_0} \mathbf{M}_1$ die Koeffizientenmatrix die Struktur

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'_{\alpha_0} \mathbf{M}_2 \mathbf{X}_{\alpha_0} & \mathbf{X}'_{\alpha_0} \mathbf{M}_2 \mathbf{Z}_{A_0} \\ \mathbf{Z}'_{A_0} \mathbf{M}_2 \mathbf{X}_{\alpha_0} & \mathbf{Z}'_{A_0} \mathbf{M}_2 \mathbf{Z}_{A_0} \end{bmatrix}$$

besitzt. Im letzten Absorptionsschritt wird die Matrix $[-\mathbf{Z}'_{A_0} \mathbf{M}_2 \mathbf{X}_{\alpha_0} (\mathbf{X}'_{\alpha_0} \mathbf{M}_2 \mathbf{X}_{\alpha_0})^{-1} \mathbf{I}]$ vormultipliziert, was schließlich

$$\mathbf{Z}'_{A_0} \mathbf{M}_3 \mathbf{Z}_{A_0}$$

ergibt, mit $\mathbf{M}_3 = \mathbf{M}_2 - \mathbf{M}_2 \mathbf{X}_{\alpha_0} (\mathbf{X}'_{\alpha_0} \mathbf{M}_2 \mathbf{X}_{\alpha_0})^{-1} \mathbf{X}'_{\alpha_0} \mathbf{M}_2$. Da diese Absorptionsschritte aufgrund der großen Matrizen lange Rechenzeiten in Anspruch nehmen, wurden weitere Möglichkeiten zur Optimierung der Absorptionsprozedur ausgearbeitet. Ansatzpunkte sind die Matrizen $\mathbf{M}_1$,

$\mathbf{M}_2$ und $\mathbf{M}_3$. Die Beobachtungswerte in $\mathbf{y}$ seien nach Betrieb, Gruppe und fixe Effektgruppe sortiert. Dann kann $\mathbf{M}_1$ umgeformt werden zu

$$\begin{aligned}\mathbf{M}_1 &= \mathbf{I}_n - \mathbf{Z}_{c_0}(\mathbf{Z}_{c_0}'\mathbf{Z}_{c_0} + \lambda_{c_i}^{-1}\mathbf{I}_c)^{-1}\mathbf{Z}_{c_0}' \\ &= \mathbf{I}_n - \mathbf{Z}_{c_0}(n_c \times \mathbf{I}_c + \lambda_{c_i}^{-1}\mathbf{I}_c)^{-1}\mathbf{Z}_{c_0}' \\ &= \mathbf{I}_n - \mathbf{Z}_{c_0}((n_c + \lambda_{c_i}^{-1}) \times \mathbf{I}_c)^{-1}\mathbf{Z}_{c_0}' \\ &= \mathbf{I}_n - (n_c + \lambda_{c_i}^{-1})^{-1} \times \mathbf{I}_c \otimes \mathbf{J}_{n_c},\end{aligned}$$

mit n_c gleich der Anzahl der Tiere einer Prüfgruppe. Ersetzt man $(n_c + \lambda_{c_i}^{-1})^{-1}$ durch α , gilt

$$\mathbf{M}_1 = \mathbf{I}_c \otimes (\mathbf{I}_{n_c} - \alpha \mathbf{J}_{n_c}).$$

Die Vollgeschwistergruppen stammen aus einem Betrieb, so dass noch keine Abhängigkeiten zwischen Herkunftsbetrieben auftreten können. Deshalb ist $(\mathbf{X}_{\beta_0}'\mathbf{M}_1\mathbf{X}_{\beta_0})^{-1}$ diagonal, mit den Elementen

$$h_l = \frac{1}{n_{\beta_l}(1 - n_c\alpha)},$$

wobei n_{β_l} die Anzahl der Tiere aus dem Betrieb l ist. Die Matrix $\mathbf{X}_{\beta_0}(\mathbf{X}_{\beta_0}'\mathbf{M}_1\mathbf{X}_{\beta_0})^{-1}\mathbf{X}_{\beta_0}'$ ist schließlich blockdiagonal, wobei die Dimension der Blöcke mit der Anzahl der Tiere aus einem Betrieb übereinstimmt. Die Vor- und Nachmultiplikation mit $\mathbf{M}_1$ erhält weiterhin diese Blockstruktur. Diagonal- und Außerdiagonalelemente in einem Block lauten dann

$$h_l(1 - n_c\alpha)^2.$$

Um $\mathbf{M}_2$ zu berechnen, muss die gewonnene Matrix noch von $\mathbf{M}_1$ abgezogen werden. Die Diagonalelemente haben schließlich den Wert

$$(1 - \alpha) - h_l(1 - n_c\alpha)^2,$$

und die Elemente zwischen zwei Vollgeschwistern ergeben sich aus

$$-\alpha - h_l(1 - n_c\alpha)^2.$$

Die übrigen Elemente innerhalb eines Betriebes bleiben unter Vorzeichenwechsel erhalten. Mit diesen Formeln kann $\mathbf{M}_2$ schnell und ohne großen Rechenaufwand aufgestellt werden. Die Vereinfachung des folgenden Absorptionsschrittes zu $\mathbf{M}_3$ ist äußerst schwierig, weil die Tiere eines Betriebes und/oder einer Vollgeschwistergruppe in verschiedenen Buchten aufgestellt sein können, so dass Abhängigkeiten zwischen den fixen Effekten entstehen. Diese sind nicht ohne weiteres vereinfacht zu berechnen. Deshalb wird die blockdiagonale Struktur von $\mathbf{M}_2$ ausgenutzt, um zunächst $\mathbf{X}_{\alpha_0}(\mathbf{X}_{\alpha_0}'\mathbf{M}_2\mathbf{X}_{\alpha_0})^{-1}\mathbf{X}_{\alpha_0}'$ und dann $\mathbf{M}_3$ aufzustellen. Unnötige Multiplikationen mit Nullelementen entfallen dadurch. Anschließend wird

$$\boldsymbol{\Psi}_i = \mathbf{Z}_A'\mathbf{M}_3\mathbf{Z}_A$$

berechnet. Sind die Matrizen $\boldsymbol{\Psi}_i$ für alle t Merkmale erstellt, kann

$$\mathbf{T}_Q = (\boldsymbol{\Psi} + \boldsymbol{\Sigma}_A^{-1} \otimes \mathbf{N}_A^{-1})^{-1}$$

berechnet werden. $\mathbf{T}_Q$ wird dann mit

$$\mathbf{T} = (\mathbf{P}'^{-1} \otimes \mathbf{I}_A) \mathbf{T}_Q (\mathbf{P}^{-1} \otimes \mathbf{I}_A)$$

zurücktransformiert. $\mathbf{T}$ entspricht damit $\text{Var}(\hat{\mathbf{A}} - \mathbf{A})$, wobei $\mathbf{A}$ die wahren Zuchtwerte für alle t Merkmale enthält.

Anhang B

Verwendete Populationsparameter in den Simulationsstudien

In den nachfolgenden Tabellen sind die Kovarianzmatrizen der zufälligen Effekte aufgeführt, die in den Simulationsstudien verwendet wurden. Ausgehend von den Schätzwerten aus bivariaten Auswertungen (s. Kapitel 4) wurden diese Matrizen 'gebendet', so dass sie positiv definit sind. Bei der Verwendung dieser Matrizen ist zu beachten, mit welchem Modell die Parameter geschätzt wurden. Die Varianzkomponenten der Eigenleistungsmerkmale Lebensstagszunahme und Ultraschallspeckdicke im Feld sowie die der Reinzuchtleistungen auf Station wurden mit einem Tiermodell geschätzt, während die Parameter der Kreuzungsleistungen auf Station mit einem Vatermodell ermittelt wurden. Die Ausnahme bildet die Futterverwertung von Reinzucht-tieren, die mit einem Sire-Dam-Modell analysiert wurde. Die Modelle für die Reinzucht- und Kreuzungsleistungen auf Station sind in Kapitel 4 detailliert dargestellt, wobei auch die kausalen Faktoren der einzelnen Schätzwerte beschrieben werden. Da der intramuskuläre Fettgehalt bisher fast ausschließlich an Reinzuchttieren auf Station gemessen wurde, liegen keine Varianzkomponenten für die Kreuzungstiere vor. Aus diesem Grund wurden die Varianzkomponenten des intramuskulären Fettgehaltes der Reinzuchttiere auch für die Kreuzungstiere angenommen. Die genetische Korrelation zwischen dem intramuskulären Fettgehalt in Reinzucht und Kreuzung wurde auf 0,9 gesetzt.

Tabelle B.1: Additiv-genetische Kovarianzmatrix der Eigenleistungsmerkmale im Feld sowie der Reinzucht (R)- und Kreuzungsmerkmale (K) auf Station

	LTZ	USSD	TZ _R	FVW _R	MFA _R	pH _{1,R}	IMF _R	TZ _K	FVW _K	MFA _K	pH _{1,K}	IMF _K
LTZ	361,874	1,418	335,868	-0,487	-3,205	-0,646	0,595	288,089	0,260	-6,650	0,430	0,595
USSD	1,418	0,404	5,834	-0,010	-0,429	0,060	-0,001	2,418	-0,001	-0,396	0,044	-0,001
TZ _R	335,868	5,834	1915,104	-1,473	-25,930	-1,268	1,406	1479,730	-0,881	-18,281	0,312	1,265
FVW _R	-0,487	-0,010	-1,473	0,007	-0,048	0,004	0,004	-1,061	0,005	-0,036	0,000	0,003
MFA _R	-3,205	-0,429	-25,930	-0,048	2,515	-0,150	-0,096	-13,164	-0,066	1,818	-0,104	-0,086
pH _{1,R}	-0,646	0,060	-1,268	0,004	-0,150	0,079	0,009	-2,411	0,006	-0,089	0,035	0,008
IMF _R	0,595	-0,001	1,406	0,004	-0,096	0,009	0,034	1,460	0,004	-0,059	0,002	0,030
TZ _K	288,089	2,418	1479,730	-1,061	-13,164	-2,411	1,460	1476,030	-1,263	-10,273	-0,218	1,460
FVW _K	0,260	-0,001	-0,881	0,005	-0,066	0,006	0,004	-1,263	0,009	-0,047	0,002	0,004
MFA _K	-6,650	-0,396	-18,281	-0,036	1,818	-0,089	-0,059	-10,273	-0,047	1,632	-0,072	-0,059
pH _{1,K}	0,430	0,044	0,312	0,000	-0,104	0,035	0,002	-0,218	0,002	-0,072	0,020	0,002
IMF _K	0,595	-0,001	1,265	0,003	-0,086	0,008	0,030	1,460	0,004	-0,059	0,002	0,034

LTZ = Lebenstagszunahme; USSD = Ultraschallspeckdicke; TZ = Tägliche Zunahmen; FVW = Futterverwertung; MFA = Magerfleischanteil; pH₁ = pH-Wert 45 Minuten nach dem Schlachten; IMF = Intramuskulärer Fettgehalt

Tabelle B.2: Kovarianzmatrix der c^2 -Effekte der Eigenleistungsmerkmale im Feld sowie der Reinzucht (R)- und Kreuzungsmerkmale (K) auf Station

	LTZ	USSD	TZ _R	FVW _R	MFA _R	pH _{1R}	IMF _R	TZ _K	FVW _K	MFA _K	pH _{1K}	IMF _K
LTZ	318,723	0,725	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
USSD	0,725	0,087	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
TZ _R	0,000	0,000	1137,797	0,000	0,000	0,117	1,284	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
FVW _R	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
MFA _R	0,000	0,000	0,000	0,000	0,331	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
pH _{1R}	0,000	0,000	0,117	0,000	0,000	0,003	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
IMF _R	0,000	0,000	1,284	0,000	0,000	0,000	0,014	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
TZ _K	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1706,624	0,000	0,000	0,065	1,284
FVW _K	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
MFA _K	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,821	0,000	0,000
pH _{1K}	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,065	0,000	0,000	0,007	0,000
IMF _K	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1,284	0,000	0,000	0,000	0,014

LTZ = Lebenstagszunahme; USSD = Ultraschallspeckdicke; TZ = Tägliche Zunahmen; FVW = Futterverwertung; MFA = Magerfleischanteil; pH₁ = pH-Wert 45 Minuten nach dem Schlachten; IMF = Intramuskulärer Fettgehalt

Tabelle B.3: Kovarianzmatrix der Resteffekte der Eigenleistungsmerkmale im Feld sowie der Reinzucht- und Kreuzungsmerkmale auf Station

	LTZ	USSD	TZ _R	FVW _R	MFA _R	pH _{1R}	IMF _R	TZ _K	FVW _K	MFA _K	pH _{1K}	IMF _K
LTZ	983,058	1,245	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
USSD	1,245	0,401	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
TZ _R	0,000	0,000	1947,532	-3,257	-8,749	1,637	1,276	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
FVW _R	0,000	0,000	-3,257	0,025	-0,028	0,000	0,002	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
MFA _R	0,000	0,000	-8,749	-0,028	1,371	-0,031	-0,038	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
pH _{1R}	0,000	0,000	1,637	0,000	-0,031	0,032	-0,001	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
IMF _R	0,000	0,000	1,276	0,002	-0,038	-0,001	0,031	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
TZ _K	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3323,764	-3,597	-16,999	0,433	1,276
FVW _K	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	-3,597	0,025	-0,060	0,000	0,002
MFA _K	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	-16,999	-0,060	2,328	-0,056	-0,038
pH _{1K}	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,433	0,000	-0,056	0,050	-0,001
IMF _K	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1,276	0,002	-0,038	-0,001	0,031

LTZ = Lebenstagszunahme; USSD = Ultraschallspeckdicke; TZ = Tägliche Zunahmen; FVW = Futterverwertung; MFA = Magerfleischanteil; pH₁ = pH-Wert 45 Minuten nach dem Schlachten; IMF = Intramuskulärer Fettgehalt

Literaturverzeichnis

- [Amer und Fox 1992] AMER, P. R. ; FOX, G. C.: Estimation of economic weights in genetic improvement using neoclassical production theory: an alternative to rescaling. In: *Anim. Prod.* 58 (1992), S. 341–350
- [Arthur und Abplanalp 1970] ARTHUR, J. A. ; ABPLANALP, H.: Computer simulation of reciprocal recurrent selection with overdominant gene action. In: *Anim. Prod.* 12 (1970), S. 639–649
- [Baxter 1983] BAXTER, M. R.: Feeding and Aggression in pigs. In: *Appl. Anim. Ethol.* 11 (1983), S. 74–75
- [Böckenhoff u. a. 1967] BÖCKENHOFF, E. ; FEWSON, D. ; BISCHOFF, M.: Die wirtschaftliche Bedeutung verschiedener Leistungsmerkmale beim Schwein und ihre Auswirkung auf die Zuchtarbeit - 1. Mitteilung: Wirtschaftliche Bedeutung der Leistungsmerkmale. In: *Züchtungskunde* 37 (1967), S. 270–282
- [Böckenhoff u. a. 1977] BÖCKENHOFF, E. ; ZEDDIES, T. ; BISCHOFF, M. ; FENDER, D. ; NIEBEL, E.: Die Wirtschaftlichkeitskoeffizienten der Leistungsmerkmale beim Schwein und deren Bedeutung für die Zuchtarbeit. In: *Züchtungskunde* 49 (1977), S. 167–174
- [Bejerholm und Barton-Gade 1996] BEJERHOLM, C. ; BARTON-GADE, P. A.: Effect of intramuscular fat level on eating quality of pig meat. In: *32nd E.M.M.R.W., August 24-29, 1996, Ghent, Belgium* (1996), S. 389–391
- [Bell u. a. 1952] BELL, A. E. ; MOORE, C. H. ; BOHREN, B. B. ; WARREN, D. C.: Systems of breeding designed to utilize heterosis in the domestic fowl. In: *Poultry Science* 31 (1952), S. 11–22
- [Bell u. a. 1955] BELL, A. E. ; MOORE, C. H. ; WARREN, D. C.: The evaluation of new methods for the improvement of quantitative characteristics. In: *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology* 20 (1955), S. 197–212
- [Berger u. a. 1994] BERGER, P. J. ; CHRISTIAN, L. L. ; LOUIS, C. F. ; MICKELSON, J. R.: Estimation of genetic parameters for growth, muscle quality and nutritional content of meat products for central tested purebred market pigs. In: *Research Investment Report 1994. National Pork Producers Council, Des Moines, Iowa, USA* (1994), S. 51–63
- [Bermejo 2002] BERMEJO, J. L.: *Genetic nonlinear and random regression models for longitudinal data in order to change the feed intake curve of pigs*. Schriftenreihe des Instituts für Tierzucht und Tierhaltung der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Heft 137, 2002

- [Berruecos u. a. 1970] BERRUECOS, J. M. ; DILLARD, E. U. ; ROBISON, O. W.: Selection for low backfat thickness in swine. In: *J. Anim. Sci.* 30 (1970), S. 844–848
- [BHZP 2004] BHZP: *BHZP-Eber db.77*. Bundeshybridzuchtprogramm, 2004. – URL <http://www.bhzp.de/content/storyshow.php?CatID=23NewsID=57>
- [Bichard und David 1986] BICHARD, M ; DAVID, P. J.: Selection between and within lines and cross-breeding strategies for worldwide production of hybrids. In: *Proc. 3rd World Cong. Genet. Appl. Livest. Prod.* 10 (1986), S. 130–142
- [Binadel u. a. 1995] BINADEL, J.-P. ; DUCOS, A. ; GUÉBLEZ, R.: Genetic*environment interactions in french pig breeding programs. In: *46th EAAP, Prague, Czech Republic* (1995)
- [BLfSuD 2004] BLFSUD: *Rinder- und Schweinebestände der landwirtschaftlichen Betriebe Bayern am 3. November 2004*. Bayerisches Landesamt für Statistik und Datenverarbeitung, 2004. – URL <http://www.statistik.bayern.de/veroeffentlichungen/webshop/index.php>
- [Brandt 1987] BRANDT, H.: Development and genetic aspects of feed intake in three breeds of pigs at German test stations and measures to prevent further deterioration. In: *Pig News Inform.* 8 (1987), S. 29–33
- [Brandt 1994] BRANDT, H.: *Die Beziehung zwischen Produktionsmerkmalen von Reinzucht- und Kreuzungsschweinen und Konsequenzen für die Optimierung der Selektion*. Habilitationsschrift Göttingen, 1994
- [Brascamp 1984] BRASCAMP, E. W.: Selection indices with constraints. In: *Anim. Breed. Abstr.* 52 (1984), S. 645–654
- [Brown und Bell 1980] BROWN, W. P. ; BELL, A. E.: An experimental comparison of selection alternatives to plateaued response. In: *Genetics* 94 (1980), S. 477–496
- [Busse 1985] BUSSE, W.: Schätzung von Populationsparametern bei Schweinen der Deutschen Landrasse an Daten aus dem Marienseer-Herdbuch-Informationssystem. In: *Landbau-forschung Völkenrode, Sonderheft 74* (1985)
- [Calo u. a. 1973] CALO, L. L. ; MCDOWELL, A. ; VAN VLECK, L. D. ; MILLER, P. D.: Genetic aspects of beef production among Holstein-Frisian pedigree selected for milk production. In: *J. Anim. Sci.* 37 (1973), S. 676–682
- [Cameron 1990] CAMERON, N. D.: Genetic and phenotypic parameters for carcass traits, meat and eating quality traits in pigs. In: *Livest. Prod. Sci.* 26 (1990), S. 119–135
- [Cameron 1994] CAMERON, N. D.: Selection for components of efficient lean growth rate in pigs 1. Selection pressure applied and direct response in a Large White herd. In: *Anim. Prod.* 59 (1994), S. 251–262
- [Cameron und Curran 1994a] CAMERON, N. D. ; CURRAN, M. K.: Selection for components of efficient lean growth rate in pigs 4. Genetic and phenotypic parameter estimates and correlated responses in performance test traits with ad-libitum feeding. In: *Anim. Prod.* 59 (1994), S. 281–291

- [Cameron und Curran 1994b] CAMERON, N. D. ; CURRAN, M. K.: Selection for components of efficient lean growth rate in pigs 2. Selection pressure applied and direct response in a Landrace herd. In: *Anim. Prod.* 59 (1994), S. 263–269
- [Cameron und Curran 1995] CAMERON, N. D. ; CURRAN, M. K.: Genotype with feeding regime interaction in pigs divergently selected for components of efficient lean growth rate. In: *Anim. Sci.* 61 (1995), S. 123–132
- [Cameron u. a. 1988] CAMERON, N. D. ; CURRAN, M. K. ; THOMPSON, R.: Estimation of sire with feeding regime interaction in pigs. In: *Anim. Prod.* 46 (1988), S. 87–95
- [Claus u. a. 1984] CLAUS, H. ; CLAUS, J. ; KALM, E.: Vergleich zwischen Zuchtwertschätzergebnissen von Jungebern mit deren Nachkommenleistungen in Produktionsbetrieben. In: *35th EAAP, The Hague, Netherlands* (1984)
- [Cochran 1951] COCHRAN, W. G.: Improvement by means of selection. In: *Proc. 2nd Berkeley Symp. on Math., Stat. and Probability*, ed. by Neyman, J. (1951), S. 449–470
- [Comstock 1945] COMSTOCK, R. E.: Reciprocal Recurrent Selection with reference to swine breeding. In: *22nd Annual Report, Regional Swine Breeding Lab., U.S.D.A., Ames, Iowa* (1945)
- [Comstock und Robinson 1957] COMSTOCK, R. E. ; ROBINSON, H. F.: Findings relative to reciprocal recurrent selection. In: *Proceedings of International Genetics Symposium. Science Council of Japan, Tokyo* (1957), S. 461–464
- [De Haer 1990] DE HAER, L. C. M.: Sire x testing regime interactions in growing pigs. In: *Anim. Prod.* 51 (1990), S. 357–364
- [De Haer 1992] DE HAER, L. C. M.: *Relevance of eating pattern for selection of growing pigs*. Ph.D. Thesis Wageningen, The Netherlands, 1992
- [De Haer u. a. 1993] DE HAER, L. C. M. ; LUITING, P. ; AARTS, H. L. M.: Relations among individual (residual) feed intake, growth performance and feed intake pattern of growing pigs in group housing. In: *Livest. Prod. Sci.* 36 (1993), S. 233–253
- [De Vries 1989] DE VRIES, A. G.: A model to estimate economic values of traits in pig breeding. In: *Livest. Prod. Sci.* 21 (1989), S. 49–65
- [Dempfle 1982] DEMPFLE, L.: *Zuchtwertschätzung beim Rind mit einer ausführlichen Darstellung der BLUP-Methode*. Fortschritte der Tierzüchtung und Züchtungskunde, Paul Parey Verlag, 1982
- [Dempfle 1990] DEMPFLE, L.: Problems in the use of the Relationship Matrix in Animal Breeding. In: *Advances in Statistical Methods for Genetic Improvement of Livestock* (1990), S. 454–474
- [Dickerson 1952] DICKERSON, G. E.: Inbred lines for heterosis? In: *Heterosis (Edited by J.W. Gowen)*. Iowa State College Press. Iowa, USA (1952), S. 330–351
- [Dickerson 1962] DICKERSON, G. E.: Implications of genetic-environmental interaction in animal breeding. In: *Anim. Prod.* 4 (1962), S. 47–64

- [Ducroq und Colleau 1986] DUCROQ, V. ; COLLEAU, J. J.: Interest in quantitative genetics of Dutt's and Deak's methods for numerical computation of multivariate normal probability integrals. In: *Génet. Sel. Evol.* 18 (1986), S. 447–474
- [Dutt und Soms 1976] DUTT, J. E. ; SOMS, A. P.: An integral representation technique for calculating general multivariate probabilities with an application to multivariate chi-square. In: *Commun. Stat.* 5 (1976), S. 258–260
- [Fahmy und Bernard 1970] FAHMY, M. H. ; BERNARD, C.: Genetic and phenotypic study of pre- and post weaning weights and gains in swine. In: *Canadian Journal of Animal Science* 50 (1970), S. 593–599
- [Falconer und Mackay 1996] FALCONER, D. S. ; MACKAY, T. F. C.: *Introduction to Quantitative Genetics*. Fourth edition. Prentice Hall, 1996
- [Fernández u. a. 1999] FERNÁNDEZ, X. ; MONIN, G. ; TALMANT, A. ; MOUROT, J. ; LEBRET, B.: Influence of intramuscular fat content on the quality of pig meat - 2. Consumer acceptability of m. longissimus lumborum. In: *Meat Science* 53 (1999), S. 67–72
- [Fischer 1998] FISCHER, R.: *Schätzung genetischer Parameter für Reinzucht- und Kreuzungsleistungen beim Schwein*. Dissertation, Halle-Wittenberg, 1998
- [Fisher 1930] FISHER, R. A.: *The Genetical Theory of Natural Selection*. Clarendon Press, Oxford, 1930
- [Frankham 1995] FRANKHAM, R.: Effective population size/adult population size ratios in wildlife: a review. In: *Genet. Res.* 66 (1995), S. 95–107
- [Fraser 1984] FRASER, A.: The role of behaviour in swine production: A review of research. In: *Appl. Anim. Ethol.* 11 (1984), S. 317–339
- [Fujii u. a. 1991] FUJII, J. ; OTSU, K. ; ZORATO, F. ; LEON, S. de ; KHANNA, V. K. ; WEILER, J. ; O'BRIEN, P. J. ; MACLENNAN, D. H.: Identification of a mutation in the porcine ryanodine receptor that is associated with malignant hypothermia. In: *Science* 253 (1991), S. 448–451
- [Garcia-Macias u. a. 1996] GARCIA-MACIAS, J. A. ; GISPERT, M. ; OLIVER, M. A. ; DIESTRE, A. ; ALONSO, P. ; MUNOZ-LUNA, A. ; SIGGENS, K. ; CUTHBERT-HEAVENS, D.: The effect of cross, slaughter weight and halothan genotype on leanness and meat and fat quality in pig carcasses. In: *Anim. Sci.* 63 (1996), S. 487–496
- [Gianola und Hammond 1990] GIANOLA, D. ; HAMMOND, K.: *Advances in Statistical Methods for Genetic Improvement of Livestock*. Springer, Heidelberg, 1990
- [Gonyou 1999] GONYOU, H. W.: Pig behaviour key to feeder design. In: *Pig Progress* 15 (1999), S. 26–27
- [Gray u. a. 1968] GRAY, R. C. ; TRIBBLE, L. F. ; DAY, B. N. ; LASLEY, J. F.: Results of five generations of selection for low backfat thickness in swine. In: *J. of Anim. Sci.* 27 (1968), S. 331–335

- [Griffing 1962] GRIFFING, B.: Prediction formulae for general combining ability selection methods utilizing one or two random-mating populations. In: *Australian Journal of Biology Science* 15 (1962), S. 650–665
- [Griffing 1963] GRIFFING, B.: Comparison of potentials for general combining ability selection methods utilizing one or two random-mating populations. In: *Australian Journal of Biology Science* 16 (1963), S. 838–862
- [Groeneveld u. a. 1984] GROENEVELD, E. ; BUSSE, W. ; WERHAHN, E.: Practical estimates of genotype-environment interactions in the german pig herdbook. In: *35th EAAP, The Hague, Netherlands* (1984)
- [Götz 1996] GÖTZ, K.-U.: *Abschlussbericht zum Versuch: Ermittlung der Alterskorrektur für das Merkmal Lebenstagszunahme bei Jungebern*. Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Tierzucht, 1996
- [Götz 2004] GÖTZ, K.-U.: Feldprüfung-Ein Ersatz für Stationsprüfung? In: *6. Schweineworkshop, Uelzen* (2004)
- [Götz und Peschke 1993] GÖTZ, K.-U. ; PESCHKE, W.: Zuchtwertschätzung von Piétrain-Ebern anhand von Reinzucht- und Kreuzungsinformation. In: *Gemeinschaftstagung der DGfZ/GfT in Göttingen* (1993)
- [Götz u. a. 2001] GÖTZ, K.-U. ; PESCHKE, W. ; SCHUSTER, M.: Genetische Parameter für intramuskuläres Fett und Merkmale der Fettqualität gemessen mit Nah-Infrarot-Reflexions-Spektrometrie an Schweinen aus bayerischen Leistungsprüfstationen. In: *Züchtungskunde* 73 (2001), S. 233–242
- [Guéblez u. a. 1996] GUÉBLEZ, R. ; BOUYSSIÈRE, M. ; SELLIER, P.: Evaluation sensorielle de différents produits issus de porcs de génotype halothan connu. In: *Journées de la Recherche Porcine en France* 28 (1996), S. 45–52
- [Guéblez u. a. 1995] GUÉBLEZ, R. ; PABOUEF, F. ; SELLIER, P. ; BOUFFAUD, M. ; BOULARD, J. ; BRAULT, D. ; LE TIRAN, M. H. ; PETIT, G.: Effet du génotype halothan sur les performances d'engraissement, de carcasse et de qualité de la viande du porc charcutier. In: *Journées de la Recherche Porcine en France* 27 (1995), S. 155–164
- [Habier u. a. 2004] HABIER, D. ; GÖTZ, K.-U. ; DEMPFE, L.: Ökonomische Gewichte von Leistungsmerkmalen für Vatterassen in der bayerischen Schweinezucht. In: *Züchtungskunde* 76 (2004), S. 307–320
- [Hanson u. a. 1982] HANSON, L. L. ; HAGELSO, A. M. ; MADSEN, A.: Behavioral results and performance of bacon pigs fed 'ad libitum' from one or several self-feeders. In: *Appl. Anim. Ethol.* 8 (1982), S. 307–333
- [Hazel 1943] HAZEL, L. N.: The genetic basis for constructing selection indices. In: *Genetics* 28 (1943), S. 476–490
- [Hill 1970] HILL, W. G.: Theory of limits to selection with line crossing. In: *Mathematical Topics in Population Genetics (Edited by K.Kojima)*. Berlin, Heidelberg, New York. Springer-Verlag (1970), S. 210–245

- [Hill 1971] HILL, W. G.: Theoretical aspects of crossbreeding. In: *Annales Génétiques et de Sélection Animale* 3 (1971), S. 23–34
- [Hill 1974] HILL, W. G.: Prediction and evaluation of genetic response to selection with overlapping generations. In: *Anim. Prod.* 18 (1974), S. 117–129
- [Hill 1979] HILL, W. G.: A note on effective population size with overlapping generations. In: *Genetics* 92 (1979), S. 317–322
- [Jacubec u. a. 1974] JACUBEC, V. ; PODEBRADSKY, Z. ; PICHOVA, J. ; HYANEK, J.: Construction and use of selection indices for populations in broiler production. In: *Proc. Working Symp. Breed Evaluation and Crossing Exper. with Farm Anim. Zeist* (1974), S. 55–66
- [Jain und Amble 1962] JAIN, J. P. ; AMBLE, V. N.: Improvement through selection at successive stages. In: *J. Indian Soz. Agric. Stat.* 14 (1962), S. 88–109
- [Johnson 1981] JOHNSON, R. K.: Crossbreeding in swine: experimental results. In: *J. Anim. Sci.* 52 (1981), S. 906–923
- [Kallweit und Baulain 1995] KALLWEIT, E. ; BAULAIN, U.: Intramuskulärer Fettgehalt im Schweinefleisch. In: *Schweinezucht und Schweinemast* 43 (1995), S. 40–42
- [Kanis 1990] KANIS, E.: Effect of food intake capacity on production traits in growing pigs with restricted feeding. In: *Anim. Prod.* 50 (1990), S. 333–341
- [Ketelaars 1979] KETELAARS, E. H.: Inheritance of traits recorded in commercial herds of pigs. In: *Agricultural Research Report 883. Pudoc, Wageningen, Netherlands* (1979)
- [Kirchgessner 1997] KIRCHGESSNER, M.: *Tierernährung. Leitfaden für Studium, Beratung und Praxis. 10., neubearbeitete Auflage.* Verlags Union Agrar, 1997
- [Knap und Van Der Steen 1994] KNAP, P. W. ; VAN DER STEEN, H. A. M.: Testing of breeding pigs in group housing. In: *45th EAAP, Edinburgh, Great Britain* (1994)
- [Krieter 1986] KRIETER, J.: *Entwicklung von Selektionsmethoden für das Wachstums- und Futteraufnahmevermögen beim Schwein.* Schriftenreihe des Institutes für Tierzucht und Tierhaltung der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Heft 31, 1986
- [Krieter 1994] KRIETER, J.: *Zuchtplanung beim Schwein.* Schriftenreihe des Institutes für Tierzucht und Tierhaltung der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Heft 81, 1994
- [KTBL 2003] KTBL: *Betriebsplanung Landwirtschaft 2002/2003. Daten für die Betriebsplanung in der Landwirtschaft.* Kuratorium für Technik und Bauwesen in der Landwirtschaft, 2003
- [Labroue u. a. 1994] LABROUE, F. ; GUÉBLEZ, R. ; SELLIER, P. ; MEUNIER-SALAÜN, M. C.: Feeding behaviour of group-housed Large White and Landrace pigs in French central test station. In: *Livest. Prod. Sci.* 40 (1994), S. 303–312
- [Larzul u. a. 1997] LARZUL, C. ; LE ROY, P. ; GUÉBLEZ, R. ; TALMANT, A. ; GOGUÉ, J. ; SELLIER, P. ; MONIN, G.: Effect of halothan genotype (NN,Nn,nn) on growth, carcass and meat quality traits of pig slaughtered at 95 kg or 125 kg live weight. In: *J. of Anim. Breed. Genet.* 114 (1997), S. 309–320

- [Leach u. a. 1996] LEACH, L. M. ; ELLIS, M. ; SUTTON, D. S. ; MCKEITH, F. K. ; WILSON, E. R.: The growth performance, carcass characteristics, and meat quality of halothan carrier and negative pigs. In: *J. of Anim. Sci.* 74 (1996), S. 934–943
- [LfL-Ernährungswirtschaft 2003] LFL-ERNÄHRUNGSWIRTSCHAFT: *Fleisch- und Geflügelwirtschaft 2003*. Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Ernährungswirtschaft und Markt, 2003. – URL http://www.lfl.bayern.de/iem/vieh_gefluegel/11297/linkurl_0_20.pdf
- [LfL-Ernährungswirtschaft 2004] LFL-ERNÄHRUNGSWIRTSCHAFT: *Fleisch- und Geflügelwirtschaft 2004*. Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Ernährungswirtschaft und Markt, 2004. – URL http://www.lfl.bayern.de/iem/vieh_gefluegel/11297/linkurl_0_30.pdf
- [Littmann u. a. 2003] LITTMANN, E. ; GÖTZ, K. U. ; DODENHOFF, J. ; WEISS, J. ; REINHARDT, D.: 5. *Bayerischer Stichprobentest 2003, Ergebnisbericht*. Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Tierzucht, 2003. – URL http://www.stmlf-design2.bayern.de/blt/infos/stichprobentest/stichprobentest_2003.pdf
- [Littmann u. a. 2004] LITTMANN, E. ; LINDNER, J.-P. ; GÖTZ, K.-U.: *Jahresbericht 2004 über Leistungsprüfungen und Zuchtwertschätzung beim Schwein in Bayern*. Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Tierzucht, 2004
- [LKV 2003] LKV, Bayern: *Fleischleistungsprüfung in Bayern 2003. Ergebnisse und Auswertungen*. Landeskuratorium der Erzeugerringe für tierische Veredelung in Bayern e. V., 2003. – URL http://www.lkv.bayern.de/media/FLP_JAHRESBERICHT_2003.PDF
- [LKV 2004] LKV, Bayern: *Fleischleistungsprüfung in Bayern 2004. Ergebnisse und Auswertungen*. Landeskuratorium der Erzeugerringe für tierische Veredelung in Bayern e. V., 2004. – URL http://www.lkv.bayern.de/media/FLP_JAHRESBERICHT_2004.PDF
- [McArthur 1987] MCARTHUR, A. T. G.: Weighting breeding objectives - an economic approach. In: *Proceedings of the sixth annual conference of the Australian Association of Animal Breeding and Genetics, Perth* (1987), S. 187–197
- [McLaren u. a. 1985] MCLAREN, D. G. ; BUCHMANN, D. S. ; HINTZ, R. L.: Sire ranking based upon purebred versus crossbred progeny performance in swine. In: *J. Anim. Sci.* 60 (1985), S. 902–912
- [McPhee u. a. 1979] MCPHEE, C. P. ; BRENNAN, P. J. ; DUNCALFE, F.: Genetic and phenotypic parameters of Australian Large White and Landrace boars performance-tested when offered food ad-libitum. In: *Anim. Prod.* 28 (1979), S. 79–85
- [Meier 1990] MEIER, H.: *Beziehung zwischen der Reinzucht- und verschiedenen Kreuzungsleistungen von Piétrain- und Large White-Ebern bei der Nachkommenprüfung auf Station*. Dissertation, Göttingen, 1990

- [Melton u. a. 1996] MELTON, B. E. ; HUFFMAN, W. E. ; SHOGREN, J. F. ; FOX, A.: Consumer preferences for fresh food items with multiple quality attributes; evidence from an experimental auction of pork chops. In: *American Journal of Agriculture Economics* 73 (1996), S. 916
- [Merks 1989] MERKS, J. W. M.: Genotype*environment interactions in pig breeding programmes. VI. Genetic relations between performances in central test, on-farm test and commercial fattening. In: *Livest. Prod. Sci* 22 (1989), S. 325–339
- [Merks und Van Kemenade 1989] MERKS, J. W. M. ; VAN KEMENADE, P. G. M.: Genotyp*environment interaction in pig breeding programmes. V. Genetic parameters and sire*herd interaction in commercial fattening. In: *Livest. Prod. Sci.* 22 (1989), S. 99–109
- [Merks und Van Oijen 1994] MERKS, J. W. M. ; VAN OIJEN, P.: Implications of genotype*environment interactions for the design of national pig breeding programmes. In: *Proc. 5th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.* 19 (1994), S. 398–401
- [Meuwissen 1997] MEUWISSEN, T. H. E.: Maximizing the Response of Selection with a Predefined Rate of Inbreeding. In: *J. Anim. Sci.* 75 (1997), S. 934–940
- [Mitchell und Carson 1993] MITCHELL, R. C. ; CARSON, R. T.: *Using Surveys to Value Public Goods, The Contingent Valuation Method.* Resources for the Future. Washington, D.C., 1993
- [Moav 1966] MOAV, R.: Specialized sire and dam lines. I. Economic evaluation of crossbreds. In: *Anim. Prod.* 8 (1966), S. 193–202
- [Moav 1973] MOAV, R.: *Economic evaluation of genetic differences.* Agricultural Genetics, 1973. – 319–352 S
- [Moav und Hill 1966] MOAV, R. ; HILL, W. G.: Specialized sire and dam lines. IV. Selection within lines. In: *Anim. Prod.* 8 (1966), S. 375
- [Mohr u. a. 1993] MOHR, R. ; KRIETER, J. ; KALM, E.: Wirtschaftlichkeitskoeffizienten in der Schweineproduktion. In: *Züchtungskunde* 65 (1993), S. 267–283
- [Mrode und Kennedy 1993] MRODE, R. A. ; KENNEDY, B. W.: Genetic variation in measures of food efficiency in pigs and their genetic relationships with growth rate and backfat. In: *Anim. Prod.* 56 (1993), S. 225–232
- [Neumaier und Groeneveld 1998] NEUMAIER, A. ; GROENEVELD, E.: Restricted Maximum Likelihood Estimation of Covariances in Sparse Linear Models. In: *Genet. Sel. Evol.* 30 (1998), S. 3–26
- [Niebel und Fewson 1979a] NIEBEL, E. ; FEWSON, D.: Untersuchungen zur Optimierung der Zuchtplanung für die Reinzucht beim Schwein. 1. Planungsansatz und Optimierungskriterien. In: *Züchtungskunde* 51 (1979), S. 1–12
- [Niebel und Fewson 1979b] NIEBEL, E. ; FEWSON, D.: Untersuchungen zur Optimierung der Zuchtplanung für die Reinzucht beim Schwein. 2. Vergleich der Prüfungsmethoden für Eber und Sauen. In: *Züchtungskunde* 51 (1979), S. 13–32

- [Nordskog u. a. 1944] NORDSKOG, A. W. ; COMSTOCK, R. E. ; WINTERS, L. M.: Hereditary and environmental factors affecting growth rate in swine. In: *J. of Anim. Sci.* 3 (1944), S. 257–272
- [Nunney 2003] NUNNEY, L.: The limit to knowledge in conservation genetics. The value of effective population size. In: *Evol. Biol.* 32 (2003), S. 178–194
- [O'Brien u. a. 1994] O'BRIEN, P. J. ; BALL, R. O. ; MACLENNAN, D. H.: Effects of heterozygosity for the mutation causing porcine stress syndrome on carcass quality and live performance characteristics. In: *Proceedings of the 13th International Pig Veterinary Science Congress, 26-30 June 1994, Bangkok, Thailand* (1994), S. 481
- [Orozco 1986] OROZCO, F.: Crossbreeding and heterosis. In: *U.S.-Spain joint seminar on sheep breeding. Zaragoza, 10-15 Nov.* (1986)
- [Orozco und Bell 1974] OROZCO, F. ; BELL, A. E.: Reciprocal recurrent selection compared to within-strain selection for increasing rate of egg lay of *Tribolium* under optimal and stress conditions. In: *Genetics* 77 (1974), S. 134–161
- [Paulke und Scholz 1999] PAULKE, Th. ; SCHOLZ, A.: Die Charakteristik von Merkmalen der Futteraufnahme unter ad libitum Bedingungen bei verschiedenen Schweinerassen und Rassenkombinationen. In: *Züchtungskunde* 71 (1999), S. 229–243
- [Pirchner und Mergel 1977] PIRCHNER, F. ; MERGEL, R.: Overdominance as a cause for heterosis in poultry. In: *J. Anim. Breed. Genet.* 94 (1977), S. 151–158
- [Pirchner und Von Krosigk 1973] PIRCHNER, F. ; VON KROSIGK, C. M.: Genetic parameters of cross- and pure-bred poultry. In: *Br. Poult. Sci.* 14 (1973), S. 193–202
- [Pérez-Enciso und Fernando 1992] PÉREZ-ENCISO, M. ; FERNANDO, R. L.: Genetic evaluation with uncertain parentage: a comparison of methods. In: *Theor. and appl. Genetics* 84 (1992), S. 173–179
- [Prommier u. a. 1992] PROMMIER, S. A. ; HOUDE, A. ; ROUSSEAU, F. ; SAVOIE, Y.: The effect of the malignant hyperthermia genotype as determined by a restriction endonuclease assay on carcass characteristics of commercial crossbred pigs. In: *Canadian Journal of Animal Science* 72 (1992), S. 973–976
- [Rahbauer u. a. 2003] RAHBAUER, P. ; KÖNIG, M. ; BECK, G. ; LITTMANN, E. ; DODENHOFF, J. ; GÖTZ, K.-U.: *Schweinzucht und -produktion in Bayern 2003*. Erzeugergemeinschaft und Züchtervereinigung für Zucht- und Hybridzuchtschweine in Bayern w. V., 2003
- [Rempel u. a. 1995] REMPEL, W. E. ; MING YU, L. ; MICKELSON, J. R. ; LOUIS, C. F.: The effect of skeletal muscle ryanodine receptor genotype on pig performance and carcass quality traits. In: *Anim. Sci.* 60 (1995), S. 249–257
- [Röhe 1990] RÖHE, R.: *Entwicklung optimaler Zuchtstrategien für die Anwendung des Tiermodells in der Nukleusstufe beim Schwein*. Schriftenreihe des Institutes für Tierzucht und Tierhaltung der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Heft 60, 1990
- [Roberts und Curran 1986] ROBERTS, D. J. ; CURRAN, M. K.: A comparison of 'on-farm' and station testing in pigs. In: *Anim. Prod.* 33 (1986), S. 291–298

- [Robison und Berruecos 1973] ROBISON, O. W. ; BERRUECOS, J. M.: Feed efficiency in swine. II. Prediction of efficiency and genetic correlation with carcass traits. In: *J. Anim. Sci.* 37 (1973), S. 650–657
- [Robison u. a. 1964] ROBISON, O. W. ; LOUCA, A. ; LEGATES, J. E.: Purebred and Crossbred performance of paternal half-sibs of swine. In: *J. Anim. Sci.* 23 (1964), S. 853
- [Rothschild und Ruvinsky 1998] ROTHSCCHILD, M. F. ; RUVINSKY, A.: *The Genetics of the Pig*. CAB International, Wallingford UK, 1998
- [Russo und Nanni Costa 1995] RUSSO, V. ; NANNI COSTA, L.: Suitability of pig meat for salting and the production of quality processed products. In: *Pig News and Information* 16 (1995), S. 17N–26N
- [Sambraus 1978] SAMBRAUS, H. H.: *Nutztierethology*. Verlag Paul Parey, Berlin, 1978
- [Sather u. a. 1991] SATHER, A. P. ; JONES, S. D. M. ; TONG, A. K. W. ; MURRAY, A. C.: Halothane genotype by weight interactions on lean yield from pork carcasses. In: *Canadian Journal of Animal Science* 71 (1991), S. 633–643
- [Schmutz 1995] SCHMUTZ, M.: *Multivariate Schätzung von Populationsparametern für Merkmale aus Stations- und Feldprüfung der bayerischen Schweine-Herdbuchzucht in Reinzucht und Kreuzung*. Schriftenreihe des Institutes für Tierzucht und Tierhaltung der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Heft 88, 1995
- [Schnyder u. a. 1999] SCHNYDER, U. ; HOFER, A. ; LABROUE, F. ; KÜNZI, N.: Genetic Parameters of a random regression model for daily feed intake of performance tested French Landrace and Large White growing pigs. In: *50th Annual Meeting of the EAAP, Zürich, 22-26 August* (1999)
- [Schulze u. a. 2002] SCHULZE, V. ; ROEHE, R. ; BERMEJO, J. L. ; LOOFT, H. ; KALM, E.: Genetic associations between observed feed intake measurements during growth, feed intake curve parameters and growing-finishing performances of central tested boars. In: *Livest. Prod. Sci.* 73 (2002), S. 199–211
- [Schwörer u. a. 1998] SCHWÖRER, D. ; MOREL, P. ; REBSAMEN, A.: Selektion auf intramuskuläres Fett beim Schwein. In: *Der Tierzüchter* 38 (1998), S. 392–394
- [Sehested und Janssen 1991] SEHESTED, E. ; JANSSEN, K.: Expanded on-farm test vs. station test to control genotype-environment interaction in pig breeding. In: *42nd EAAP, Berlin, Germany* (1991)
- [Sellier 1976] SELLIER, P.: The basis of crossbreeding in pigs; A review. In: *Livest. Prod. Sci.* 3 (1976), S. 203–226
- [Sellier 1982] SELLIER, P.: Selecting populations for use in crossbreeding. In: *Proceedings of the 2nd World Congress on Genetics Applied to Livestock Production* 6 (1982), S. 15–49
- [Sellier 1988] SELLIER, P.: Aspects génétiques des qualités technologiques et organoleptiques de la viande chez le porc. In: *Journées de la Recherche Porcine en France* 20 (1988), S. 227–242

- [Sellier 1995] SELLIER, P.: Genetics of pork quality. In: *Proceedings of the Conference on Pork Science and Technology, 24-26 April 1995, Campinas SP, Brazil* (1995), S. 1–35
- [Sellier u. a. 1985] SELLIER, P. ; GUÉBLEZ, R. ; LALVE, D. ; RUNAVOT, J. P. ; OLLIVIER, L.: Relations génétique entre le contrôle individuel en station et le contrôle en ferme chez le porc. In: *Journées de la Recherche Porcine en France* 17 (1985), S. 87–94
- [Sellier und Monin 1994] SELLIER, P. ; MONIN, G.: Genetics of pig meat quality: a review. In: *Journal of Muscle Foods* 5 (1994), S. 187–219
- [Simpson und Webb 1989] SIMPSON, S. P. ; WEBB, A. J.: Growth and carcass performance of British Landrace pigs heterozygous for halothane locus. In: *Anim. Prod.* 49 (1989), S. 503–509
- [Singh und Dempfle 1989] SINGH, R. P. ; DEMPFLE, L.: Optimizing multistage selection in a modified reciprocal recurrent selection programme considering cost and rate of genetic progress. In: *40th Annual Meeting of the EAAP, Dublin, Ireland.* 1 (Summaries) (1989), S. 167
- [Smith u. a. 1986] SMITH, C. ; JAMES, J. W. ; BRASCAMP, E. W.: On the derivation of economic weights in livestock improvement. In: *Anim. Prod.* 43 (1986), S. 545–551
- [Smith u. a. 1962] SMITH, C. ; KING, J. W. B. ; GILBERT, N.: Genetic parameters of British Large White bacon pigs. In: *Anim. Prod.* 4 (1962), S. 128–143
- [Smith und Ross 1965] SMITH, C. ; ROSS, G. J. S.: Genetic parameters of British Landrace bacon pigs. In: *Anim. Prod.* 7 (1965), S. 291–301
- [Sörensen u. a. 1993] SÖRENSEN, D. A. ; ANDERSEN, S. ; PEDERSEN: Effect of herd of origin on central testing station performances in pigs. In: *Livest. Prod. Sci.* 34 (1993), S. 225–235
- [Standal 1977] STANDAL, N.: Studies on breeding and selection schemes in pigs. VI. Correlation between breeding values estimated from station test and on farm test data. In: *Acta. Agric. Scand.* 27 (1977), S. 138–144
- [Standal und Vangen 1985] STANDAL, N. ; VANGEN, O.: Genetic variation and covariation in voluntary feed intake in pig selection programmes. In: *Livest. Prod. Sci.* 12 (1985), S. 367–377
- [Stanislaw u. a. 1967] STANISLAW, C. M. ; OMTVEDT, I. T. ; WILLHAM, R. L. ; WHATLEY, J. A.: A study of some genetic parameters in purebred and crossbred populations of swine. In: *J. Anim. Sci.* 26 (1967), S. 16–20
- [StMLF 2004] STMLF: *Bayerischer Agrarbericht 2004*. Bayerisches Staatsministerium für Landwirtschaft und Forsten, 2004. – URL http://www.stmlf.bayern.de/agrarpolitik/daten_fakten/ab2004
- [Taylor 1982] TAYLOR, J. F.: Assumptions required to approximate unbiased estimates of genetic (co)variance by the method of Calo et al. In: *Genet. Res. 1982-83. Eastern Artif. Insem. Coop., Dep. Anim. Sci., Cornell Univ., Ithica, NY* (1982)

- [Tholen u. a. 2001] THOLEN, E. ; BRANDT, H. ; SCHELLANDER, K.: Genetic aspects of performance testing in production herds using new carcass classification methods (AutoFOM). In: *EAAP-52nd Annual Meeting, Budapest, 26-29 August (2001)*, S. 313
- [Tholen u. a. 1997] THOLEN, E. ; KIRSTGEN, B. ; TRAPPMANN, W. ; SCHELLANDER, K.: Genotype*Environmental interactions in a German pig breeding herdbook society using crossbred progeny information. In: *74. Sitzung des genetisch-statistischen Ausschusses der DGfZ, 7.-9. Oktober 1997, Iden (1997)*
- [Tholen u. a. 2004] THOLEN, E. ; WIESE, M. ; BAULAIN, U. ; HÖRETH, R. ; SCHULZELANGENHORST, C.: Optimierung der Schlachtkörperbewertung von stationär leistungsgeprüften Zuchtschweineherkünften. In: *6. Schweine-Workshop, Uelzen (2004)*
- [Trappmann und Kirstgen 1995] TRAPPMANN, W. ; KIRSTGEN, B.: Genotyp-Umwelt-Interaktionen in Kreuzungszuchtprogrammen beim Schwein. In: *70. Sitzung des Ausschusses für genetisch-statistische Methoden in der Tierzucht der DGfZ, 27.-30.3.1995, Clausberg, Polykopia (1995)*
- [Van Der Werf 1990] VAN DER WERF, J. H. J.: *Models to estimate genetic parameters in crossbred dairy cattle populations under selection*. Ph.D.-Thesis, Wageningen, The Netherlands, 1990
- [Van Diepen und Kennedy 1989] VAN DIEPEN, T. A. ; KENNEDY, B. W.: Genetic correlations between test station and on-farm performance for growth rate and backfat in pigs. In: *J. Anim. Sci.* 467 (1989), S. 1425–1431
- [Von Felde 1996] VON FELDE, A.: *Genetische Analyse der Futteraufnahme-Informationen von Jungebern aus Gruppenprüfung mit automatischen Fütterungsanlagen*. Schriftenreihe des Institutes für Tierzucht und Tierhaltung der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Heft 90, 1996
- [Von Felde u. a. 1996] VON FELDE, A. ; RÖHE, R. ; LOOFT, H. ; KALM, E.: Genetic association between feed intake and feed intake behaviour at different stages of growth of group housed boars. In: *Livest. Prod. Sci.* 47 (1996), S. 11–22
- [Von Rohr u. a. 1999] VON ROHR, P. ; HOFER, A. ; KÜNZI, N.: Economic values for meat quality traits in pigs. In: *J. Anim. Sci.* 77 (1999), S. 2633–2640
- [Warriss 2000] WARRISS, P.D.: *Meat Science*. CABI Publishing, Wallingford, 2000
- [Webb u. a. 1982] WEBB, A. J. ; CARDEN, A. E. ; SMITH, C. ; IMLAH, P.: Porcine stress syndrome in pig breeding. In: *Proceedings of the 2nd International Congress on Genetics Applied to Livestock Production* 5 (1982), S. 588–608
- [Webb und Curran 1986] WEBB, A. J. ; CURRAN, M. K.: Selection regime by production system interaction in pig improvement: A review of possible causes and solutions. In: *Livest. Prod. Sci.* 14 (1986), S. 41–54
- [Webb u. a. 1994] WEBB, A. J. ; GRUNDY, B. ; KITCHIN, P.: Within litter effect of the Hal-1843 heterozygote on lean growth in pigs. In: *Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 7-12 August 1994, University of Guelph, Canada* 17 (1994), S. 421–424

- [Weiß 2004] WEISS, D.: Fleischverbrauch-Deutsche essen mehr Fleisch. In: *ZMP-Analyse* 35 (2004), S. 9
- [Weiß und Zickgraf 2004] WEISS, J. ; ZICKGRAF, W.: *Deckungsbeitragsberechnung*. Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Ländliche Strukturentwicklung, Betriebswirtschaft und Agrarinformatik, 2004. – URL <http://www.stmlf-design2.bayern.de/lba/db>
- [Wei 1993] WEI, M.: *Combined crossbred and purebred selection in animal breeding*. Ph.D.-Thesis, Wageningen, 1993
- [Wittmann u. a. 1993] WITTMANN, W. ; PESCHKE, W. ; LITTMANN, E. ; BEHRINGER, J. ; BIRKENMAIER, St. ; DOVC, P. ; FÖRSTER, M.: Mast- und Schlachtleistungen von DL-Kastraten in Abhängigkeit vom MHS-Genotyp. In: *Züchtungskunde* 65 (1993), S. 197–205
- [Wright 1931] WRIGHT, S.: Evolution in Mendelian populations. In: *Genetics* 16 (1931), S. 97–159
- [Wronka 2000] WRONKA, T. C.: Was ist der Preis für Umwelt. Möglichkeiten und Grenzen des kontingenten Bewertungsansatzes. In: *Agrarbusiness-Forschung* 6. (2000)
- [Wyllie u. a. 1979] WYLLIE, D. ; MORTON, J. R. ; OWEN, J. B.: Genetic aspects of voluntary food intake in the pig and their association with gain and food conversion efficiency. In: *Anim. Prod.* 28 (1979), S. 381–390
- [ZDS 2003a] ZDS: *RICHTLINIE für die Stationsprüfung auf Mastleistung, Schlachtkörperwert und Fleischbeschaffenheit beim Schwein vom 10.12.2003*. Zentralverband der Deutschen Schweineproduktion e. V., 2003. – URL http://www.zds-bonn.de/index.php?section_name_publicationen
- [ZDS 2003b] ZDS: *ZDS-Schweineproduktion 2003*. Zentralverband der Deutschen Schweineproduktion e. V., 2003

Danksagung

An dieser Stelle möchte ich mich bei Herrn Prof. Dr. L. Dempfle und Herrn Dr. K.-U. Götz für die Überlassung des Themas bedanken.

Mein herzlicher Dank gilt meinem Doktorvater Prof. Dr. L. Dempfle für die Betreuung der Arbeit, die wissenschaftliche Ausbildung und das in mich gesetzte Vertrauen.

Ein besonderer Dank gebührt auch Herrn Dr. K.-U. Götz für die jederzeit gewährten fachlichen Diskussionen, Hinweise und Anregungen.

Bei Christian Edel möchte ich mich für die vielen fachlichen Diskussionen und Gespräche bedanken.

Ebenso möchte ich mich bei Herrn Prof. Dr. G. Thaller sowie Herrn E. Littmann für die wertvollen Diskussionen bedanken.

Herrn F. Reinhardt und Dr. Zenting Liu danke ich für den Aufenthalt beim VIT-Verden und die Einführung in die Programmiersprache FORTRAN 90.

Dr. R. Emmerling möchte ich meinen Dank für die Hilfe bei der Durchführung meiner MIVQUE-Parameterschätzung auf den Großrechnern aussprechen sowie Dr. J. Dodenhoff für die gute Zusammenarbeit.

Den Mitarbeitern der Leistungsprüfstation in Grub und Schwarzenau sowie Herrn J. Schwarz bin ich zu Dank verpflichtet für die zuverlässige und freundliche Zusammenarbeit bei der Bereitstellung der Daten.