



RINDERZUCHT AUSTRIA

ZAR – ZENTRALE ARBEITSGEMEINSCHAFT ÖSTERREICHISCHER RINDERZÜCHTER

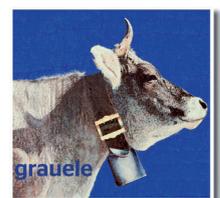
ENDBERICHT

Optimierung der langfristigen züchterischen Entwicklung der österreichischen Rinderrassen unter besonderer Berücksichtigung der Gesundheit und der genomischen Selektion

Kurztitel: OPTIGENE

Laufzeit: 11/2011 – 06/2015

Projektpartner:



Endbericht

zum Forschungsprojekt 100808

BMLFUW-LE.1.3.2/0081-II/1/2011

Titel: Optimierung der langfristigen züchterischen Entwicklung der österreichischen Rinderrassen unter besonderer Berücksichtigung der Gesundheit und der genomischen Selektion

Kurztitel: OptiGene

Laufzeit: 11/2011 – 06/2015

Auftragnehmer: Zentrale Arbeitsgemeinschaft
österreichischer Rinderzüchter (ZAR)
Dresdnerstraße 89/19, 1200 Wien

Subauftragnehmer: Institut für Nutztierwissenschaften
Department für Nachhaltige Agrarsysteme
Universität für Bodenkultur Wien
Gregor Mendel Str. 33, 1180 Wien

ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH
Dresdnerstraße 89/19, 1200 Wien

Projektleitung: Dr. Christa Egger-Danner

Projektmitarbeiter: Dr. Christian Fürst, ZuchtData
PD Dr. Birgit Fürst-Waltl, BOKU
DI Christina Pfeiffer, BOKU
Dr. Hermann Schwarzenbacher, ZuchtData
DI Franz Steininger, ZuchtData
Ass. Prof. Dr. Alfons Willam, BOKU

Inhalt

1	Zusammenfassung.....	4
2	Summary	7
3	Einleitung.....	10
4	Projektorganisation	11
4.1	Projektpartner	11
4.2	Arbeitspakete	11
5	Arbeitspaket 1: Zuchtziel.....	13
5.1	Ziele und geplante Maßnahmen	13
5.2	Zusammenfassung und Summary	13
5.3	Einleitung	13
5.4	Meilensteine – spezielle Fragestellungen	14
5.4.1	Fragebogenumfrage	14
	<i>Gewichtung der Merkmalskomplexe.....</i>	<i>19</i>
	<i>Das persönliche Zuchtziel im Detail.....</i>	<i>20</i>
	<i>Zusätzlich gewünschte Merkmale</i>	<i>23</i>
5.4.2	Wirtschaftliche Gewichte und desired gain Ansatz	24
5.5	Publikationen.....	38
6	Arbeitspaket 2: Optimierung Gesamtzuchtwert.....	40
6.1	Ziele und geplante Maßnahmen:	40
6.2	Zusammenfassung	40
6.3	Einleitung.....	41
6.4	Material und Methode – Approximativer Zweischrittansatz nach Ducrocq.....	43
6.4.1	Schritt Eins – Berechnung von Pseudophänotypen und Gewichtungsfaktoren	43
6.4.2	Schritt Zwei – Varianzkomponenten- und Zuchtwertschätzung.....	44
6.5	Meilensteine – spezielle Fragestellungen	45
6.5.1	Meilenstein 1: Berechnung von korrigierten Töchterleistungen (YD) und deregressierten Zuchtwerten (drZW)	45
6.5.2	Meilenstein 2: Vergleich und Validierung verschiedener Methoden zur Berechnung von Gesamtzuchtwerten anhand von simulierten und phänotypischen Daten	45

6.5.3	Meilenstein 3: Schätzung von genetischen und residualen Korrelationen zwischen allen Merkmalen, die in der Routinezuchtwertschätzung bzw. im Gesamtzuchtwert verwendet werden	47
6.5.4	Meilenstein 4: Schätzung der genetischen Korrelationen zwischen allen Merkmalen in der Zuchtwertschätzung mit Berücksichtigung möglicher nicht-linearer Zusammenhänge	70
6.6	Publikationen.....	71
7	Arbeitspaket 3: Optimierung Zuchtprogramme	73
7.1	Ziele und geplante Maßnahmen	73
7.2	Zusammenfassung.....	73
7.3	Einleitung.....	74
7.4	Material und Methode	75
7.4.1	Zuchtplanungsmethode	75
7.4.2	Populationsparameter, biologische Parameter und Kosten.....	76
7.5	Ergebnisse und Diskussion.....	77
7.6	Meilensteine – spezifische Fragestellungen.....	77
7.6.1	Analyse von spezifischen Einflussfaktoren auf den Zuchtfortschritt.....	77
7.6.2	Zuchtprogramme mit Berücksichtigung von Fitness und Gesundheit.....	81
7.6.3	Genotypisierungsstrategien	83
7.6.4	Zuchtprogramme und Erbfehler	86
7.6.5	Zuchtprogramm und Reproduktionstechnologien	87
7.6.6	Zuchtprogramme und Rassen mit kleineren Populationsgrößen	87
7.6.7	Zuchtfortschritt und Umfang der Leistungsprüfung	90
7.6.8	Wartestierhaltung und Spermalangzeitlagerung.....	91
7.6.9	Optimierung Zuchtprogramm „Fleckvieh AUSTRIA“	92
7.6.10	Optimierung Zuchtprogramm „Braunvieh AUSTRIA“	96
7.6.11	Optimierung Zuchtprogramm „Holstein AUSTRIA“	100
7.6.12	Optimierung des Zuchtprogrammes der Rasse Pinzgauer.....	102
7.6.13	Optimierung des Zuchtprogrammes der Rasse Grauvieh.....	108
7.7	Publikationen.....	113
8	Arbeitspaket 4: Inzuchtmanagement (Optimum Gene Contribution).....	116
8.1	Ziele und geplante Maßnahmen	116

8.2	Zusammenfassung	116
8.3	Einleitung	116
8.4	Material und Methode	119
8.4.1	Inzuchtkoeffizient:.....	119
8.4.2	Inzuchtanstieg und effektive Populationsgröße	119
8.4.3	Inzucht und Genominformation:.....	120
8.4.4	Der Ansatz der Optimum Contributions:	120
8.4.5	Auswahl der geeigneten Software	123
8.4.6	Einbeziehung von Genominformation:	125
8.5	Ergebnisse und Diskussion.....	127
8.5.1	Ergebnisse bei Fleckvieh.....	127
8.5.2	Ergebnisse bei Braunvieh	134
8.5.3	Ergebnisse bei Pinzgauer.....	141
8.5.4	Ergebnisse bei Grauvieh.....	151
8.5.5	Implementierung im Zuchtprogramm	157
8.6	Meilensteine – spezielle Fragestellungen	157
8.7	Publikationen.....	158
9	Arbeitspaket 5: Projektmanagement und partizipative Entwicklung.....	159
10	Nationale und internationale Vernetzung von Projekten und Aktivitäten.....	161
10.1	Nationale Zusammenarbeit	161
10.2	Internationale Zusammenarbeit.....	161
11	Publikationen – Gesamtübersicht.....	163
11.1	Wissenschaftliche Artikel und publizierte Vorträge	163
11.2	Fachartikel und nicht publizierte Vorträge	169
12	Fortbildung, Kurse, Seminare, Sitzungen	172
13	Literaturverzeichnis.....	175
14	Danksagung	182
15	Anlagen.....	183
15.1	Tabellenanhang.....	183
15.2	Ausgewählte Publikationen aus den verschiedenen Arbeitspaketen	194

1 Zusammenfassung

Durch die genomische Selektion eröffneten sich in den Jahren 2009/2010 neue Möglichkeiten in der Rinderzucht. Technische Fortschritte erlauben den Einsatz neuer komplexer Berechnungsmethoden und zudem stehen aufbauend auf dem Projekt Gesundheitsmonitoring Rind aus der Leistungsprüfung direkte Gesundheitsdaten zur Verfügung. Das Bewusstsein der Gesellschaft nach gesunden Lebensmitteln von gesunden Tieren nimmt zu. Ziel des Projektes OptiGene „Optimierung der langfristigen züchterischen Entwicklung der österreichischen Rinderrassen unter besonderer Berücksichtigung der Gesundheit und der genomischen Selektion“ war es die verschiedenen Schritte im Zuchtgeschehen vom Zuchtziel bis zum Zuchtprogramm zu überarbeiten und unter Berücksichtigung der österreichischen Rahmenbedingungen zu optimieren.

Innerhalb des Arbeitspakets 1 ‚Zuchtziel‘ sollte mit Hilfe einer Züchterbefragung ein repräsentatives Stimmungsbild zur Bedeutung der verschiedenen Merkmale und Merkmalskomplexe erhalten werden. Die durchgeführte Züchterbefragung zeigt klar, dass die österreichischen (und deutschen) Milchrinderzüchter vermehrt auf Fitnessmerkmale achten und neue zusätzliche Merkmale im Bereich der Tiergesundheit fordern. Die Kenntnis genetischer Beziehungen zwischen den Merkmalen und deren relative Bedeutung sind nötig, um verschiedene Merkmale in einem Gesamtzuchtwert kombinieren zu können. Daher wurden wirtschaftliche Gewichte für derzeitige Zuchtzielmerkmale aber auch für in Frage kommende neue Zuchtzielmerkmale abgeleitet. Im derzeitigen Zuchtziel beträgt die relative prozentuelle Gewichtung der Merkmalsblöcke Milch:Fleisch:Fitness beim Fleckvieh 38:16:46 bzw beim Braunvieh 48:5:47. Ohne Berücksichtigung neuer Merkmale wäre die neue Gewichtung 41:14:45 (Fleckvieh) bzw. 42:15:43 (Braunvieh). Mit diesen neuen Gewichten wäre der Großteil des Zuchtfortschritts in der Milch zu erzielen (ca. 80% bei beiden Rassen). Für die Merkmale Kalbeverlauf und Handelsklasse aber vor allem für die Fruchtbarkeit ist ein negativer Trend zu beobachten, der durch höhere Gewichte im Gesamtzuchtwert verhindert werden kann. Auch das neue Merkmal Aufzuchtverluste sollte in einem neuen Gesamtzuchtwert berücksichtigt werden.

Aktuell erfolgt die Berechnung des Gesamtzuchtwertes in der gemeinsamen deutsch-österreichischen Zuchtwertschätzung mit einer Selektionsindexmethode basierend auf Miesenberger (1997). Diese Methode vernachlässigt Korrelationen zwischen den Resteffekten und führt zu überhöhten Streuungen der Gesamtzuchtwerte speziell im niedrigen bis mittleren Sicherheitsbereich. Das kann zu einer selektionsrelevanten Verzerrung der Gesamtzuchtwerte führen. Als alternative Methode wurde von Ducrocq (2001) ein zweistufiges Verfahren empfohlen. Bei diesem approximativen Zweischrittansatz werden zuerst Pseudophänotypen, sogenannte yield deviations (YD, Umwelt-korrigierte Leistungen) oder deregressierte Zuchtwerte ermittelt. Im zweiten Schritt werden mit diesen Pseudophänotypen und den entsprechenden Gewichtungsfaktoren die Varianzkomponenten und Zuchtwerte geschätzt. Anhand einer ausführlichen Simulationsstudie konnte gezeigt werden, dass die ‚Methode Ducrocq‘ einer multivariaten Zuchtwertschätzung basierend auf

Rohdaten sehr nahe kommt – die Zuchtwert-Korrelationen liegen bei 1 und die Verzerrung (Bias) bei 0. Mit Hilfe der ‚Methode Ducrocq‘ konnten die genetischen und residualen Korrelationen zwischen allen Merkmalen im Gesamtzuchtwert geschätzt werden. Diese sind nicht nur für eine Umsetzung der ‚Methode Ducrocq‘ notwendig, sondern auch für die Verwendung einer Selektionsindexmethode. In der Simulationsstudie konnte gezeigt werden, dass die Zuchtwert-Korrelationen auch für die ‚Methode Miesenberger‘ sehr hoch sind. Allerdings konnte eine nennenswerte Verzerrung der Gesamtzuchtwerte im niedrigen bis mittleren Sicherheitsbereich speziell im Top-Segment festgestellt werden. Alle gemachten Analysen zeigen die nahezu optimalen Eigenschaften der ‚Methode Ducrocq‘. Eine Umsetzung in die Praxis wird daher grundsätzlich empfohlen, wobei zuvor allerdings noch diverse praktische Probleme (Einbeziehung Interbull-ZWS, genomische ZWS, usw.) gelöst werden müssen.

Im Rahmen des Arbeitspaketes „Optimierung der Zuchtprogramme“ wurden für die Rassen Fleckvieh, Braunvieh und Holstein genomische Zuchtprogramme entwickelt. Für die Rassen Pinzgauer und Grauvieh wurden die bestehenden Zuchtprogramme evaluiert und es wurde untersucht, in wie weit die Möglichkeiten der genomischen Selektion auch für Pinzgauer und Grauvieh genutzt werden könnten. Zur optimalen Ausrichtung der genomischen Zuchtprogramme wurden für verschiedene Maßnahmen die Auswirkungen auf den Zuchtfortschritt wissenschaftlich analysiert und gemeinsam mit den Vertretern der Zuchtorganisationen genomische Zuchtprogramme ausgearbeitet. Durch die höheren Sicherheiten von Jungstieren durch genomische Informationen werden diese vorab streng selektiert. Der Verkürzung des Generationsintervalls kommt eine besondere Bedeutung zu. Die Sicherheit des genomischen Zuchtwerts hat bezogen auf die Gesamtpopulation nur einen bescheidenen Einfluss auf den Zuchtfortschritt. Durch die höheren Sicherheiten bei Jungkühen rückt das weibliche Tier stärker in den Fokus. Damit gewinnt auch der Einsatz von Reproduktionstechnologien verstärkt an Bedeutung. Die Genominformationen werden genutzt, um Erbfehler zu erkennen. Strategien zum Umgang mit Erbfehlern im Zuchtprogramm wurden erarbeitet. Die im Rahmen des Projektes ausgearbeiteten neuen genomischen Zuchtprogramme lassen eine Steigerung des monetären Zuchtfortschrittes pro Jahr (bis zu ca. 40%) mit leichter Stärkung der Fitness erwarten. Wie viel Zuchtfortschritt dann tatsächlich realisiert werden kann, hängt von der konsequenten Umsetzung des Zuchtprogrammes und Faktoren, ob zB. gegen Erbfehlerträger stärker selektiert wird, ab. Da es nach aktuellem Wissenstand bei Pinzgauer und Grauvieh in Österreich nicht zu erwarten ist, dass in absehbarer Zeit höhere Sicherheiten mit genomischen Zuchtwerten erzielt werden können, ist der Fokus auf die Optimierung der Zuchtprogramme ohne der Berücksichtigung von höherer Sicherheiten durch genomische Selektion zu legen.

Es wurden verschiedene Programme für die Implementierung von Inzuchtmanagement über Optimum Contributions (OC) verglichen. Aufgrund der Eignung für große Pedigrees, der Stabilität des Programmes und der Möglichkeit der Einbeziehung von Genomdaten wurde das Programm EVA für die weiteren Arbeiten ausgewählt.

Mit diesem Programm wurden für die Rassen Fleckvieh, Braunvieh, Pinzgauer und Grauvieh Optimum Contributions Ansätze implementiert und auf die aktuellen Populationen angewendet. Bei den Rassen Fleckvieh und Braunvieh wurde bei der Implementierung speziell auf genomische Zuchtprogramme Rücksicht genommen. So wurde für genotypisierte Kandidaten ein approximiertes Verfahren entwickelt, welches die Berechnung eines Rangs nach OC für jedes Tier erlaubt. Dieser Rang könnte in Zukunft eine maßgebliche Information bei der Ankaufsentscheidung von Besamungsstationen werden. Bei Braunvieh wurde die Einbeziehung von Genominformation mit der Berücksichtigung von konventioneller Verwandteninformation verglichen. Aus den Ergebnissen wurde geschlossen, dass der hohe zusätzliche Aufwand für die Erstellung einer genombasierten Verwandtschaftsmatrix die relativ geringe Verbesserung des Inzuchtmanagements über die Einbeziehung von Genominformation derzeit nicht rechtfertigt.

Bei Pinzgauer und Grauvieh wurde die Optimierung für die klassischen Nachkommenprüfprogramme mit konventionellen Verwandtschaften und Zuchtwerten durchgeführt.

Die Ergebnisse wurden den Rassedachverbänden vorgestellt und mit ihnen diskutiert. Verbesserungsvorschläge wurden aufgegriffen und in die Implementierung eingearbeitet.

Die Ergebnisse aus den verschiedenen Arbeitspaketen wurden bei verschiedenen Tagungen und internationalen Kongressen vorgestellt und in nationalen und internationalen Medien publiziert.

Durch die starke Einbeziehung der Praxis im Laufe des Projektes ist ersichtlich, dass Verantwortliche der Rinderzucht bereits begleitend Erkenntnisse aus dem Projekt in die Routine übernommen haben. Die genomischen Zuchtprogramme bei den Rassen Fleckvieh, Braunvieh und Holstein sind bereits in der Praxis etabliert. An der Umsetzung der im Projekt ausgearbeiteten methodischen Verbesserungen im Gesamtzuchtwert und der Optimum Contribution Ansätze wird gearbeitet. Das Zuchtziel wird in Zusammenarbeit mit den deutschen Partnern aktuell überarbeitet. Das Ziel ist die Umsetzung im Jahr 2016.

In den nächsten Jahren wird es weitere praktische Erfahrungen mit der genomischen Selektion geben. Basierend auf diesen neuen Erkenntnissen werden die Zuchtprogramme auch in Zukunft weiter optimiert werden, um die österreichischen Rinderrassen zum Wohle der Züchter nachhaltig weiterzuentwickeln.

2 Summary

Technological advances in genomic selection around the years 2009/2010 have enabled new possibilities for cattle breeding starting. Methodological and computational developments allow the use of new complex calculation methods. Additionally new phenotypes such as the direct health traits are routinely available based on the Health Monitoring – project. The awareness of consumers for healthy foods from healthy animals is increasing. The aim of the research project “OptiGene - Optimization of long-term genetic gain of Austrian cattle breeds with special emphasis on health and genomic selection” was to review and optimize various steps in breeding from breeding goal to the breeding program considering the Austrian circumstances. A special focus was put on genomic selection and health traits.

In work package 1 ‘breeding objective’, an online-survey was carried out to reveal the needs and desires of dairy cattle breeders regarding different traits and trait complexes. Both, Austrian and German dairy cattle breeders put more emphasis on fitness related traits than in earlier surveys. Besides, they ask for inclusion of additional traits related to animal health into the current total merit index. In order to be able to combine different traits and trait complexes, the genetic relationships between traits and their economic weights need to be known. Hence, economic values were derived for traits actually included in the total merit index but also for novel traits being discussed currently. At present, relative economic weights of the trait complexes milk:beef:fitness are 38:16:46 and 48:5:47 in Fleckvieh and Braunvieh, respectively. Neglecting novel traits, the new weighting was 41:14:45 (Fleckvieh) and 42:15:43 (Braunvieh). In both breeds the new economic weights resulted in a very high selection response in the dairy complex (80%). However, negative trends are expected for EUROP grading score, calving ease and in particular for fertility. In order to achieve positive selection response in these traits, their economic weights in the total merit index needs to be increased. The trait rearing losses should also be considered in a future total merit index.

Currently the calculation of the total merit index in the joint German-Austrian genetic evaluation with a selection index method is based upon Miesenberger (1997). This method neglects correlations between the residual effects and leads to inflated deviations of the total breeding values especially with low to medium reliabilities. This can lead to a relevant bias in selection accuracy. As an alternative method, a two-step procedure has been recommended by Ducrocq (2001). In this two-step approach first the approximate pseudo-phenotypes called yield deviations (YD, pre-corrected phenotypes) or de-regressed breeding values are estimated. In the second step variance components and breeding values are estimated using these pseudo-phenotypes and the corresponding weights. Based on a detailed simulation study it was shown that the results for the Ducrocq-method are very close to a multivariate genetic evaluation based on raw data - the genetic correlations were close to one with almost no bias. Using the Ducrocq-method the genetic and residual correlations between all traits in the total merit index were estimated. These are necessary for both the Ducrocq- and the selection index method. The simulation study showed that genetic correlations are very high for the Miesenberger method. However, there was a

significant bias of the overall breeding values in case of low to medium reliabilities, especially in the highest ranking animals. All analyzes made revealed the near-optimal properties of the Ducrocq-method. A practical implementation is therefore generally recommended; however, various practical problems (inclusion of Interbull EBV, genomic evaluation, etc.) still need to be resolved.

As part of the work package "optimization of breeding programs" genomic breeding programs for Austrian Fleckvieh (Simmental), Brown Swiss and Holstein were developed. For the breeds Pinzgauer and Grey Cattle existing breeding programs were evaluated and the possibilities of genomic selection were investigated for these breeds. To design genomic breeding programs optimally, various measures were scientifically analyzed regarding their impact on the genetic progress. Based on higher reliabilities due to genomics, strong preselection of young bulls is a major step to increase genetic gain. The shortening of the generation interval is of particular importance. Reliabilities of the genomic breeding values only have a modest impact on the genetic response for the whole population. Due to higher reliabilities for heifers, the female animal increases in importance. Therefore the use of reproductive technologies is becoming increasingly important. Genomic information is used to detect genetic defects. Strategies for dealing with hereditary defects in the breeding program were worked out. The new genomic breeding programs can achieve an increase in the monetary genetic gain up to about 40% with slightly strengthening fitness compared to the former progeny testing programs. How much genetic response can be actually realized depends on the implementation of the breeding program and factors, like strategies in dealing with genetic defects. Based on current knowledge, higher reliabilities for genomic breeding values can not be achieved in Pinzgauer and Grey cattle in the foreseeable future. Thus, the focus should be placed on the optimization of breeding programs without consideration of higher reliabilities by genomic selection in these breeds.

Different algorithms for the implementation of inbreeding management via optimum contributions (OC) were compared. Due to its suitability for large pedigrees, the stability of the program and the possibility of including genomic data the program "EVA" was selected for further work.

The OC approach was implemented and applied to the current population of the breeds Fleckvieh, Braunvieh, Pinzgau Cattle and Tyrolean Grey Cattle. In Fleckvieh and Braunvieh the genomic breeding programs were taken into consideration. We developed an approximative method, which allows the calculation of an OC rank for each genotyped candidate. This rank could be significant information in the purchase decision of AI centers in the future. The integration of genomic information in the OC approach was compared in Braunvieh with the consideration of conventional information on relationships. From the results of a test run it was concluded that the moderate increase in efficiency did not compensate in a routine application for the high additional computational burden caused by the integration of genomic information in OC. In Pinzgau and Tyrolean Grey Cattle we accounted for the classical progeny testing programs using conventional relationships and EBVs.

The results were presented to the breed federations and discussed with them. Suggestions have been taken up and incorporated into the implementation. Results of the different work packages were presented at various conferences and international congresses and partially published in national and international media .

Based on strong involvement of the organisations' representatives during the project period, continuous implementation into routine has already been achieved.

The genomic breeding programs of Austrian Fleckvieh (Simmental), Brown Swiss and Holstein are already established in practice. The implementation of methodological improvements in the calculation of the overall breeding value and the optimum contribution approaches are in elaboration. The breeding goal is currently revised in cooperation with the German partners. The aim is to implement the new Total Merit Index in 2016. In the coming years there will be more hands-on experience with genomic selection. Based on these new findings, the breeding programs will be continuously optimized towards sustainable improvement of the Austrian cattle breeds..

3 Einleitung

Die Rinderzucht durchläuft derzeit sehr große Veränderungen. Die Einführung der genomischen Selektion führte zur weltweiten Umstrukturierung der Zuchtprogramme. Durch die Möglichkeiten der genomischen Selektion liegen von Jungtieren ohne Eigenleistung oder Nachkommenprüfung bereits Zuchtwerte mit Sicherheiten von 60-70% vor. Dadurch müssen die Zuchtprogramme neu strukturiert werden. Große Steigerungen bei den Zuchtfortschritten von bis zu 100% werden oftmals erwartet (u.a. Pryce und Daetwyler, 2011). Zuchtziele, Zuchtprogramme und die Möglichkeiten der Leistungsprüfung werden überarbeitet. Das Interesse an neuen Merkmalen nimmt weltweit zu. Große Bedeutung kommt hier den direkten Gesundheitsmerkmalen, aber auch Merkmalen zur Verbesserung der Robustheit und Effizienz zu. Auslöser, um Zuchtziele zu überdenken, sind zum einen wirtschaftliche Aspekte, zum anderen jedoch auch die Anforderungen der Konsumenten an die Lebensmittelproduktion. Tierschutz und gesunde Lebensmittel von gesunden Tieren gewinnen immer stärker an Bedeutung.

Verschiedene Publikationen zeigen einen ungünstigen genetischen Zusammenhang von Milchleistung und Fitness bzw. Gesundheit (Veerkamp et al. 2003). Nach Philipsson and Linde (2003) ist bei einer stark auf Milchleistung ausgerichteten Selektion mit einem Rückgang der Fruchtbarkeit und Gesundheit zu rechnen. Durch die Berücksichtigung der verschiedenen Merkmale im Zuchtziel (Gesamtzuchtwert) ist es auch möglich, dass sowohl für Milchleistung als auch für Fitness und Gesundheit ein positiver genetischer Trend erzielt wird. Wenn die direkten Gesundheitsmerkmale in der Zucht berücksichtigt werden, zB Mastitis und Zellzahl, so kann die Effektivität nach Odegard et al. (2003) oder Heringstad et al. (2007, 2009) deutlich erhöht werden.

Die Entwicklung der genetischen Trends und der phänotypischen Entwicklung der Milch- und der Fitnessmerkmale zeigt (ZuchtData, 2010-2014), dass in den letzten Jahren sehr große Zuchtfortschritte bei den Milchleistungsmerkmalen erzielt worden sind. Bei den Fitnessmerkmalen jedoch mit Ausnahme der Nutzungsdauer keine nennenswerten Verbesserungen erzielt werden konnten bzw. teilweise auch leicht negative genetische Trends zu beobachten sind. Das trifft vor allem auf die Fruchtbarkeit zu. Die Voraussetzung für das Vorliegen von neuen Phänotypen für Gesundheitsmerkmale wurde im Zuge des Projektes „Gesundheitsmonitoring Rind“ (Egger-Danner et al. 2012c) geschaffen.

Durch die neuen züchterischen Möglichkeiten durch die genomische Selektion und das Vorliegen von neuen Phänotypen in der Routine war es wichtig, die Schritte im Zuchtgeschehen aufbauend auf dem neuesten Stand der Wissenschaft zu optimieren. Im vorliegenden Forschungsprojekt OptiGene war das Ziel, Zuchtziele, Zuchtwertschätzung und Zuchtprogramme bei Nutzung der neuen Möglichkeiten zu optimieren.

4 Projektorganisation

4.1 Projektpartner

Projektträger: Zentrale Arbeitsgemeinschaft Österreichischer Rinderzüchter (ZAR)/ Rinderzucht AUSTRIA, Dresdner Straße 89/19, 1200 Wien: www.zar.at

Projektkoordination: Dr. Christa Egger-Danner, ZuchtData

Projektpartner:

Universität für Bodenkultur Wien (BOKU), Department für Nachhaltige Agrarsysteme, Institut für Nutztierwissenschaften (www.nas.boku.ac.at/nuwi.html): PD Dr. Birgit Fürst-Waltl, Dr. Alfons Willam, DI Christina Pfeiffer

ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH (www.zuchtdata.at) Dr. Christa Egger-Danner, Dr. Christian Fürst, Dr. Hermann Schwarzenbacher, DI Franz Steininger

Arbeitsgemeinschaft österreichischer Fleckviehzüchter: www.fleckvieh.at

Arbeitsgemeinschaft der österreichischen Braunviehzuchtverbände:
www.BraunviehAustria.at

Holstein Austria: www.holstein.at

Arbeitsgemeinschaft der Pinzgauer Rinderzuchtverbände: www.pinzgauerrind.at

Tiroler Grauviehzuchtverband: www.tiroler-grauvieh.at

4.2 Arbeitspakete

Gemäß dem Ablauf in der Zucht (Abbildung 1) von Zuchtziel, über Leistungsprüfung, Zuchtwertschätzung und Zuchtprogramm wurde hier auch die Erarbeitung des Themas in verschiedene Arbeitspakete gegliedert. Für die Steigerung des Zuchtfortschrittes in den gewünschten Merkmalen, die über das Zuchtziel, den Gesamtzuchtwert, definiert sind, sind Verbesserungsmaßnahmen in den verschiedenen Bereichen zu setzen. Im vorliegenden Projekt „Optimierung der langfristigen züchterischen Entwicklung der österreichischen Rinderrassen unter besonderer Berücksichtigung der Gesundheit und der genomischen Selektion“ standen die Evaluierung und Neugestaltung des Zuchtzieles, die methodische Berechnung des Gesamtzuchtwertes, die Schätzung der Erblichkeiten und genetischen Korrelationen der Merkmale, die Optimierung des Zuchtprogrammes und die Erarbeitung von Zuchtstrategien zum Inzuchtmanagement im Fokus.

Abbildung 1: Ablauf im Zuchtprogramm (Auszug Züchterhandbuch
<https://zar.at/Downloads/Handbuecher.html>)



Der Endbericht ist nach Arbeitspaketen gegliedert. Wenn Ergebnisse aus dem Projekt bereits publiziert wurden, ist im Hauptdokument des Endberichtes nur eine Kurzzusammenfassung dargestellt. Die Publikationen finden sich im Anhang oder über den angegebenen Link im Internet.

AP1: Zuchtziel (verantwortlich PD Dr. Birgit Fürst-Waltl)

AP2: Gesamtzuchtwert (verantwortlich Dr. Christian Fürst)

AP3: Zuchtprogramme (verantwortlich Dr. Christa Egger-Danner)

AP4: Optimum Gene Contribution (verantwortlich Dr. Hermann Schwarzenbacher)

Projektlaufzeit: Das Projekt wurde am 1.11.2011 gestartet und endet mit 30.6.2015.

5 Arbeitspaket 1: Zuchtziel

5.1 Ziele und geplante Maßnahmen

1. Ziel der Züchterbefragung ist es, ein repräsentatives Stimmungsbild zur Bedeutung der verschiedenen Merkmale und Merkmalskomplexe zu erhalten und dadurch die Züchter direkt in den Entscheidungsprozessen hinsichtlich des Ansatzes „desired gain“ in der Definition des Zuchtziels zu berücksichtigen.
2. Ableitung wirtschaftlicher Gewichte unter Berücksichtigung der aktuellen und künftig zu erwartenden wirtschaftlichen Rahmenbedingungen und Aspekten der Marktdiversifizierung.
3. Vergleich der abgeleiteten wirtschaftlichen Gewichte mit den individuellen Gewichtungen der Merkmale aus den Züchterbefragungen.

5.2 Zusammenfassung und Summary

Zusammenfassung Innerhalb des Arbeitspakets 1 ‚Zuchtziel‘ sollte mit Hilfe einer Züchterbefragung ein repräsentatives Stimmungsbild zur Bedeutung der verschiedenen Merkmale und Merkmalskomplexe erhalten werden. Die durchgeführte Züchterbefragung zeigt klar, dass die österreichischen (und deutschen) Milchrinderzüchter vermehrt auf Fitnessmerkmale achten und neue zusätzliche Merkmale im Bereich der Tiergesundheit fordern. Die Kenntnis genetischer Beziehungen zwischen den Merkmalen und deren relative Bedeutung sind nötig, um verschiedene Merkmale in einem Gesamtzuchtwert kombinieren zu können. Daher wurden wirtschaftliche Gewichte für derzeitige Zuchtzielmerkmale aber auch für in Frage kommenden neue Zuchtzielmerkmale abgeleitet. Im derzeitigen Zuchtziel beträgt die relative Gewichtung der Merkmalsblöcke (in %) Milch:Fleisch:Fitness beim Fleckvieh 38:16:46 bzw beim Braunvieh 48:5:47. Ohne Berücksichtigung neuer Merkmale wäre die neue Gewichtung 41:14:45 (Fleckvieh) bzw. 42:15:43 (Braunvieh). Mit diesen neuen Gewichten wäre der Großteil des Zuchtfortschritts in der Milch zu erzielen (ca. 80% bei beiden Rassen). Für die Merkmale Kalbeverlauf und Handelsklasse aber vor allem für die Fruchtbarkeit ist ein negativer Trend zu beobachten, der durch höhere Gewichte im Gesamtzuchtwert verhindert werden kann. Auch das neue Merkmal Aufzuchtverluste sollte in einem neuen Gesamtzuchtwert berücksichtigt werden.

5.3 Einleitung

Die gesamte Landwirtschaft war speziell im 20. Jahrhundert davon geprägt, die Leistungsfähigkeit zu steigern, um die Ernährung der Bevölkerung sicher zu stellen. In den letzten Jahren hat sich diese Zielsetzung allerdings geändert. Natürlich geht es nach wie vor darum, die Ernährung abzusichern und möglichst ökonomisch landwirtschaftliche Betriebe zu führen. Es gilt aber auch, dem Konsumentenwunsch nach möglichst ökologisch produzierten Lebensmitteln nachzukommen. Zusätzlich drängen auch wirtschaftliche Rahmenbedingungen und gesundheitliche Probleme der Nutztiere dazu, Managementsysteme und Zuchtziele zu überdenken und an neue Gegebenheiten

anzupassen. Ziele ändern sich allerdings nicht nur durch Veränderung der externen Rahmenbedingungen, sondern auch durch den in der Vergangenheit erzielten Zuchtfortschritt selbst. Die letzten beiden Jahrzehnte sind geprägt von einer massiven Steigerung des Leistungspotentials unserer Milchkühe. Die durchschnittliche Milchleistung je Laktation der österreichischen Milchkühe stieg in den letzten 15 Jahren um etwa 25-30 Prozent an. Auch in der Tierzucht gilt jedoch die Regel des abnehmenden Ertragszuwachses. Dies führt dazu, dass bei steigender Leistung in den Produktionsmerkmalen der zusätzliche Gewinn einer weiteren Steigerung sinkt. Stattdessen nimmt aber der mögliche Vorteil durch Verbesserung von Fitnessmerkmalen zu. Mit dem Anstieg der Leistung steigen aber auch die Anforderungen an das Management in den Betrieben und seitens der Landwirte wird oftmals die "unkomplizierte, problemlose Kuh" gefordert.

Im Rahmen des vorliegenden Projektes bzw. Arbeitspaketes wurde daher versucht, mittels einer Onlinebefragung der Bedeutung verschiedener Merkmale aus Sicht der Züchter festzustellen. In einem weiteren Schritt sollten neuerlich wirtschaftliche Gewichte unter Berücksichtigung der aktuellen wirtschaftlichen Rahmenbedingungen sowie auch für neue Merkmale abgeleitet werden. Den Abschluss bildet der Vergleich des Zuchtfortschrittes bei rein ökonomischer Gewichtung mit verschiedenen Alternativvarianten um auch in Merkmalen, in denen bisher kein Zuchtfortschritt zu verzeichnen war, einen positiven oder zumindest stabilen Trend erzielen zu können.

Im Folgenden werden einerseits die Züchterbefragung sowie andererseits die Ableitung der wirtschaftlichen Gewichte und die Ergebnisse von Modellrechnungen hinsichtlich des Zuchtfortschrittes im Detail dargestellt.

5.4 Meilensteine – spezielle Fragestellungen

5.4.1 Fragebogenumfrage

5.4.1.1 Hintergrund

Die Definition des Zuchtziels und darauf aufbauend die Definition des Gesamtzuchtwertes spielen bei der Entwicklung von Zuchtprogrammen eine entscheidende Rolle. Fewson (1993) definierte das Zuchtziel mit der "Erstellung von vitalen Tieren, die unter den zukünftigen Produktionsbedingungen einen höchstmöglichen Gewinn sicherstellen". In dieser allgemeinen Definition sind vier wichtige Aspekte enthalten:

1. Das Zuchtziel ist ökonomisch definiert.
2. Die Vitalität der Tiere ist berücksichtigt.
3. Die Definition bezieht sich auf eine breite Basis der tierischen Produktion.
4. Zukünftige Produktionsbedingungen werden berücksichtigt.

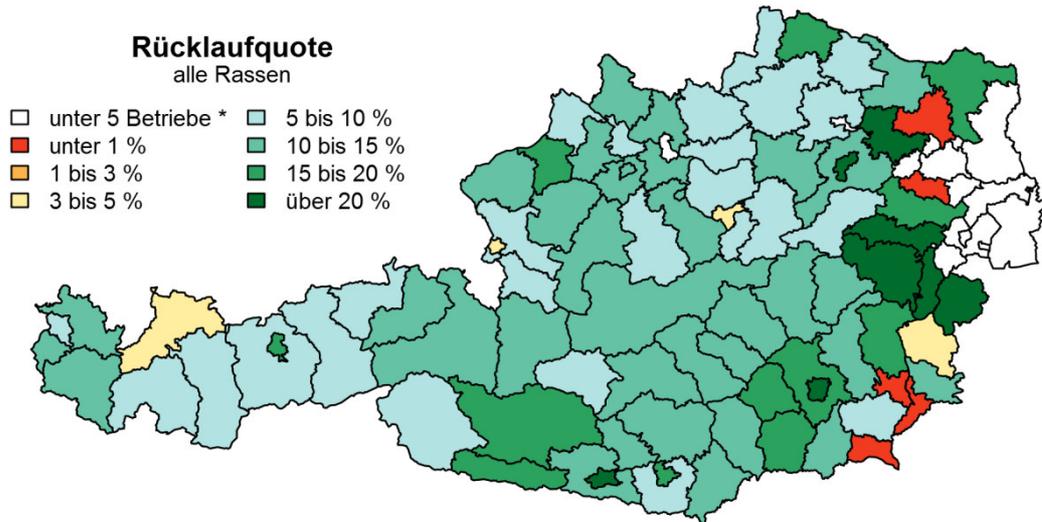
Die Zuchtziele wurden in Österreich 1997 auf Basis des Gesamtzuchtwertes definiert (Miesenberger, 1997). In der Dissertation von Lind (2007) wurden die wirtschaftlichen

Gewichte für die deutschen Milch- und Zweinutzungsrasen neu abgeleitet und dienen als Grundlage für die derzeitige Gewichtung der Merkmale der Rassen Fleckvieh, Braunvieh und Holstein in der deutsch-österreichischen Zuchtwertschätzung. Die Betrachtung der phänotypischen und genetischen Entwicklungen bei den Merkmalen im Gesamtzuchtwert zeigt aber, dass zwar der Zuchtfortschritt bei den Milchleistungsmerkmalen z.B. bei Fleckvieh enorm gesteigert werden konnte, über die letzten 10 Jahre bei den Fitnessmerkmalen jedoch kaum Verbesserungen erzielt werden konnten (Egger-Danner und Willam, 2011). Aufbauend auf Züchterbefragungen und erneuter Ableitung der wirtschaftlichen Gewichte unter Beachtung von geänderten und möglichen zukünftigen Rahmenbedingungen soll das Zuchtziel 2020 erfasst werden, wobei nicht nur mögliche neue Merkmalskomplexe sondern auch unterschiedliche Zielgruppen berücksichtigt werden. In Anlehnung an das Forschungsprojekt „Zuchtplanung und Optimierung der Zuchtprogramme für die Rassen Fleckvieh und Braunvieh“ (Egger-Danner et al., 2000) wurden daher als erster Schritt im Rahmen dieses Arbeitspaketes Fragebögen für die Züchterbefragung entwickelt.

5.4.1.2 Material und Methode

In den Monaten Februar und März 2012 wurde in Abstimmung mit den österreichischen Zuchtverbänden ein Fragebogen entwickelt, mit dem die Interessen und Bedürfnisse der Züchterinnen und Züchter erhoben werden sollten. Dieser Fragebogen konnte von den Züchtern im Zeitraum vom 16. März bis 8. August 2012 mittels der Plattform SurveyMonkey (de.surveymonkey.com) beantwortet werden. In diesem Zeitfenster wurde der Fragebogen von insgesamt 2218 Milchviehzüchtern beantwortet. Aufbauend auf den in Österreich verwendeten Fragebögen erfolgte von Juni 2012 bis Februar 2013 in Deutschland und von August 2012 bis Jänner 2013 in Tschechien eine ähnliche Umfrage. Von den deutschen Züchtern wurde der Fragebogen 609-mal und von tschechischen Züchtern 78-mal beantwortet. Insgesamt konnte in Österreich eine durchschnittliche Rücklaufquote von knapp über 11 Prozent erreicht werden. Abbildung 5.1 zeigt die regionale Verteilung der Rücklaufquote in Österreich über alle Rassen; Tabelle 5.1 stellt die Betriebsstruktur der Umfrageteilnehmer in den verschiedenen Ländern dar.

OptiGene-Fragebogen



Beantwortung des Fragebogens von 16. März bis 8. August 2012
* Bezirke mit weniger als 5 Zuchtbetrieben sind weiß dargestellt.

Abbildung 5.1: Regionale Verteilung der Rücklaufquote der Züchterbefragung in Österreich

Tabelle 5.1 Relative Verteilung der beantworteten Fragebögen nach Rasse und Betriebsstruktur.

	alle (DEA)	FL (AUT)	FL (DEU)	BV (AUT)	BV (DEU)	PI (AUT)	GR (AUT)
Fragebögen (n)	2836	1635	385	398	201	82	103
in Prozent	100,00%	57,65%	13,58%	14,03%	7,09%	2,89%	3,63%
Milchleistung							
unter 5.000 kg	4,16%	2,39%	0,78%	2,26%	1,00%	19,51%	47,57%
5.000 bis 5.999 kg	9,87%	9,48%	3,12%	8,04%	0,50%	45,12%	39,81%
6.000 bis 6.999 kg	21,79%	24,46%	12,21%	27,89%	9,95%	29,27%	12,62%
7.000 bis 7.999 kg	27,08%	28,38%	29,35%	28,64%	32,84%	2,44%	0,00%
8.000 bis 8.999	23,41%	21,35%	35,06%	23,12%	39,30%	2,44%	0,00%
über 9.000 kg	13,68%	13,94%	19,48%	10,05%	16,42%	1,22%	0,00%
Anzahl Milchkühe							
unter 15	29,06%	29,05%	7,01%	40,45%	5,97%	63,41%	91,26%
15 bis 29	36,28%	44,65%	15,58%	42,71%	19,40%	23,17%	7,77%
30 bis 49	19,89%	19,63%	27,01%	11,81%	36,32%	10,98%	0,00%
über 50	14,77%	6,67%	50,39%	5,03%	38,31%	2,44%	0,97%
Bio							
Ja	18,51%	20,06%	3,64%	18,84%	4,48%	68,29%	39,81%
Nein	81,49%	79,94%	96,36%	81,16%	95,52%	31,71%	60,19%
Geschlecht							
männlich	73,63%	70,40%	78,78%	75,88%	87,94%	69,51%	75,73%
gemeinsam	10,97%	11,99%	6,90%	12,31%	6,53%	13,41%	12,62%
weiblich	15,40%	17,61%	14,32%	11,81%	5,53%	17,07%	11,65%
Alter							
unter 30	15,72%	13,64%	25,99%	12,31%	24,62%	15,85%	5,83%
30 bis 40	28,71%	29,30%	25,73%	30,15%	25,63%	21,95%	34,95%

5.4.1.3 Ergebnisse und Diskussion

Stärken und Schwächen der Rasse

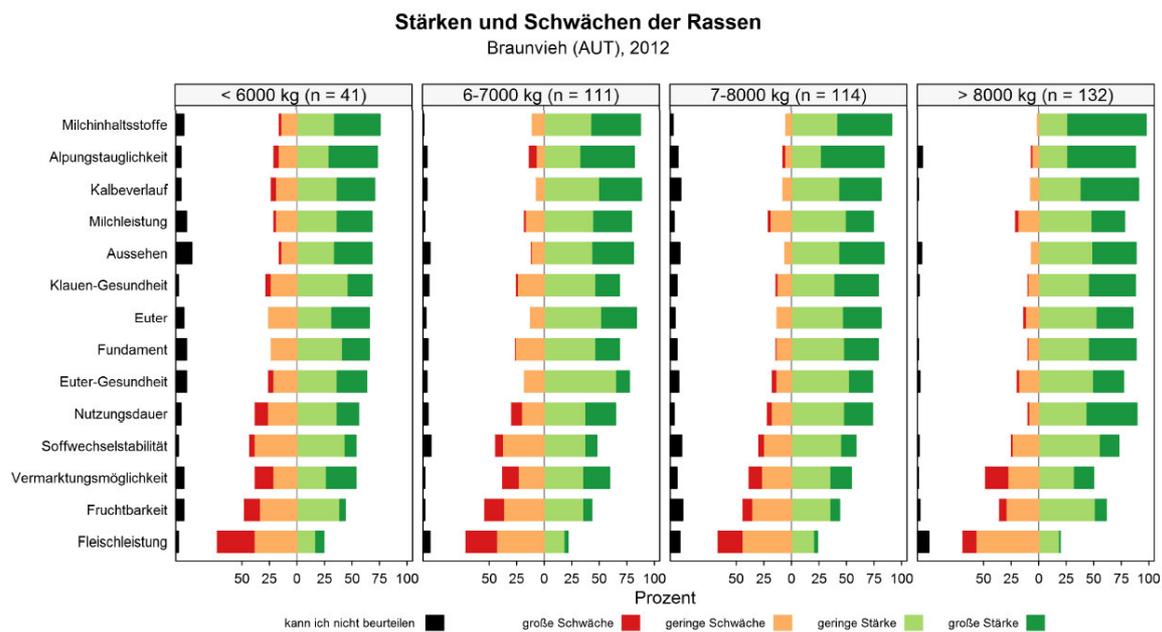
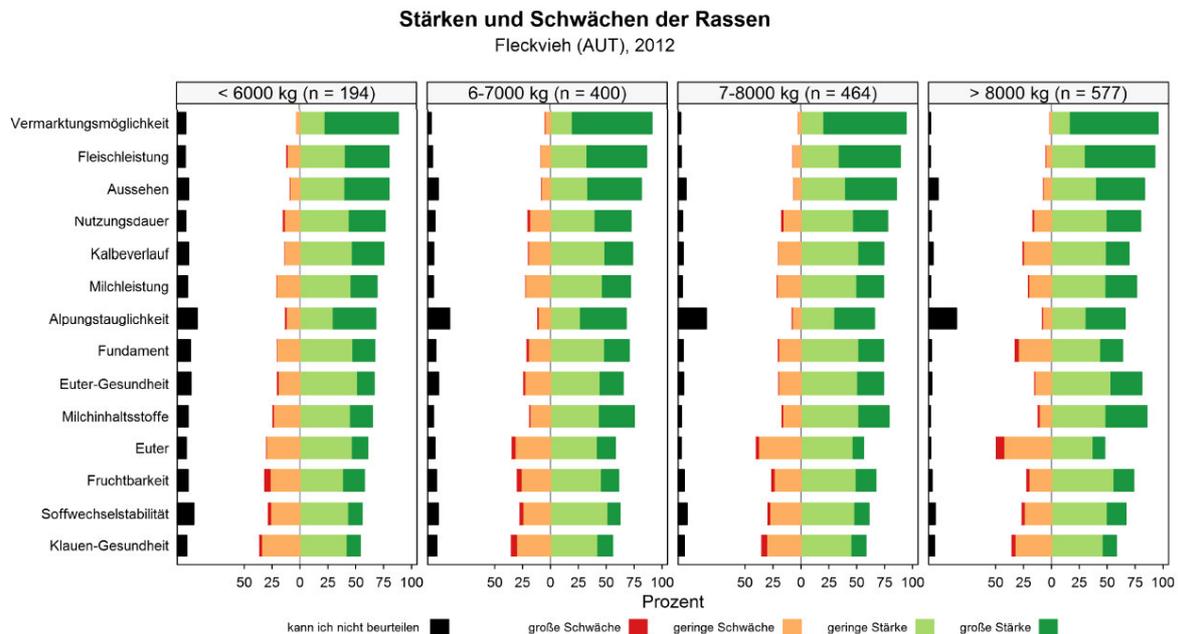


Abbildung 5.2 Einschätzung der Stärken und Schwächen der Haupt rasse am Betrieb gruppiert nach durchschnittlicher Milchleistung der Herde am Betrieb für Fleckvieh und Braunvieh (Datengrundlage: Österreich)

Eingangs wurden die Umfrageteilnehmer gebeten, die Stärken und Schwächen ihrer Haupt rasse am Betrieb einzuschätzen. Abbildung 5.2 stellt beispielhaft die Einschätzung für die Rassen Fleckvieh und Braunvieh bei unterschiedlichen Leistungsniveaus der Herde dar. Für die Rasse Fleckvieh zeigt sich, dass bei steigender Milchleistung Eutergesundheit,

Fundament und Kalbeverlauf kritisch gesehen wird, während speziell Fleischleistung, Milchinhaltstoffe und Fruchtbarkeit vermehrt als Stärken von Fleckvieh gesehen werden. Bei der Rasse Braunvieh wird die Fruchtbarkeit vor allem auf Betrieben mit niedriger Milchleistung als Schwäche der Rasse wahrgenommen. Die großen Stärken der Rasse sind Milchinhaltstoffe, Alpengauglichkeit und Kalbeverlauf, welche bei steigender Milchleistung noch stärker positiv wahrgenommen werden. Die Nutzungsdauer und Stoffwechselstabilität wird speziell von Braunviehzüchtern mit höheren durchschnittlichen Milchleistungen als Stärke ihrer Rasse gesehen.

Gewichtung der Merkmalskomplexe

Rassentypisch legen die Züchter der Rassen Fleckvieh, Braunvieh und Pinzgauer am meisten Gewicht (ca. 36-40%) in ihrem persönlichen Zuchtziel auf die Milchmerkmale, gefolgt von den Fitnessmerkmalen mit 29-32% (Abbildung 5.3). Die Exterieurmerkmale sind den Fleckvieh- und Braunviehzüchtern mit ca. 20% nahezu gleich wichtig, während die Fleckviehzüchter doch etwas mehr Gewicht auf die Fleischleistung legen. Nur die Grauviehzüchter legen bereits mehr Gewicht auf den Fitnesskomplex (30%) als auf alle anderen Merkmalsgruppen.

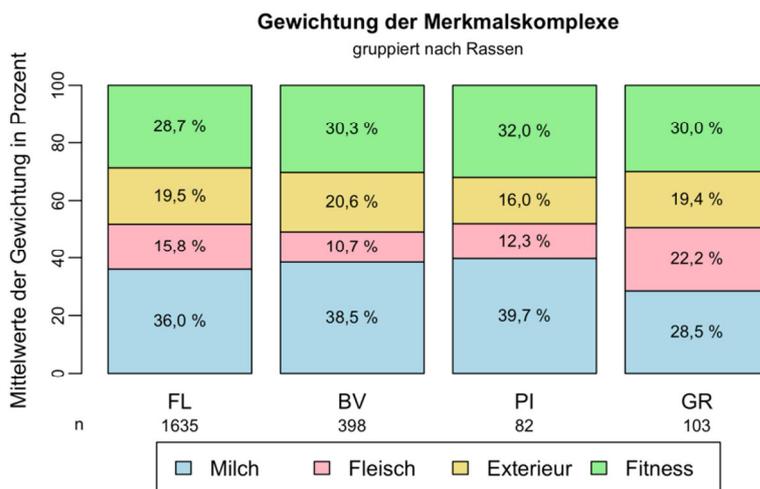


Abbildung 5.3 Gewichtung der Merkmalskomplexe im persönlichen Zuchtziel der österreichischen Züchter nach Rasse

Abbildung 5.4 zeigt den massiven Bedeutungszuwachs der Fitnessmerkmale (ca. +10 Prozentpunkte) bei Fleckvieh und Braunvieh im Vergleich der Jahre 1999 und 2012. Dieses Mehrgewicht auf den Fitnesskomplex geht hauptsächlich zu Lasten der Produktionsmerkmale für Milch und Fleisch. Auch die Exterieurmerkmale haben in den letzten 13 Jahren an Bedeutung gewonnen.

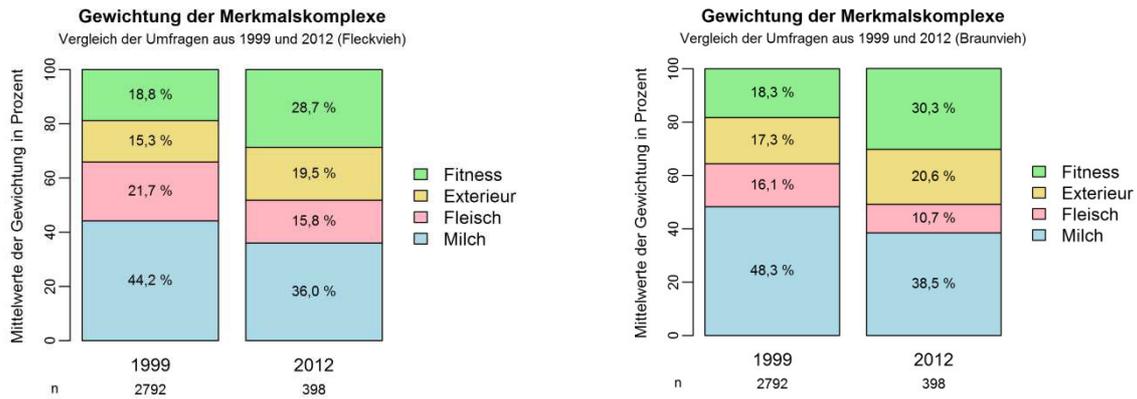
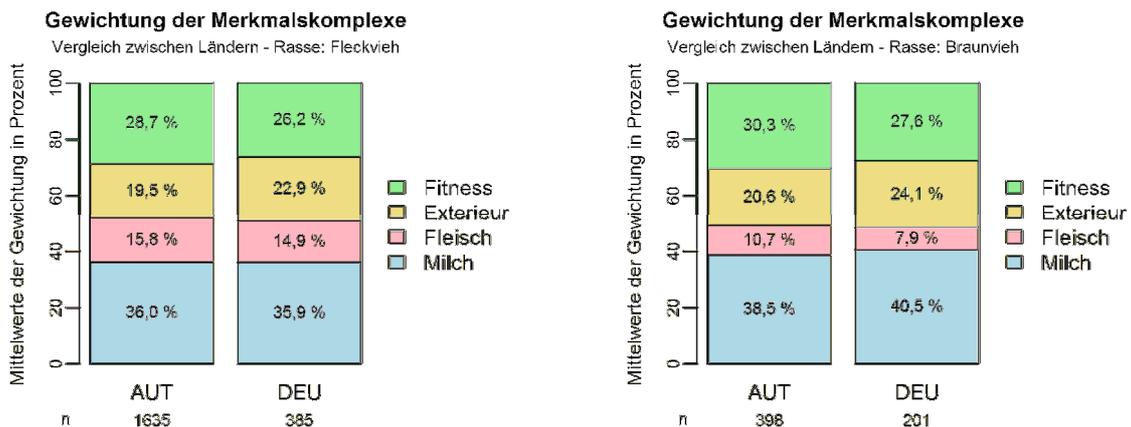


Abbildung 5.4 Gewichtung der Merkmalskomplexe bei Fleckvieh und Braunvieh im Vergleich der Jahre 1999 und 2012. (Datengrundlage: Österreich)

Der Vergleich der Umfrageergebnisse in Österreich und Deutschland zeigt allgemein geringe Unterschiede: das Ranking der gefragten Merkmale ändert sich auch bei den Detailabfragen kaum und zeigt meist nur geringe Schwankungen (Abbildung 5.5). Fitness- und Fleischmerkmale werden in Österreich etwas mehr, dafür die Exterieurmerkmale etwas weniger stark gewichtet.

Abbildung 5.5 Vergleich der Gewichtung der Merkmalskomplexe zwischen Österreich und Deutschland bei Fleckvieh und Braunvieh



Das persönliche Zuchtziel im Detail

Im Wesentlichen kann festgestellt werden, dass beim überwiegenden Anteil der teilnehmenden Züchter die Fitnessmerkmale ganz oben im persönlichen Zuchtziel stehen. Speziell Fruchtbarkeit, Nutzungsdauer sowie Euterform- und Gesundheit führen das Ranking klar an. Nur bei den Züchtern der Rasse Pinzgauer sind die Merkmale Milchleistung- und -inhaltsstoffe noch auf den Spitzenplätzen (Abbildung 5.6).

Auch in Deutschland führen eindeutig die Fitnessmerkmale die Reihung an. Merkbare Unterschiede zwischen den beiden Ländern Österreich und Deutschland (Abbildung 5.7) sind nur bei Nutzungsdauer und Persistenz, welche die deutschen Züchter im Durchschnitt als wichtiger erachten als ihre österreichischen Kollegen, zu erkennen.

Abbildung 5.8 zeigt wie sich das persönliche Zuchtziel bei den Fleckviehzüchtern mit steigender durchschnittlicher Milchleistung in der Herde verändert. Während Milchleistung,

Milchinhaltstoffe und Fleischleistung an Bedeutung verlieren, gewinnen die Merkmale Nutzungsdauer, Euter, Persistenz und vor allem Fundament an Bedeutung.

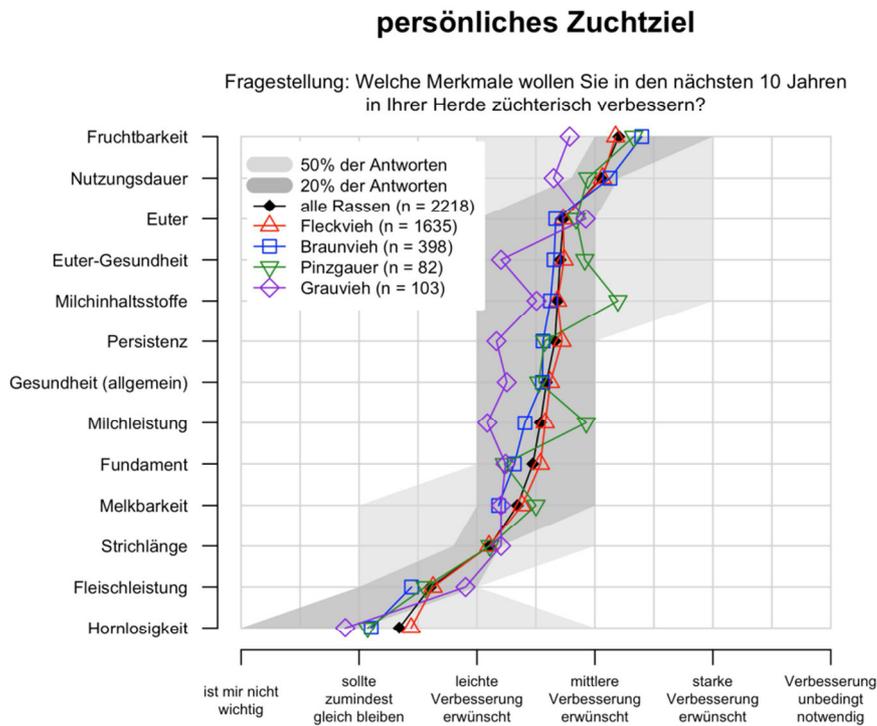


Abbildung 5.6 Ranking der wichtigsten Merkmale im persönlichen Zuchtziel österreichischer Züchter

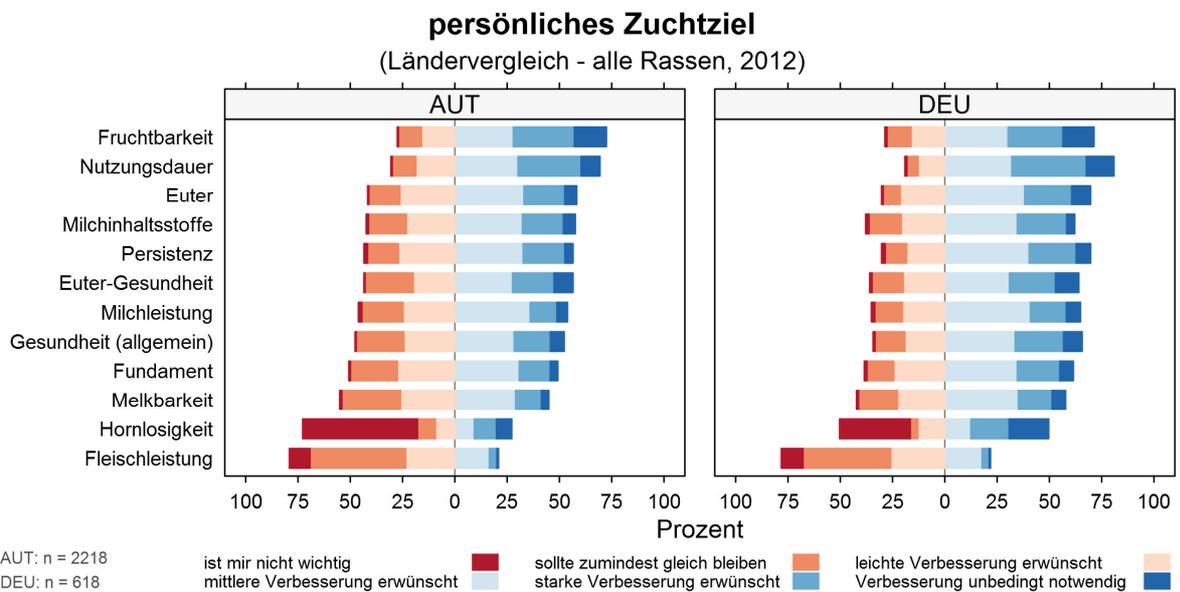


Abbildung 5.7 Ranking der wichtigsten Merkmale im persönlichen Zuchtziel über alle Rassen hinweg im Vergleich Österreich zu Deutschland

persönliches Zuchtziel
Fleckvieh (AUT und DEU), 2012

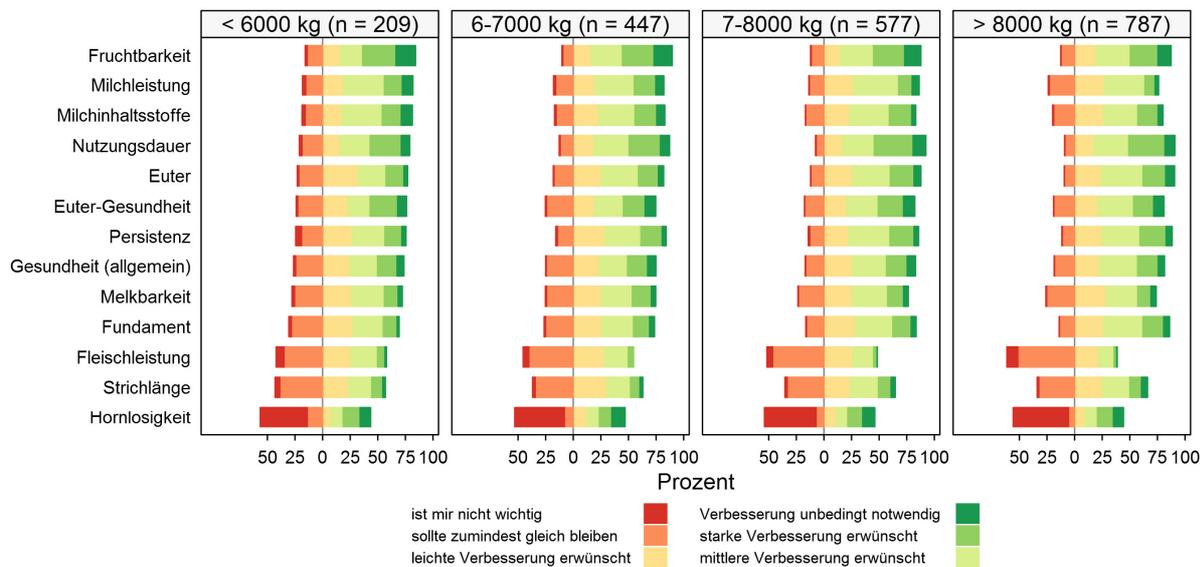


Abbildung 5.8 Veränderung des persönlichen Zuchtziels bei unterschiedlicher durchschnittlicher Herdenleistung für die Rasse Fleckvieh (Datengrundlage: Österreich und Deutschland)

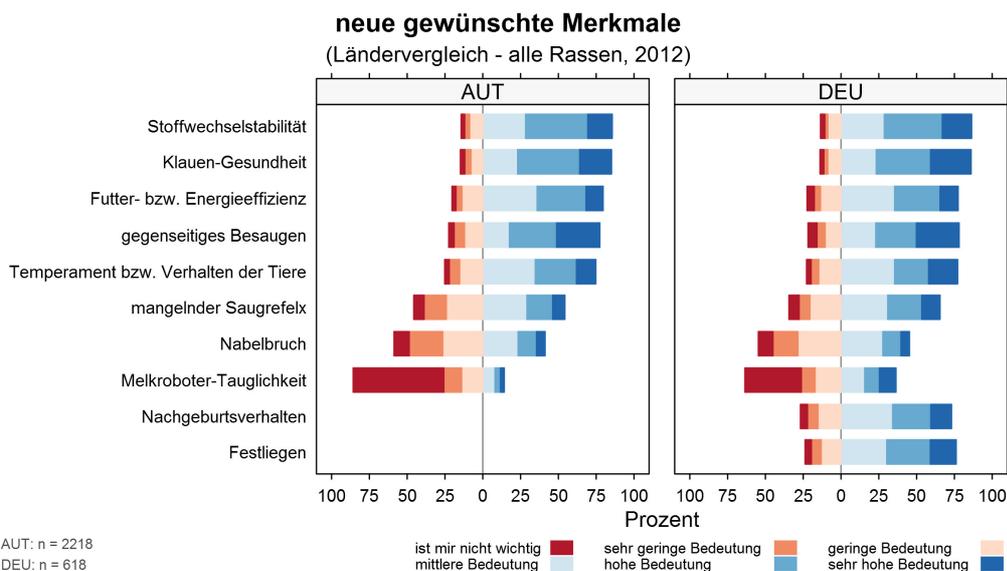


Abbildung 5.9 Ranking für neue gewünschte Merkmale für die Zuchtwertschätzung in Österreich und Deutschland.

Zusätzlich gewünschte Merkmale

Die Umfrageteilnehmer wurden auch nach zusätzlichen Merkmalen befragt, für die derzeit noch keine Zuchtwerte geschätzt werden. Hierbei ergab sich ein sehr eindeutiges Ranking, welches kaum von anderen Parametern beeinflusst wurde. Die Top 5 belegen etwa gleichauf die Merkmale: Stoffwechselstabilität, Klauen-Gesundheit, Futter- bzw. Energie-Effizienz, gegenseitiges Besaugen und Temperament bzw. Verhalten der Tiere. Unterschiede zeigten sich hauptsächlich bei rassenspezifischen Problemen wie z.B.: mangelnder Saugreflex oder gegenseitiges Besaugen.

Abbildung 5.9 zeigt, dass die nur in Deutschland abgefragten Merkmale Nachgeburtungsverhalten und Festliegen für die Züchter in Deutschland ebenfalls interessant wären. Diese Frage wurde in Österreich nicht gestellt, da beide Merkmale schon routinemäßig im Rahmen des Gesundheitsmonitoring erhoben werden. Bei den in beiden Ländern abgefragten Merkmalen zeigen sich kaum Unterschiede.

Download der Auswertungs-Ergebnisse unter <http://www.zar.at/article/archive/19424>:

- [Österreichweite Zusammenfassung der Züchterbefragung \(alle Rassen\)](#)
- [Österreichweite Zusammenfassung der Züchterbefragung \(Fleckvieh\)](#)
- [Österreichweite Zusammenfassung der Züchterbefragung \(Braunvieh\)](#)
- [Österreichweite Zusammenfassung der Züchterbefragung \(Pinzgauer\)](#)
- [Österreichweite Zusammenfassung der Züchterbefragung \(Grauvieh\)](#)

Genauere Auswertungen aus Österreich sind in den Beiträgen der Mitteilungen der Arbeitsgemeinschaft österreichischen Fleckviehzüchter nachzulesen. Die Ergebnisse aus Deutschland und Tschechien sind den beiliegenden Artikeln zu entnehmen.

5.4.1.4 Schlussfolgerung

In den letzten Jahren wurde viel im Bereich neuer Zuchtmethoden geforscht und weiterentwickelt. Speziell mit der genomischen Selektion wurde den Züchtern ein mächtiges Werkzeug in die Hand gelegt, dessen zukünftige Möglichkeiten heute noch nicht vollkommen abgeschätzt werden können. Es ist wichtig, sich bewusst zu machen, dass derartige Zuchtmethoden zwar die Geschwindigkeit des Zuchtfortschritts erhöhen, aber nicht das Ziel verändern können.

Die durchgeführte Züchterbefragung zeigt klar, dass die österreichischen (und deutschen) Milchrinderzüchter vermehrt auf Fitnessmerkmale achten und neue zusätzliche Merkmale im Bereich der Tiergesundheit fordern. Für den einzelnen Landwirt wird es in Zukunft immer wichtiger werden, wirtschaftlich Milch zu produzieren. Dies bedarf natürlich einer entsprechenden Milchleistung, aber auch durch Kostenreduktion kann die Wirtschaftlichkeit erhöht werden.

5.4.2 Wirtschaftliche Gewichte und desired gain Ansatz

5.4.2.1 Hintergrund

In einem auf die Verbesserung der Wirtschaftlichkeit ausgerichteten Zuchtziel sollten alle wirtschaftlich wichtigen Merkmale berücksichtigt werden. Der Gesamtzuchtwert (GZW) stellt dabei die mathematische Definition des Zuchtzieles dar und basiert auf der Selektionsindextheorie (Hazel und Lush, 1942). Für seine Berechnung müssen die Einzelzuchtwerte, deren Sicherheiten, die wirtschaftlichen Gewichte der Zuchtzielmerkmale und die entsprechenden genetischen Korrelationen zwischen den Merkmalen bekannt sein. Mit der Einführung der Gesundheits-Zuchtwertschätzung für das Braunvieh erfolgte auch eine Berücksichtigung von Gesundheitsmerkmalen im GZW. Dies betrifft die Merkmale Mastitis, Frühe Fruchtbarkeitsstörungen und Zysten, die über die Indices Fruchtbarkeitswert (FRW) und Eutergesundheitswert (EGW) einbezogen werden (Fuerst und Egger-Danner, 2013, 2014). Die für diese Berechnungen nötigen wirtschaftlichen Gewichte gehen auf die Arbeit von Miesenberger (1997) zurück; im Jahr 2007 wurden wirtschaftliche Gewichte auf Basis desselben Modells neuerlich geschätzt (Lind, 2007) wobei Zellzahl und Mastitis als ein gemeinsames Merkmal berücksichtigt wurden. Mit Ende des Projektes Gesundheitsmonitoring Rind und dessen Überführung in die Routine folgte schließlich die Ableitung der wirtschaftlichen Gewichte für Frühe Fruchtbarkeitsstörungen, Zysten und Milchfieber (Fuerst-Waltl et al., 2010).

Hinsichtlich der genetischen Trends konnten hohe Zuchtfortschritte bei der Milchmenge (ca. 60-90 kg / Jahr in den letzten 10 Jahren) erreicht werden, während die Trends für Fett- und Eiweißgehalt, Fleischmerkmale und Zellzahl mehr oder minder stabil waren. Auch für die Nutzungsdauer, die Melkbarkeit, die Persistenz und den Exterieurkomplex konnten deutlich positive genetische Trends verzeichnet werden. Demgegenüber stehen ein negativer genetischer Trend für die maternale Fruchtbarkeit und ein kontinuierlicher Rückgang beim Besamungserfolg. Über alle Rassen hinweg wünschen die Züchter eine Verbesserung dieses Merkmalskomplexes. Im Zeitalter der genomischen Selektion kann im Allgemeinen mit höheren Zuchtfortschritten gerechnet werden. Egger-Danner et al. (2012b) konnten aber im Rahmen von Zuchtplanungsrechnungen zeigen, dass ein negativer genetischer Trend nur durch entsprechend höhere Gewichtung der Merkmale im Gesamtzuchtwert erreicht werden kann.

Ziele des vorliegenden Projektes sind u.a. die Optimierung der Zuchtziele und Zuchtprogramme sowie die Verbesserung der Berechnung des Gesamtzuchtwertes mit möglicher Berücksichtigung neuer Merkmale. Einer der Schwerpunkte im Rahmen des Arbeitspaketes 1 ist daher der Vergleich realisierbarer Selektionserfolge basierend auf Selektion nach ökonomischem GZW und verschiedenen alternativen Szenarien. Zu diesem Zweck wurden für die Rassen Fleckvieh und Braunvieh mit aktuellen Kosten und Preisen neuerlich wirtschaftliche Gewichte abgeleitet. Hinsichtlich der Gesundheitsmerkmale wurden die Zellzahl und die Mastitis getrennt behandelt sowie die Ketose zusätzlich berücksichtigt. Für das neue Merkmal Aufzuchtverluste wurden erstmals ebenfalls

wirtschaftliche Gewichte abgeleitet. Dies erfolgt in Zusammenarbeit mit der von Dr. Pera Herold (Baden-Württemberg) geleiteten Arbeitsgruppe Zuchtziel 2015 des deutsch-österreichischen Zuchtwertschätzteams (weitere Mitglieder: Dr. Egger-Danner, Dr. Fürst, Dr. Götz, Dr. Krogmeier, Dr. Kucera, Dr. Röhrmoser, Ing. Tanzler, Dr. Weidele, Dipl.-Ing. Winkler; beratende Funktion: Dr. Fürst-Waltl, LD Heim).

5.4.2.2 Material und Methode

Die Ableitung der wirtschaftlichen Gewichte erfolgte mit einem Herdenmodell. Das dazu verwendete Computerprogramm wurde ursprünglich von Amer et al. (1996) für die Optimierung von Managemententscheidungen in Rinder haltenden Betrieben entwickelt und von Miesenberger (1997) für die Schätzung wirtschaftlicher Gewichte österreichischer Rinderrassen adaptiert. Lind (2007) und Fuerst-Waltl et al. (2010) führten zusätzliche Erweiterungen hinsichtlich der Berücksichtigung neuer Merkmale durch.

Modell

Im Rahmen des Herdenmodells wird eine Rinderherde mit den Bereichen Milchproduktion, Aufzucht und Mast in einem statischen Zustand über einen unendlichen Planungshorizont dargestellt. Diese wurden von Reinsch (1993) mittels Markoff-Ketten berechnet und ebenfalls zur Ableitung von wirtschaftlichen Gewichten herangezogen. Der Autor zeigte, dass der Durchschnittsertrag je Übergang und Zeiteinheit, dies entspricht dem Durchschnittsertrag je Stallplatz und Jahr, bei Unterstellung eines unendlichen Planungshorizontes vom Anfangszustand des Prozesses und den Abzinsungsfaktoren nicht beeinflusst wird. Aus den Ergebnissen der einzelnen Bereiche wurden die Ergebnisse je Herdendurchschnittskuh und Jahr ermittelt. Für die Ableitung der wirtschaftlichen Gewichte müssen die den jeweiligen Merkmalen entsprechenden Parameter variiert werden. Aus der dadurch hervorgerufenen Änderung des Durchschnittsgewinnes je Herdendurchschnittskuh und Jahr werden die wirtschaftlichen Gewichte mittels Differenzenrechnung ermittelt. Im Gegensatz zu Reinsch (1993) wurden in dieser Untersuchung alle Faktoren wie Standplätze, Futter, Arbeitskräfte usw. als variabel betrachtet. Um Doppelberücksichtigungen zu vermeiden (Dempfle, 1992) erfolgt die Ableitung für jedes Merkmal unter Konstanzhaltung aller übrigen Merkmale. Um die Ergebnisse auf eine Herdendurchschnittskuh beziehen zu können, werden tägliche Ergebnisse gewichtet nach der entsprechenden Kuhklasse über die Zwischenkalbezeit oder bis zur Merzung summiert. Die Ergebnisse werden als Grenznutzen in € pro Merkmalseinheit (z.B. pro kg Fettmenge oder pro % Totgeburtenrate) und als wirtschaftliches Gewicht in € pro genetischer Standardabweichung ($\text{€}/s_a$) ausgedrückt. Eine detaillierte Beschreibung des verwendeten Modells geben Miesenberger (1997) und Lind (2007).

Merkmale

Merkmale, für die wirtschaftliche Gewichte abgeleitet wurden, decken sich im Wesentlichen mit jenen von Miesenberger (1997), Lind (2007) bzw. Fürst-Waltl et al. (2010). Neu berücksichtigte Merkmale sind Aufzuchtverluste, die getrennte Analyse von Mastitis und

Zellzahl sowie die Ketose. Aufzuchtverluste waren im ursprünglichen Programm bereits modelliert, es wurden jedoch keine wirtschaftlichen Gewichte für dieses Merkmal abgeleitet.

Ausgewählte Annahmen

Ausgehend von den Annahmen von Lind (2007) und aktuellen Auswertungen wurden die Anteile der Kühe in verschiedenen Herdenklassen in den Laktationen 1 bis 9 (Überlebende, freiwillige und unfreiwillige Merzung, Merzung auf Grund von Unfruchtbarkeit) adaptiert. Die Altersstruktur für Fleckvieh und Braunvieh wird in den Tabellen 5.10 und 5.11 dargestellt. Freiwillige Merzung wurde nur bis zur 4. Laktation unterstellt, generell erfolgten die Abgänge auf Grund von Unfruchtbarkeit am Tag 300 bzw. bei unfreiwilliger und freiwilliger Merzung am Tag 230 der jeweiligen Laktation. Wegen unterschiedlicher Konzeptionsraten in den einzelnen Laktationen ergaben sich jedoch verschiedene Zwischenkalbezeiten.

Tabelle 5.10 Anteile (in %) in verschiedenen Laktationen und Kuhklassen für das Fleckvieh (UFR = Unfreiwillige Merzung, FRU = Merzung wegen Fruchtbarkeit, FREI = freiwillige Merzung, ÜBL = Überlebende) zur Darstellung der Altersstruktur

	Laktationen								
	1	2	3	4	5	6	7	8	9
UFR	3,76	3,31	2,87	2,38	3,19	2,22	1,27	0,64	0,74
FRU	1,04	0,79	0,61	0,55	0,51	0,30	0,16	0,08	0,00
FREI	2,02	1,10	0,84	0,50	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
ÜBL	22,08	16,87	12,55	9,11	5,41	2,89	1,46	0,74	0,00
Total	28,90	22,08	16,87	12,55	9,11	5,41	2,89	1,46	0,74

Tabelle 5.11 Anteile (in %) in verschiedenen Laktationen und Kuhklassen für das Braunvieh (UFR = Unfreiwillige Merzung, FRU = Merzung wegen Fruchtbarkeit, FREI = freiwillige Merzung, ÜBL = Überlebende) zur Darstellung der Altersstruktur

	Laktationen								
	1	2	3	4	5	6	7	8	9
UFR	2,73	2,37	2,76	2,33	3	2,06	1,34	0,72	0,86
FRU	1,11	0,87	0,7	0,72	0,64	0,39	0,22	0,13	0
FREI	1,91	1,08	0,86	0,52	0	0	0	0	0
ÜBL	21,57	17,24	12,92	9,36	5,73	3,28	1,71	0,86	0
Total	27,32	21,57	17,24	12,92	9,36	5,73	3,28	1,71	0,86

Tabellen 5.12-5.14 geben einen Überblick über ausgewählte Inputparameter, Kosten und Preise und die zur Verfügung stehenden Futtermittel. Kosten und Preise (z.B. Futtermittel, Milch, Schlachtkörper, Besamungen, Arbeitskosten) wurden mit Hilfe von diversen Marktberichten, Datensammlungen für die Landwirtschaftsberatung sowie Kalkulationshilfen (e.g. Over et al., 2013; Hamm et al., 2013; www.ama.at) ermittelt.

Populationsparameter wurden mit Hilfe von Auswertungen der ZuchtData (ZuchtData, 2013) sowie aus den aktuellen Zuchtwertschätzungen übernommen. Durchschnittliche Tierarzt- und Medikamentenkosten für berücksichtigte Krankheiten stammen aus einer Gemeinschaftstierarztpraxis in Österreich. Die Kosten für Krankheiten ergaben sich aus Kosten für den Tierarzt, Medikamente, Arbeitszeit des Landwirtes und Verlust an nicht lieferbarer Milch durch Wartezeiten. Durchschnittliche anteilige Nachbehandlungskosten wurden ebenso berücksichtigt. Für die Kosten von Schwereburten bzw. eines Kaiserschnitts wurden € 70 bzw. € 300,- sowie jeweils 1,5h Arbeitszeit unterstellt (Tabelle 5.13).

Tabelle 5.12 Ausgewählte Inputparameter für Fleckvieh und Braunvieh

Inputparameter	Einheit	Fleckvieh	Braunvieh
Erstkalbealter	d	890	930
Lebendmasse Kuh	kg	750	700
Standardlaktion (1. L.)	kg	7000	7150
Fettprozent (1./2./3.+ L.)	%	4,12/4,10/4,08	4,16/4,21/4,15
Eiweißprozent (1./2./3.+ L.)	%	3,45/3,50/3,45	3,47/3,56/3,50
SCS (Ø)	Klasse	3,3	3,6
Totgeburtenrate	%	3,8	4,5
Alter Kalbin bei Verkauf	d	830	850
Mastendgewicht Stiere	kg	720	690
Ausschlachtung Stiere	%	57,3	55,5
Anteil Handelskl. E+U	%	64,5	17,1
Anteil Schwereburten	%	3,4	2,9

Tabelle 5.13 Ausgewählte Kosten und Preise

Merkmal	€/Einheit
Arbeitskosten pro h	15
Besamungskosten	30,50
Schweregeburt/Kaiserschnitt ¹	92,50/322,50
Stallplatz Kalbin/Kuh und Jahr	200/400
Mastitis ²	340,55
Frühe Reproduktionsstörungen	283,00
Zysten ²	67,02
Milchfieber ²	204,50
Ketose ²	242,60
Schlachtkalbin/kg (FV/BV)	3,50/3,10
Zuchtkalbin (FV/BV)	1500/1300
Milchträger	0,11
Fett-kg	3,06
Eiweiß-kg	3,82
Maststier/kg (EUROP)	3,70/3,65/3,61/3,19/2,70

¹ inkl. Arbeitszeit Landwirt, ² Durchschnittskosten pro Erstdiagnose unter Berücksichtigung von Medikamenten- und Tierarzkosten, Arbeitszeit inkl. erhöhter Aufwand Milchtrennung, Verlust durch nicht lieferbare Milch sowie anteiliger Nachbehandlungskosten

Tabelle 5.14 Überblick über zur Verfügung stehende Futtermittel

Futtermittel	€/kg TM	Protein (g XP)	NEL (MJ)	Rohfaser-Anteil
Heu, 2. Schnitt	0,20	133	5,28	0,284
Grassilage	0,18	150	6,10	0,213
Maissilage	0,16	131	6,48	0,210
Gerste	0,17	124	8,28	0,057
Soja	0,50	398	9,90	0,062

Kosten für Milchleistungskontrolle, Mineralstoffe, Strom, Wasser usw. wurden in dieser Untersuchung analog zu Miesenberger (1997) und Lind (2007) nicht separat berücksichtigt. Dies deshalb, weil davon ausgegangen wurde, dass diese Kosten die wirtschaftlichen Gewichte nur unwesentlich beeinflussen. Auch der Verkauf männlicher Zuchttiere wurde nicht berücksichtigt, da er auf Grund des hohen Anteils künstlicher Besamung und dadurch geringer Anzahl männlicher Zuchttiere bezogen auf die Herdendurchschnittskuh vernachlässigbar ist.

Die erste 305-Tage Laktation wurde beim Fleckvieh mit 7000 kg und beim Braunvieh mit 7150 kg angenommen (Tabelle 5.12). Laktationsleistungen in den höheren Laktationen wurden mit Hilfe von Alterungsfaktoren berechnet (Tabelle 5.15), die höchste Laktationsleistung wurde bei beiden Rassen in der 4. Laktation erzielt.

Tabelle 5.15 Unterstellte Alterungsfaktoren für Fleckvieh und Braunvieh für die Milchmenge von der ersten bis zur neunten Laktation

Rasse	Altersfaktoren für die Laktationen								
	1	2	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.
Fleckvieh	1,000	1,094	1,134	1,135	1,121	1,085	1,024	1,023	1,020
	0	7	5	0	8	0	0	0	0
Braunvieh	1,000	1,110	1,170	1,170	1,160	1,140	1,120	1,060	1,050
	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Die Funktion von Wood (1967, Formel (1)) wurde zur Berechnung der täglichen Milchleistung verwendet.

$$(1) y_t = a \cdot t^b \cdot e^{c \cdot t} \text{ mit}$$

$$a = \frac{MP}{\sum_{t=1}^{305} t^b \cdot e^{c \cdot t}}$$

mit y_t = Milchmenge, Fett bzw. Eiweißprozent am Tag t , sowie den Konstanten a , b , und c , die die Laktationskurve für das jeweilige Merkmal beschreiben. Parameter a errechnet sich

aus dem vorgegebenen Leistungspotential (MP; Erstlaktationsleistung bzw. Tabellen 5.15 und 5.16) und der Form der Laktationskurve.

Tabelle 5.16 Parameter der Wood Kurve für Fleckvieh und Braunvieh und erste, zweite sowie 3. und höhere (3+) Laktationen

Laktation	Milchmenge (kg)		Fettprozent		Eiweißprozent	
	b	c	b	c	b	c
Fleckvieh						
1	0,0612	-0,0024	-0,0847	0,0012	-0,0925	0,0013
2	0,0662	-0,0033	-0,0918	0,0013	-0,1117	0,0016
3+	0,0959	-0,0039	-0,0996	0,0013	-0,1263	0,0017
Braunvieh						
1	0,0398	-0,0019	-0,0605	0,0009	-0,0350	0,0009
2	0,0335	-0,0024	-0,0683	0,0010	-0,0586	0,0011
3+	0,0500	-0,0026	-0,0806	0,0010	-0,0712	0,0013

Die Lebendmasse eines weiblichen Tieres wird durch Formel (2) beschrieben (Dijkhuizen et al., 1986).

$$(2) LM_t = MM - (MM - BM) \cdot e^{-0,0019t}$$

mit LM = Lebendmasse, t = Alter in Tagen, MM = Lebendmasse ausgewachsene Kuh, BM = Geburts-Lebendmasse.

Die Lebendmasse bzw. die täglichen Zunahmen eines Masttieres ergeben sich aus der Funktion von Gompertz (Fitzhugh, 1976, Formel (3))

$$(3) LM_t = a \cdot e^{-be^{-kt}}$$

mit a = Asymptote, b = Steigung und k = Wendepunkt. Für das Referenzszenario wurden die Startwerte von Miesenberger (1997) bzw. Lind (2007) übernommen.

Der Algorithmus nach Press et al. (1986) wurde verwendet um die kostengünstigste Ration zu ermitteln, die den Nährstoffbedarf deckt, wobei Erhaltungs- und Leistungsbedarf, Trächtigkeit und Mobilisation entsprechend berücksichtigt wurden (Miesenberger, 1997).

Die durchschnittliche Verteilung der Kühe in unterschiedlichen Zellzahlklassen (Tabelle 5.17) basiert auf Auswertungen der ZuchtData. Die Zellzahlklassen 1-9 entsprechen dabei den SCS (Somatic cell score; logarithmierte Zellzahl; z.B. 1 entspricht bis 25.000 Zellen)-Klassen nach der in der Zuchtwertschätzung verwendeten Formel $SCS = \log_2(\text{Zellzahl}/100.000) + 3$. Die unterstellten Kosten ergeben sich aus der Reduktion des Milcherlöses durch Minderqualität für 20 Tage (-3,63 Cent/kg Milch Klasse 5; -7,27 Cent/kg Milch für Klassen ≥ 6), anteilige Laborkosten bei Tieren ohne Mastitisiagnose (Annahme 10%) sowie Schalmtest und 10 min Arbeitszeit (inklusive erhöhter Aufwand für Milchtrennung).

Tabelle 5.17 Anteil Fleckvieh und Braunvieh Kühe in den verschiedenen Zellzahlklassen im Referenzszenario sowie entsprechende Kosten für die einzelnen Zellzahlklassen

	Zellzahlklasse								
	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Anteil Fleckvieh (%)	2,30	38,00	21,80	18,00	10,90	5,20	2,00	1,00	0,80
Anteil Braunvieh (%)	1,75	29,05	21,70	21,30	14,70	7,10	2,32	1,16	0,92
Kosten pro Klasse (€)	0,00	0,00	0,00	0,00	21,45	38,24	38,24	38,24	38,24

Ableitung wirtschaftlicher Gewichte

Die wirtschaftlichen Gewichte für die Milchleistungsmerkmale basieren auf durchschnittlichen Leistungssteigerungen je Herdendurchschnittskuh und Jahr. Die Leistungsveränderungen in den einzelnen Laktationen wurden entsprechend der Herdenverteilung auf die einzelnen Kuhklassen berücksichtigt.

Milchträger. Die für die Berechnung des wirtschaftlichen Gewichtes notwendige Leistungssteigerung erfolgte über die Erhöhung der berechneten täglichen Milchmengen über die gesamte Laktation um den gleichen absoluten Betrag. So wurde gewährleistet, dass der Laktationskurvenverlauf konstant blieb. Da neben dem Milchträger auch die Fett- und Eiweißmenge berücksichtigt wurde, mussten die täglichen Fett- und Eiweißgehalte der Milch entsprechend reduziert werden, um eine gegenüber der Ausgangssituation konstante Fett- und Eiweißmenge zu erhalten.

Fett- und Eiweißmenge. Eine Leistungssteigerung der Fett- bzw. Eiweißmenge erfolgt über die Erhöhung des Fett- bzw. Eiweißgehaltes bei konstanter Milchmenge und des jeweils anderen Inhaltsstoffes. Gegenüber der Ausgangssituation wird der mittels Wood-Gleichungen täglich berechnete Fett- bzw. Eiweißgehalt in den untersuchten Leistungsstufen erhöht.

Fleischleistungsmerkmale. Die für die Berechnung der wirtschaftlichen Gewichte notwendigen Leistungssteigerungen waren auf ein Masttier bezogen. Der für die einzelnen Merkmale errechnete ökonomische Wert dieser Leistungssteigerungen wurde über die Wahrscheinlichkeit der Merkmalsrealisierung auf das wirtschaftliche Gewicht je Herdendurchschnittskuh und Jahr umgerechnet. Für die Berechnung des wirtschaftlichen Gewichtes für das Merkmal tägliche Zunahmen wurden die Parameter der Gompertz-Wachstumskurve in Analogie zu Miesenberger (1997) und Lind (2007) variiert. Die unterstellte Leistungssteigerung für die Berechnung eines wirtschaftlichen Gewichtes für Ausschachtungsprozente (=Schlachtkörpergewicht durch Lebendgewicht) erfolgte durch die Veränderung der in der Ausgangssituation unterstellten durchschnittlichen Ausschachtungsprozente. Im Gegensatz zu den täglichen Zunahmen und den Ausschachtungsprozenten handelt es sich bei der EUROP-Handelsklasse um ein kategoriales Merkmal. Für die Berechnung des wirtschaftlichen Gewichtes für die EUROP-Handelsklasse wurden unter Annahme einer standardisierten Normalverteilung die Klassengrenzen für die Ausgangsverteilung abgeleitet. Bei konstanten Klassengrenzen resultierte eine Verschiebung des Mittelwertes um eine genetische Standardabweichung in die gewünschte Richtung in

neuen Klassenanteilen, welche aus z-Tabellen für standardisierte Normalverteilungen abgelesen wurden (<http://stattrek.com/online-calculator/normal.aspx>).

Nutzungsdauer. Die Berechnung des wirtschaftlichen Gewichtes für Nutzungsdauer erfolgt durch gleichzeitige Änderung der Wahrscheinlichkeit für unfreiwillige Merzung in allen Laktationen um jeweils einen Prozentpunkt. Die Wahrscheinlichkeiten wegen eines der beiden übrigen Abgangsgründe gemerzt zu werden, bleiben dabei konstant. Aus den veränderten Abgangsraten ergibt sich eine neue Verteilung der Herde auf die einzelnen Kuhklassen und eine verlängerte Nutzungsdauer. Dadurch wurden die gegenüber der Ausgangssituation unveränderten Leistungen der einzelnen Kuhklassen unterschiedlich häufig realisiert, was sich in den Ergebnissen je Herdendurchschnittskuh und Jahr auswirkte.

Melkbarkeit. Die Ableitung der wirtschaftlichen Gewichte für das Merkmal Melkbarkeit erfolgt über die Veränderung des durchschnittlichen Minutengemelks je Herdendurchschnittskuh und Jahr. Analog zur Zuchtwertschätzung ist die Bezugsbasis die Quadratwurzel aus kg/min für dieses Merkmal. Im Referenzszenario wurden 14 Melkzeuge unterstellt.

Persistenz. Da für die aktuelle Zuchtwertschätzung keine phänotypische Persistenz berechnet wird, sondern diese sich aus den Zuchtwerten für Milch, Fett und Eiweiß berechnet, wurde zur Ableitung des wirtschaftlichen Gewichtes auf die Variation der Standardabweichung der Einzelkontrollen zurückgegriffen. Dies wurde über die Parameter der Wood-Kurve bei konstanter Milchleistung realisiert.

Fruchtbarkeit. Für die Berechnung des wirtschaftlichen Gewichtes der Fruchtbarkeit wurde die sich aus den Annahmen des Besamungserfolges in den verschiedenen Laktationen ergebende Konzeptionsrate um jeweils einen Prozentpunkt erhöht.

Geburtsverlauf, Zellzahl. Die für die Berechnung des wirtschaftlichen Gewichtes notwendige Veränderung der Ausgangsverteilung erfolgte in Analogie zur EUROP-Handelsklasse.

Totgeburtenrate, Aufzuchtverluste, Mastitis, Frühe Reproduktionsstörungen, Zysten, Milchfieber, Ketose. Die Berechnung des wirtschaftlichen Gewichtes für diese Merkmale erfolgte durch Variation in allen Laktationen um einen Prozentpunkt.

Gesamtzuchtwertvarianten (desired gain)

Ausgehend vom aktuellen GZW bzw. den neu abgeleiteten ökonomischen Gewichten (V1, V2) wurden einige Varianten gerechnet, um die Wirkung von Gewichtverschiebungen auf den erwarteten Selektionserfolg abschätzen zu können.

Folgende Varianten wurden dabei unterstellt:

- V0 = aktuelle wirtschaftliche Gewichte mit aktuell verwendeten genetischen Korrelationen bzw. mit neuen (vorläufigen) genetischen Korrelationen
- V1 = neue ökonomisch abgeleitete Gewichte mit Einbeziehung des Milchträgers (Milch-kg)
- V2 = neue ökonomisch abgeleitete Gewichte ohne Einbeziehung des Milchträgers (Milch-kg)
- V3 = Einbeziehung des neuen Merkmals Aufzuchtverluste (zusammen mit TOTpat)
- V4 = mögliche approximative Variante, die sich nach dem aktuellen Stand der Diskussion ergeben könnte

Bei den zugrunde liegenden genetischen Korrelationen handelt es sich außer bei der Variante V0-aktuelle Korrelationen -um die vorläufigen Ergebnisse aus dem Projekt OptiGene (Kapitel 7, Arbeitspaket 2).

5.4.2.3 Ergebnisse und Diskussion

Tabellen 5.18 und 5.19 geben eine Übersicht über den Grenznutzen, die genetische Standardabweichung und das wirtschaftliche Gewicht pro genetischer Standardabweichung für alle bisher im Gesamtzuchtwert berücksichtigten Merkmale sowie für die Merkmale Ketose, Milchfieber, Mastitis und Zellzahl (getrennt) sowie Aufzuchtverluste bei den Rassen Fleckvieh und Braunvieh.

Leistungsmerkmale. Bei beiden Rassen ist das Fett-Eiweiß-Verhältnis deutlich enger als im derzeitigen Zuchtziel (Tabellen 5.18 und 5.19, Fuerst und Egger-Danner, 2014); die Gewichtung im Zuchtziel entsprach allerdings bei seiner Festsetzung nicht den mit aktuellen Milchpreisen abgeleiteten wirtschaftlichen Gewichten. Eine Ableitung der Eiweißprozentage für das Braunvieh ist im verwendeten Modell nicht zusätzlich zur Eiweißmenge möglich, da die Eiweißmenge über die Erhöhung der Inhaltsstoffe bei gleichbleibender Milchmenge modelliert wird. Hinsichtlich der Fleischleistungsmerkmale ist auffällig, dass das relative wirtschaftliche Gewicht für das Fleckvieh sogar niedriger liegt als das für das Braunvieh. Gründe dafür liegen im höheren Fleischleistungsniveau beim Fleckvieh; eine weitere Verbesserung führt v.a. bei der Handelsklasse durch die geringe Preisdifferenzierung zwischen den Handelsklassen E - R kaum zu zusätzlichem Profit.

Bei der Melkbarkeit ist zu beachten, dass das wirtschaftliche Gewicht stark vom verwendeten Melksystem abhängt. Je mehr Melkzeuge in einem Betrieb verwendet werden, desto niedriger wird das entsprechende wirtschaftliche Gewicht dieses Merkmals. Würde man bspw. wirtschaftliche Gewichte für Betriebe mit Karussell ableiten (24 Melkzeuge), sinkt beim Fleckvieh das wirtschaftliche Gewicht auf 4,59 € ab. In Betrieben mit Melkroboter geht das wirtschaftliche Gewicht der Melkbarkeit gegen 0, da sich die Kosten aus der Arbeitszeit des Landwirtes ableiten.

Tabelle 5.18 Grenznutzen, genetische Standardabweichung (s_a) und wirtschaftliches Gewicht pro s_a (wG/s_a) für das Fleckvieh

Merkmal (Einheit)	GN (€/Einheit)	s_a	wG/s_a
Milchträger (kg)	0,072	570	41,04
Fettmenge (kg)	1,97	21,9	43,10
Eiweißmenge (kg)	2,75	16,4	45,10
Nettozunahme (g)	0,662	30,5	20,19
Ausschlachtung (%)	5,63	1,1	6,19
Handelsklasse (Kl.)	13,0	0,25	3,25
Nutzungsdauer (d)	0,1304	180	23,47
Persistenz (σ Einzelk.)	9,23	1s	9,23
Fruchtbarkeit (%)	1,73	4,5	7,79
Fr. Fruchtbarkeitsst. (%)	3,03	3,89	11,79
Zysten (%)	0,72	6,71	4,83
Kalbeverlauf (Kl.)	21,88	0,22	4,81
Totgeburtenrate (%)	2,8	4,0	11,20
Zellzahl (Klasse)	5,68	0,5	2,84
Mastitis (%)	3,65	4,34	15,84
Melkbarkeit (VKg/min)	79,53	0,084	6,68
Aufzuchtverluste (%)	3,58	2,87	10,27
Milchfieber (%)	2,19	3,51	7,69
Ketose (%)	2,60	0,70	1,82

Tabelle 5.19 Grenznutzen, genetische Standardabweichung (s_a) und wirtschaftliches Gewicht pro s_a (wG/s_a) für das Braunvieh

Merkmal (Einheit)	GN (€/Einheit)	s_a	wG/s_a
Milchträger (kg)	0,067	543	36,38
Fettmenge (kg)	1,88	21,2	39,86
Eiweißmenge (kg)	3,13	17,0	53,21
Nettozunahme (g)	0,495	30,5	15,10
Ausschlachtung (%)	5,76	1,1	6,34
Handelsklasse (Kl.)	45,51	0,25	11,38
Nutzungsdauer (d)	0,1702	180	30,63
Persistenz (σ Einzelk.)	2,67	1s	2,67
Fruchtbarkeit (%)	1,56	4,5	7,02
Fr. Fruchtbarkeitsst. (%)	3,02	3,89	11,05
Zysten (%)	0,71	6,71	1,31
Kalbeverlauf (Kl.)	19,49	0,22	4,29
Totgeburtenrate (%)	2,20	4,0	8,80
Zellzahl (Klasse)	6,41	0,5	3,21
Mastitis (%)	3,63	4,34	18,48
Melkbarkeit (VKg/min)	79,53	0,084	6,96
Aufzuchtverluste (%)	2,96	3,45	10,21
Milchfieber (%)	2,18	3,51	4,34
Ketose (%)	2,59	0,70	1,81

Fitnessmerkmale. Im Fitnessblock soll im Folgenden insbesondere auf die Gesundheitsmerkmale eingegangen werden. Seit 2013 werden, wie schon oben erwähnt, Gesundheitsmerkmale über die Teilindices Eutergesundheitswert und Fruchtbarkeitswert berücksichtigt. Diese ersetzen den Teilindex Fruchtbarkeit maternal und den Zuchtwert für Zellzahl ohne die ursprünglichen Gewichte zu verändern (Fuerst und Egger-Danner, 2014). Auf Basis der rein ökonomisch abgeleiteten Gewichte wäre die relative Gewichtung dieser Merkmalsblöcke etwas niedriger als derzeit (Tabelle 5.20). Würden die weiteren Fitnessmerkmale (Ketose, Milchfieber, Aufzuchtverluste) ebenfalls im Gesamtzuchtwert berücksichtigt, wären die Gewichtungen von Milch : Fleisch : Fitness bei Fleckvieh etwa 37 : 13 : 50 und bei Braunvieh 39 : 14 : 48.

Tabelle 5.20 Relative wirtschaftliche Gewichte für Zuchtzielmerkmale Merkmalsblöcke (aktuell und neu abgeleitet) für das Fleckvieh und das Braunvieh

	Fleckvieh		Braunvieh	
	aktuell	neu	aktuell	neu
MILCH	38	41	48	42
Fettmenge	4,4	19,9	4,8	18,1
Eiweißmenge	33,4	20,8	38,4	24,2
Eiweißprozent			4,7	
FLEISCH	16	14	5	15
Nettozunahme	7,3	9,3	2,2	6,9
Ausschlachtung	4,6	2,9	1,4	2,9
Handelsklasse	4,6	1,5	1,4	5,2
FITNESS	46	45	47	43
Nutzungsdauer	13,4	10,9	16,1	13,9
Persistenz	2,0	4,3	2,7	1,2
Fruchtbarkeitswert	6,8	11,3	8,6	8,8
Kalbeverlauf pat.	1,8	1,1	0,9	1,0
Kalbeverlauf mat.	1,8	1,1	0,9	1,0
Totgeburtenr. pat.	4,0	2,6	3,0	2,0
Totgeburtenr. mat	4,0	2,6	3,0	2,0
Eutergesundheitswert	9,7	8,7	10,0	9,9
Melkbarkeit	2,0	3,1	2,0	3,2

In Modellrechnungen wurde gezeigt, wie sich die derzeitige Gewichtung mit den neu geschätzten Korrelationen (Kapitel 6) sowie mögliche Varianten der Gewichtung auf den Zuchtfortschritt in den Merkmalsblöcken bzw. einzelnen Merkmalen beim Fleckvieh und Braunvieh auswirken (Tabellen 5.21 und 5.22).

Der Vergleich der Varianten 0 (GZW mit derzeit verwendeten Gewichten) mit aktuell unterstellten und neu berechneten Korrelationen zeigt bei beiden Rassen deutliche Unterschiede hinsichtlich des Selektionserfolges in den Fitnessmerkmalen. Insgesamt steigt der errechnete relative Selektionserfolg in den Fitnessmerkmalen beim Fleckvieh (Tabelle 5.21) von 12 auf 20 %, wobei der Selektionserfolg in der Milchleistung entsprechend absinkt und in der Fleischleistung leicht sinkt. Das Merkmal Fruchtbarkeit weist allerdings durch

Berücksichtigung der neuen Korrelationen einen stärker negativen Trend auf. Der Selektionserfolg in der Handelsklasse sinkt, ist allerdings noch positiv. Im Gegensatz zur Ausgangsvariante sind auf Basis der neu berechneten Korrelationsmatrix positive Selektionserfolge beim Eutergesundheitswert zu verzeichnen. Die Ergebnisse beim Braunvieh sind ähnlich (Tabelle 5.22). Bei beiden Rassen steigt auch der Selektionserfolg der Melkbarkeit merklich an.

Wird der Milchträger bei Verwendung der neu abgeleiteten wirtschaftlichen Gewichte im Gesamtzuchtwert mitberücksichtigt (V1, neue Korrelationen), so steigt der Selektionsfortschritt bei der Milch sehr deutlich an (94% bei Fleckvieh, 96% bei Braunvieh) während bei der Fleischleistung bzw. in der Fitness kaum Zuchtfortschritt zu erzielen ist (Tabellen 5.21 und 5.22). Der negative Trend bei der Fruchtbarkeit verstärkt sich bei beiden Rassen, ebenso ist für den paternalen Kalbeverlauf und die Eutergesundheit eine unerwünschte Entwicklung zu beobachten. Auch der negative Trend bei Ausschachtung und Handelsklasse beim Fleckvieh ist sicher kritisch zu betrachten. Ohne Berücksichtigung des Milchträgers aber mit neuer Gewichtung und neu geschätzten Korrelationen (V2) ist im Vergleich zur derzeitigen Situation ein etwas höherer Selektionserfolg in der Milch zu verzeichnen, die relativen Selektionserfolge Milch:Fleisch:Fitness (in %) betragen 79:6:15 beim Fleckvieh bzw. 82:4:14 beim Braunvieh. Hinsichtlich der Einzelmerkmale ist bei beiden Rassen ein negativer Trend in der Handelsklasse, Fruchtbarkeit und Kalbeverlauf zu verzeichnen.

In Variante 3 wurde das neue Merkmal Aufzuchtverluste gemeinsam mit der paternalen Totgeburtenrate bei gleichzeitigem Wegfall der maternalen Totgeburtenrate in den GZW aufgenommen. Zwar gibt es derzeit noch keine Routinezuchtwertschätzung, da die Heritabilitäten und der Datenumfang denjenigen der Totgeburtenrate sehr ähnlich sind, lassen sich die erwarteten Sicherheiten, die für die Modellberechnungen nötig sind, sehr gut abschätzen. Durch das relativ hohe Gewicht lassen sich deutlich positive Zuchtfortschritte erwarten. Der Selektionserfolg für den Fitnessblock würde zu Lasten der Milch ansteigen. Bei einer relativen Gewichtung (in %) von 39:13:48 beim Fleckvieh und 40:14:46 beim Braunvieh betragen die relativen Selektionserfolge Milch:Fleisch:Fitness (in %) 79:6:15 bzw. 82:4:14.

Tabelle 5.21 GZW Varianten Fleckvieh*

	V0 (aktuell)		V0 (neue Korr.)		V1 (mit Mkg)		V2 (ohne Mkg)		V3 (mit AUF)		V4 (angepasst)	
	wG (%)	SE	wG (%)	SE	wG (%)	SE	wG (%)	SE	wG (%)	SE	wG (%)	SE
MILCH	38	77	38	71	50	94	41	79	39	68	37	63
Mkg	0,0	364	0,0	351	15,3	441	0,0	371	0,0	354	0,0	308
Fkg	4,4	15,3	4,4	11,6	16,9	15,9	19,9	14,0	19,0	13,4	18,1	11,6
Ekg	33,4	11,9	33,4	10,6	17,6	12,5	20,8	10,8	19,9	10,3	18,9	9,0
FLEISCH	16	11	16	9	11	4	14	6	13	6	15	4
NTZ	7,3	4,4	7,3	3,6	7,9	2,5	9,3	2,9	8,9	2,8	4,5	2,7
AUS	4,6	0,8	4,6	1,5	2,4	-0,4	2,9	0,4	2,8	0,4	2,0	1,0
HKL	4,6	1,9	4,6	0,4	1,3	-1,4	1,5	-1,0	1,4	-1,2	8,5	0,0
FITNESS	46	12	46	20	39	2	45	15	48	26	48	33
ND	13,4	2,2	13,4	3,1	9,2	1,1	10,9	2,8	10,4	3,1	10,0	4,2
Pers	2,0	1,6	2,0	1,7	3,6	1,3	4,3	2,0	4,1	1,8	3,0	2,2
FRW	6,8	-0,4	6,8	-1,1	9,5	-2,2	11,3	-0,8	10,7	-0,5	14,0	0,5
KVLp	1,8	-0,4	1,8	0,3	0,9	-0,1	1,1	-0,1	1,1	0,8	1,0	0,6
KVLm	1,8	3,0	1,8	3,4	0,9	3,0	1,1	3,6	1,1	3,3	1,0	3,7
TOTp/AUF	4,0	1,0	4,0	1,1	2,2	0,4	2,6	0,5	9,5	5,2	8,0	5,2
TOTm	4,0	1,8	4,0	2,0	2,2	1,1	2,6	1,5	-	-	-	-
EGW	9,7	0,0	9,7	1,7	7,3	-0,2	8,7	1,2	8,3	1,4	10,0	2,2
DMG	2,0	2,9	2,0	3,7	2,6	4,6	3,1	4,3	3,0	4,0	1,0	3,2

Tabelle 5.22 GZW Varianten Braunvieh*

	V0 (aktuell)		V0 (neue Korr.)		V1 (mit Mkg)		V2 (ohne Mkg)		V3 (mit AUF)		V4 (angepasst)	
	wG (%)	SE	wG (%)	SE	wG (%)	SE	wG (%)	SE	wG (%)	SE	wG (%)	SE
MILCH	48	89	48	81	51	96	42	82	40	74	45	78
Mkg	0,0	359	0,0	343	14,7	435	0,0	364	0,0	352	0,0	347
Fkg	4,8	15,5	4,8	12,1	15,4	15,2	18,1	13,7	17,3	13,3	16,5	13,0
Ekg	38,4	13,3	38,4	11,8	20,6	13,2	24,2	11,7	23,1	11,3	28,6	11,2
E%	4,7	-0,004	4,7	-0,004	0,0	-0,032	0,0	-0,018	0,0	-0,017	0,0	-0,017
FLEISCH	5	0	5	0	13	2	15	4	14	4	5	-1
NTZ	2,2	1,9	2,2	1,1	5,9	2,4	6,9	2,8	6,6	2,7	2,5	0,8
AUS	1,4	-1,8	1,4	-1,0	2,5	-0,2	2,9	0,5	2,8	0,5	0,0	-1,2
HKL	1,4	-0,6	1,4	-2,0	4,4	-0,9	5,2	-0,4	4,9	-0,6	2,5	-2,4
FITNESS	47	11	47	19	36	2	43	14	46	22	50	23
ND	16,1	2,3	16,1	3,1	11,8	1,0	13,9	2,6	13,3	2,9	13,0	3,3
Pers	2,7	1,8	2,7	2,2	1,0	0,9	1,2	1,4	1,1	1,3	2,0	1,9
FRW	8,6	-0,2	8,6	-0,8	7,5	-2,6	8,8	-1,4	8,4	-1,1	15,0	0,1
KVLp	0,9	-0,7	0,9	0,4	0,9	-0,2	1,0	-0,3	1,0	0,6	1,0	0,8
KVLm	0,9	2,5	0,9	3,2	0,9	2,6	1,0	3,0	1,0	2,9	1,0	3,6
TOTp/AUF	3,0	0,7	3,0	0,8	1,7	0,3	2,0	0,4	8,2	4,5	7,0	4,4
TOTm	3,0	1,3	3,0	1,6	1,7	1,0	2,0	1,4	-	-	-	-
EGW	10,0	-0,3	10,0	1,7	8,4	-0,1	9,9	1,2	9,4	1,1	10,0	1,3
DMG	2,0	3,0	2,0	4,0	2,7	4,6	3,2	4,3	3,0	4,0	1,0	3,8

*wG = relatives wirtschaftliches Gewicht pro genet. Standardabweichung in %, SE = Selektionserfolg in naturalen Einheiten (Milchmerkmale), ZW-Punkten (Fleisch- und Fitnessmerkmale) pro Generation bzw. in Prozent bei Merkmalsblöcken

Bei der Variante 4 wurden die Gewichte so weit verschoben bis der erwartete Selektionserfolg für die Fruchtbarkeit und beim Fleckvieh zusätzlich auch für die Handelsklasse nicht negativ ist. Trotz deutlicher Erhöhung des Gewichts für die Fruchtbarkeit auf 14 bzw. 15% ist kein nennenswerter Zuchtfortschritt zu erwarten. Beim Fleckvieh fällt bei dieser Variante der deutlich schlechtere Selektionserfolg im Milchbereich im Vergleich zur aktuellen Variante auf. Bei einer relativen Gewichtung (in %) von 37:15:48 beim Fleckvieh und 45:5:50 beim Braunvieh betragen die relativen Selektionserfolge Milch:Fleisch:Fitness (in %) 63:4:33 bzw. 78:-1:23. In Variante 4 ist beim Fleckvieh in allen Merkmalen ein positiver Selektionserfolg zu erwarten; beim Braunvieh ist hingegen ein negativer Trend für die Merkmale Ausschlagung und Handelsklasse zu verzeichnen (Tabellen 5.21 und 5.22).

Das Exterieur wird in diesem Gesamtzuchtwert aus mehreren Gründen nicht mitberücksichtigt. Es ist ein Merkmalskomplex, bei dem nur in Teilen linearer Zuchtfortschritt angestrebt wird. Die Auswirkungen des Exterieurs auf die Nutzungsdauer und Eutergesundheit sind bereits dadurch berücksichtigt, dass relevante Exterieurmerkmale als Hilfsmerkmale in der Zuchtwertschätzung berücksichtigt werden. Ein darüber hinaus gehendes wirtschaftliches Gewicht ist kaum gegeben, da ein direkt ableitbares wirtschaftliches Gewicht nur bei Zuchtbetrieben besteht, die Tiere an Nicht-Züchter vermarkten.

5.4.2.4 Schlussfolgerung

Im Rahmen des Projektes OptiGene wird derzeit u.a. an der Optimierung des Gesamtzuchtwertes gearbeitet. Dies betrifft einerseits Änderungen in der Methodik (Arbeitspaket 2) andererseits die Gewichtungen der Einzelmerkmale bzw. Merkmalsblöcke im Gesamtzuchtwert. Hinsichtlich der Methodik soll eine Alternative zur aktuellen Indexmethode gefunden werden, die v.a. im niedrigen Sicherheitsbereich zu hohe Streuungen bewirkt. Mit Hilfe von Modellrechnungen soll gezeigt werden, inwieweit sich die adaptierte Methodik in Kombination mit unterschiedlichen Gewichtungen auf den Zuchtfortschritt auswirkt. Bedingt durch die genomische Selektion kann ein hoher Zuchtfortschritt in der Milch erhalten werden und gleichzeitig mehr Gewicht auf den Fitnessblock gelegt werden. Dies entspricht nicht nur den Züchterwünschen, die im Rahmen einer Umfrage erhoben wurden (Steininger et al., 2012), sondern auch den gesellschaftlichen Rahmenbedingungen. Insbesondere der Fruchtbarkeitskomplex ist in diesem Zusammenhang von Bedeutung, da in den vergangenen Jahren trotz Berücksichtigung im Gesamtzuchtwert ein leicht negativer genetischer Trend und kontinuierlicher Rückgang bei den Besamungserfolgen zu verzeichnen war. In Übereinstimmung mit früheren Modellrechnungen (Egger-Danner et al., 2012b) konnte in ersten Analysen gezeigt werden, dass bei entsprechender Gewichtung im GZW auch für den Fruchtbarkeitskomplex ein leichter Zuchtfortschritt zu erzielen ist. Das neue Merkmal Aufzuchtverluste sollte in den Gesamtzuchtwert aufgenommen werden. Eine Möglichkeit wäre die Kombination mit der Totgeburtenrate. Für zukünftige Entwicklungen wäre auch noch die Berücksichtigung des Stoffwechselkomplexes sowie der Klauengesundheit zu diskutieren. Wirtschaftliche Gewichte für Milchfieber und Ketose wurden bereits abgeleitet,

sollte eine Zuchtwertschätzung für Klauen eingeführt werden, könnte das derzeit bestehende Programm zur Ableitung der wirtschaftlichen Gewichte um diesen Merkmalskomplex erweitert werden.

5.5 Publikationen

Fürst-Waltl B.; Fürst C.; Obritzhauser W. und Egger-Danner C. (2015): Berücksichtigung direkter Gesundheitsmerkmale im Gesamtzuchtwert. In: Deutsche Gesellschaft für Züchtungskunde e.V., DGfZ Schriftenreihe Heft 66; 7. Rinder-Workshop Uelzen, 103-112; ISSN 0949-8842.

Egger-Danner C., Fürst C., Schwarzenbacher H. und Fürst-Waltl, B. (2015): Neue Herausforderungen in der Zucht – welche aktuellen Maßnahmen setzt die RINDERZUCHT AUSTRIA? In: Höhere Bundeslehr- und Forschungsanstalt für Landwirtschaft Raumberg-Gumpenstein, 42. Viehwirtschaftliche Fachtagung, 13-22 <http://www.raumberg-gumpenstein.at> ISBN: 978-3-902849-18-2.

Egger-Danner C. (2015): Züchterische Verbesserung der Klauengesundheit – Internationale Entwicklungen und aktueller Stand in Österreich: Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter, Gesunde Klauen und gute Fundamente. Einflussfaktoren und Verbesserungsmaßnahmen, 45-53.

Fürst-Waltl B., Fürst C. und Egger-Danner C. (2015): Gutes Fundament und gesunde Klauen - wie viel sagt die Nachzuchtbeschreibung über die Klauengesundheit aus? In: Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter, Gesunde Klauen und gute Fundamente. Einflussfaktoren und Verbesserungsmaßnahmen, 45-53.

Ederer S., Egger-Danner C., Zollitsch W., Fuerst-Waltl B. (2014): Metabolic disorders and their relationships to milk production traits in Austrian Fleckvieh. In: ICAR (International Committee for Animal Recording), http://www.icar.org/Documents/Berlin_2014/index.htm
http://www.icar.org/Documents/Berlin_2014/PPTs/Presented/Fuerst_Waltl.pdf

Steininger F., Fuerst-Waltl B., Pfeiffer C., Fuerst C. Schwarzenbacher H. und Egger-Danner C. (2013): Future needs and challenges in dairy cattle breeding - based on a survey with Austrian Farmers. In: Wageningen Academic Publishers (Ed.) 133, ISBN: 978-90-8686-228-3, ISSN: 1382-6077, Book of Abstracts of the 64th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, 133, ISBN: 978-90-8686-228-3, ISSN: 1382-6077.

Steininger F., Fürst-Waltl B. und Egger-Danner C. (2013): Welche Anforderungen stellen die Züchter an die Kühe? In: Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter, Die beste Kuh für's Gras. Anforderungen an die Zucht bei unterschiedlichen Betriebsintensitäten, 3-11, <http://www.zar.at/article/articleview/44278/1/16>.

Fuerst-Waltl B. Fuerst C. und Egger-Danner C. (2012): Claw health data in the routine health monitoring of Austrian Fleckvieh cattle. In: Wageningen Academic Publishers, Book of Abstracts of the 63rd Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, 49.

Fürst-Waltl B. und Fürst C. (2012): Das vergessene Merkmal: Aufzuchtverluste. In: Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter, 3-Länder-Seminar Deutschland-Schweiz-Österreich 2012, 48-53 <http://www.zar.at/article/articleview/44278/1/16/>.

Steininger F., Fuerst-Waltl B., Pfeiffer C., Fuerst C., Schwarzenbacher H. und Egger-Danner, C. (2012): Participatory development of breeding goals in Austrian dairy cattle. Acta Agriculturae Slovenica, Supplement 3, 143-147; ISBN: 978-961-6379-19-9; ISSN 1854-4800.

Angenommen: Fuerst-Waltl B.; Fuerst C.; Obritzhauser W. und Egger-Danner C. Direct health traits and rearing losses in the total merit index of Fleckvieh cattle. 66th EAAP Annual Meeting, Warsaw, Polen, 31.8.-4.9.2015

Geplant: Fuerst-Waltl B.; Fuerst C.; Obritzhauser W. und Egger-Danner, C. Weighting of direct health traits in the total merit index. Journal of Dairy Science.

Populärwissenschaftliche Beiträge

Fürst-Waltl B. (2013): Vom Kalb zur Kuh: Aufzuchtverluste - interessant für die Zucht? Rinderprofi - das Magazin für Moderne Rinderhaltung, Februar 2013, 11-13

Fürst-Waltl B. (2013): Aufzuchtverluste: Mögliche neue Merkmale in der Rinderzucht. Pinzgauer aktuell, 2, 14-15

Nicht publizierte Vorträge

Fürst C. (2015): Das neue Zuchtziel beim Fleckvieh – aktuelle Anmerkungen. Fleckvieh-Forum, 30.4.2015, Neustadt/Aisch

Fürst C. und Fürst-Waltl B. (2015): Ökonomische Gewichtung von Fleisch im Vergleich zu anderen Merkmalskomplexen. Fachgespräch Fleckvieh stark im Fleisch, 31.3.2015, Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Poing-Grub, Deutschland

Fuerst-Waltl B. (2013): Losses of replacement animals: Possible new traits in cattle breeding? Pinzgauer World Congress, SEP 5, 2013, Pretoria.

Egger-Danner C., Steininger F., Willam A., Fuerst-Waltl B., Fuerst C., Schwarzenbacher H. und Pfeiffer C. (2012): Optimierung der langfristigen züchterischen Entwicklung der österreichischen Rinderrassen unter besonderer Berücksichtigung der Gesundheit und der genomischen Selektion. Tierwissenschaftliches Seminar, 17.12.2012, Hohenheim

Fürst-Waltl B. (2011): Züchterumfrage im Rahmen von OptiGene. Workshop "Zuchtplanung und Optimierung der Zuchtprogramme für Fleckvieh" der Arbeitsgemeinschaft Österreichischer Fleckviehzüchter (AGÖF), 17./18.11.2011, Hotel Wienerwaldhof, Tullnerbach/NÖ

Steininger F. (2013): Wohin soll's gehen? Welches Ziel verfolgen die Fleckviehzüchter (Teil 1-4). Fleckvieh Austria 1-4/2013

Steininger F. (2013): Zuchtziel der Pinzgauer-Züchter in Österreich. Pinzgauer-Züchter legen hohen Wert auf Milchleistung und Fitness. Pinzgauer Aktuell. Juni 2013

6 Arbeitspaket 2: Optimierung Gesamtzuchtwert

6.1 Ziele und geplante Maßnahmen:

1. Schätzung der genetischen Korrelationen zwischen allen Merkmalen in der Zuchtwertschätzung mit Berücksichtigung möglicher nicht-linearer Zusammenhänge (z.B. unterschiedliches Milchleistungsniveau – unterschiedliche Korrelationen Milch – Fruchtbarkeit)
2. Anpassung und Evaluierung der ‚Methode Ducrocq‘ zur Schätzung optimierter Gesamtzuchtwerte
3. Vergleich Methode Miesenberger und Ducrocq hinsichtlich der geschätzten Gesamt- und Einzelzuchtwerte, des möglichen erzielbaren Zuchtfortschrittes mit besonderer Beachtung der Fitness- und Gesundheitsmerkmale und hinsichtlich Praxistauglichkeit für den Routineeinsatz in der gemeinsamen Zuchtwertschätzung mit Deutschland
4. Bei entsprechendem positiven Ausgang von 3) Implementierung der ‚Methode Ducrocq‘ für die gemeinsame Zuchtwertschätzung Österreich/Deutschland.

6.2 Zusammenfassung

Aktuell erfolgt die Berechnung des Gesamtzuchtwertes in der gemeinsamen deutsch-österreichischen Zuchtwertschätzung mit einer Selektionsindexmethode basierend auf Miesenberger (1997). Diese Methode vernachlässigt Korrelationen zwischen den Resteffekten und führt zu überhöhten Streuungen der Gesamtzuchtwerte speziell im niedrigen bis mittleren Sicherheitsbereich. Das kann zu einer selektionsrelevanten Verzerrung der Gesamtzuchtwerte führen. Als alternative Methode wurde von Ducrocq (2001) ein zweistufiges Verfahren empfohlen. Bei diesem approximativen Zweischrittansatz werden zuerst Pseudophänotypen, sogenannte yield deviations (YD, Umwelt-korrigierte Leistungen) oder deregressierte Zuchtwerte ermittelt. Im zweiten Schritt werden mit diesen Pseudophänotypen und den entsprechenden Gewichtungsfaktoren die Varianzkomponenten und Zuchtwerte geschätzt. Anhand einer ausführlichen Simulationsstudie konnte gezeigt werden, dass die ‚Methode Ducrocq‘ einer multivariaten Zuchtwertschätzung basierend auf Rohdaten sehr nahe kommt – die Zuchtwert-Korrelationen liegen bei 1 und die Verzerrung (Bias) bei 0. Mit Hilfe der ‚Methode Ducrocq‘ konnten die genetischen und residualen Korrelationen zwischen allen Merkmalen im Gesamtzuchtwert geschätzt werden. Diese sind nicht nur für eine Umsetzung der ‚Methode Ducrocq‘ notwendig, sondern auch für die Verwendung einer Selektionsindexmethode. In der Simulationsstudie konnte gezeigt werden, dass die Zuchtwert-Korrelationen auch für die ‚Methode Miesenberger‘ sehr hoch sind. Allerdings konnte eine nennenswerte Verzerrung der Gesamtzuchtwerte im niedrigen bis mittleren Sicherheitsbereich speziell im Top-Segment festgestellt werden. Alle gemachten Analysen zeigen die nahezu optimalen Eigenschaften der ‚Methode Ducrocq‘. Eine Umsetzung in die Praxis wird daher grundsätzlich empfohlen, wobei zuvor allerdings

noch diverse praktische Probleme (Einbeziehung Interbull-ZWS, genomische ZWS, usw.) gelöst werden müssen.

6.3 Einleitung

Die Berechnung des ökonomischen Gesamtzuchtwerthes (GZW) wurde im Jahre 1998, basierend auf der Dissertation von Miesenberger (1997), in Österreich eingeführt. Der ökonomische Gesamtzuchtwert basiert auf der Selektionsindexmethode und entspricht der mathematischen Formulierung des Zuchtziels. Dabei werden alle Merkmale entsprechend ihrer wirtschaftlichen Gewichte, unter Berücksichtigung ihrer Sicherheiten und genetischen Parameter, kombiniert. Eine optimale Kombination der einzelnen Informationsquellen stellt die Methode von Hazel und Lush (1942) dar:

$$\mathbf{Pb} = \mathbf{Gw} \quad (1)$$

wobei \mathbf{P} die phänotypische Ko-Varianzmatrix zwischen den zu kombinierenden Merkmalen darstellt, \mathbf{b} ist der partielle Regressionskoeffizient jedes Teilzuchtwerthes, \mathbf{G} stellt die genetische Ko-Varianzmatrix dar und \mathbf{w} ist der Vektor der ökonomischen Gewichte.

Die Selektionsindexmethode beruht auf der Kombination von phänotypischen Leistungen. In der modernen Zuchtpraxis müssen allerdings geschätzte Zuchtwerthe kombiniert werden. Dabei sind einzelne Elemente der beteiligten Matrizen, im speziellen die Ko-Varianzen zwischen geschätzten Zuchtwerthen nicht eindeutig definiert. Miesenberger (1997) schlug folgenden Ansatz für die Berechnung der Ko-Varianzen der Teilzuchtwerthe vor:

$$\sigma_{ij} = r_{gij} r_i^2 r_j^2 \sigma_{ai} \sigma_{aj} \quad (2)$$

wobei r_{gij} die genetische Korrelation zwischen den Merkmalen i und j darstellt, r_i^2 bzw. r_j^2 die Sicherheiten der Teilzuchtwerthe der Merkmale i und j symbolisieren und σ_{ai} bzw. σ_{aj} die additiv genetischen Standardabweichungen der Merkmale i und j repräsentieren. Wird die von Miesenberger (1997) abgeleitete Gleichung genau betrachtet, wird ersichtlich, dass residuale Ko-Varianzen zwischen den Teilzuchtwerthen ignoriert werden. Die Darstellung dieser Gleichung führt bereits zur ersten zu optimierenden konzeptionellen Schwachstelle des GZWs (Meilenstein ‚Vergleich und Validierung verschiedener Methoden zur Berechnung von Gesamtzuchtwerthen anhand von simulierten Daten‘). Ein weiterer Nachteil der bisher verwendeten Methode sind die genetischen Korrelationen zwischen den einzelnen Merkmalen im GZW. Die genetischen Korrelationen wurden teilweise von der ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH geschätzt oder basieren auf Literaturwerten (Meilenstein ‚Schätzung von genetischen und residualen Korrelationen zwischen allen Merkmalen, die in

der Routinezuchtwertschätzung bzw. im Gesamtzuchtwert verwendet werden'). Ein weiterer wesentlicher Punkt ist die Berechnung der Teilzuchtwerte. Diese werden zum Teil mit statistisch sehr unterschiedlichen Modellen berechnet. Die Anwendungen reichen von ‚einfachen‘ uni- bzw. multivariaten BLUP-Tiermodellen (z.B. Fleischleistungsmerkmale, Fruchtbarkeit, Kalbeverlauf, Totgeburtenrate, Gesundheitsmerkmale) bis hin zu komplexen Testtags-Modellen (random regression model; Milch kg, Fett kg, Eiweiß kg), Mehrmerkmals-Testtags-Modellen (fixed regression model; Zellzahl, Melkbarkeit) oder Weibull-Regressions-Modelle (Nutzungsdauer). Die Teilzuchtwerte aus den verschiedenen Modellen werden anschließend, unter Verwendung von Formel 2, zu einem GZW kombiniert. Dabei wird Heteroskedastizität (Residuen-Varianzheterogenität) ignoriert und Teilzuchtwerte mit unterschiedlichen Sicherheiten kombiniert. Die beschriebenen Nachteile der bisher verwendeten Methode dürften zu einer Überschätzung der Streuung der Zuchtwerte von Tieren mit niedrigen Sicherheiten führen.

Diese beschriebene Vorgehensweise ist nur möglich, wenn verschiedene Merkmale kaum bis keinen genetischen Zusammenhang aufweisen (Ducrocq et al., 2001; Lassen et al., 2007). Die optimale Lösung wäre ein multivariates BLUP-Tiermodell basierend auf phänotypischen Daten, um Zuchtwerte aller relevanten Merkmale simultan zu schätzen (Mrode, 2014). Eine simultane Schätzung von mehreren Merkmalen erhöht die Sicherheiten der Zuchtwerte. Diese Erhöhung hängt von der absoluten Differenz zwischen der genetischen und residualen Korrelation zwischen Merkmalen ab. Je größer die Differenz umso höher ist der Anstieg der Sicherheit der Zuchtwerte. Merkmale mit niedrigen Heritabilitäten (h^2) profitieren in einer gemeinsamen Schätzung mit Merkmalen mit moderater bis hoher h^2 . Auch für niedrig erbliche Merkmale kann die geschätzte Sicherheit der Zuchtwerte erhöht werden (Mrode, 2014; Thompson und Meyer, 1986). In der Routine-Zuchtwertschätzung gibt es Restriktionen für die Durchführung einer voll multivariaten Parameter- bzw. Zuchtwertschätzung. Der größte limitierende Faktor ist noch immer die Rechenleistung. Trotz der gewaltigen technischen Entwicklungen und ständiger Optimierung diverser Zuchtwertschätzprogramme (z.B. Algorithmen), hinkt die Rechenkapazität nach. Zudem ist die Leistungsinformation der Tiere in modernen Zuchtprogrammen sehr groß. Daher wurden bereits zu Beginn der 90er Jahre diverse Meta-Modelle zur approximativen Berechnung von verschiedenen Indices oder Gesamtzuchtwerten entwickelt bzw. nach wie vor weiterentwickelt (Meilenstein ‚Entwicklung einer multivariaten BLUP-ZWS‘; ‚Methode Ducrocq‘) (Ducrocq et al., 2001; Lassen et al., 2007; Schaeffer 1994; Sullivan et al., 2005; Tarrés et al., 2006).

Zum besseren Verständnis der nachfolgenden Kapitel und Publikationen des Arbeitspakets 2, wird der approximative Zweischrittansatz nach ‚Ducrocq‘ (approximativer Zweischrittansatz), basierend auf Töchterabweichungen (Yield deviations, YD) bzw. de-regressierten Zuchtwerten (drZW), schrittweise sehr vereinfacht erläutert. Die Berechnung von YD und drZW wird ebenfalls vereinfacht erklärt (Meilenstein ‚Berechnung von korrigierten Töchterleistungen bzw. de-regressierten Zuchtwerten für alle Merkmale‘).

6.4 Material und Methode – Approximativer Zweischrittansatz nach Ducrocq

Moderne Zuchtprogramme umfassen viele Produktions- und Fitnessmerkmale. Eine gemeinsame multivariate Schätzung ist nicht möglich. International (MACE – Multiple Across Country Evaluation) sowie national („approximate two-step procedure“ Frankreich) finden diverse Meta-Modelle Anwendung (Interbull, 2015; Ducrocq, 2001).

6.4.1 Schritt Eins – Berechnung von Pseudophänotypen und Gewichtungsfaktoren

6.4.1.1 Berechnung von korrigierten Töchterabweichungen (YD)

Berechnete YD sind Vektoren von gewichteten Durchschnittsleistungen der Einzeltiere, die um alle Effekte im Modell korrigiert werden. Ein erklärendes Beispiel soll anhand eines linearen Modells gegeben werden:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wp} + \mathbf{e} \quad (3)$$

\mathbf{y} ist der Vektor der phänotypischen Beobachtungen (z.B. Non-Return-Rate 56 Kuh), \mathbf{b} ist der Vektor der fixen Effekte (z.B. Region*Jahr*Monat), \mathbf{a} ist der Vektor der zufälligen Tiereffekte, \mathbf{p} ist der Vektor aller permanenten Umwelteffekte (bei wiederholten Beobachtungen) und \mathbf{e} ist der Vektor der Resteffekte. \mathbf{X} , \mathbf{Z} und \mathbf{W} sind die korrespondierten Inzidenzmatrizen. YD können als Zwischenprodukt der Gleichung 3 gesehen werden, denn:

$$\mathbf{y}^* = \mathbf{y} - \mathbf{Xb} - \mathbf{Wp} \quad (4)$$

\mathbf{y}^* stellt den Vektor der YD dar, \mathbf{y} ist der Vektor der phänotypischen Beobachtung, \mathbf{b} ist der Vektor der fixen Effekte und \mathbf{p} ist der Vektor aller permanenten Umwelteffekte (bei wiederholten Beobachtungen). \mathbf{X} und \mathbf{W} sind die korrespondierenden Inzidenzmatrizen. In den YD stecken somit nur mehr der genetische Wert des Tieres selbst und ein zufälliger Resteffekt.

Die Berechnung von YD für aller Merkmale, außer Nutzungsdauer, erfolgte stets mit dem Programmpaket MiX99 (Lidauer et al., 2015). YD für die Nutzungsdauer wurden mit der Software Survival Kit v6 (Meszaros et al., 2013) berechnet.

6.4.1.2 Berechnung von deregressierten Zuchtwerten (drZW)

Im ersten Schritt werden konventionelle Zuchtwerte mit verschiedenen statistischen Modellen berechnet. Dabei wird der Zuchtwert des Tieres in Abhängigkeit von der Sicherheit mehr oder weniger stark zum durchschnittlichen Zuchtwert von Vater und Mutter hin regressiert. Die Variabilität der Zuchtwerte wird dadurch kleiner. Der durchschnittliche

genetische Wert von Vater und Mutter steckt im Zuchtwert jedes Tieres. Bei einer Deregression wird die durchschnittliche Information der Eltern herausgerechnet. Zusätzlich werden noch die Sicherheiten (r^2) zur Berechnung von de-regressierten Zuchtwerten benötigt. Anhand von r^2 wird die Variabilität der Zuchtwerte wieder zurückgeführt (Garrick et al., 2009). In einer mathematischen Gleichung kann die Berechnung von deregressierten Zuchtwerten (drZW) wie folgt dargestellt werden:

$$\mathbf{drZW} = \frac{\hat{\mathbf{a}} - \mathbf{PA}}{r^2} \quad (5)$$

wobei $\hat{\mathbf{a}}$ den geschätzten konventionellen Zuchtwert darstellt, \mathbf{PA} steht für den durchschnittlichen Elternzuchtwert und r^2 für die Sicherheit des geschätzten Zuchtwerts.

Die Deregression für die vorliegende Forschungsarbeit wurde mit dem Programmpaket MiX99 (Lidauer et al., 2015) durchgeführt, wobei die implementierte Deregression der Zuchtwerte auf den Ansätzen von Jairath et al. (1998) und Schaeffer (2001) beruhen. Die Sicherheiten wurden anhand der Interbull-Methode (Strandén et al., 2000) berechnet.

6.4.1.3 Berechnung der Gewichtungsfaktoren von korrigierten Töchterabweichungen und deregressierten Zuchtwerten

Da für jedes Tier unterschiedlich viel Leistungsinformation vorliegt, werden Gewichtungsfaktoren für die Varianzkomponenten- sowie Zuchtwertschätzung benötigt. Für beide, YD und drZW, wurde derselbe Ansatz nach Edel et al. (2009) gewählt, um Eigenleistungsäquivalente (EOP) zu berechnen:

$$\mathbf{EOP} = \frac{\alpha}{1-r^2} - \alpha \quad (6)$$

wobei α eine Verhältniszahl zwischen residualer Varianz (σ_e^2) und additiv genetischer Varianz (σ_a^2) darstellt und r^2 die berechnete Sicherheit aus Eigenleistung bzw. bei Stieren aus Nachkommenleistung symbolisiert.

6.4.2 Schritt Zwei – Varianzkomponenten- und Zuchtwertschätzung

Im zweiten Schritt erfolgen anhand eines multivariaten BLUP-Tiermodelles eine Varianzkomponenten- bzw. eine Zuchtwertschätzung. Dazu wird folgendes lineares Modell verwendet:

$$\mathbf{y}^* = \mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{e} \quad (7)$$

wobei \mathbf{y}^* den Vektor der berechneten Pseudophänotypen (YD/drZW) darstellt, \mathbf{b} ist der Vektor der fixen Geburtsjahreseffekte, \mathbf{a} ist der Vektor der zufälligen Tiereffekte und \mathbf{e} ist der Vektor der Resteffekte. \mathbf{X} und \mathbf{Z} repräsentieren die korrespondierenden Inzidenzmatrizen. Dabei wird unterstellt, dass der Vektor \mathbf{a} einer multivariaten Normalverteilung unterliegt, mit der Annahme $MNV(0, \mathbf{G} = \mathbf{G}_0 \otimes \mathbf{A})$. Wobei \mathbf{G}_0 eine 5 x 5 additiv-genetische Ko-Varianzmatrix darstellt, \otimes symbolisiert das Kronecker-Produkt der Matrizen und \mathbf{A} stellt die Verwandtschaftsmatrix dar. Für die Residuen wurde ebenfalls eine multivariate Normalverteilung unterstellt, mit folgender Annahme $MNV(0, \mathbf{R} = \mathbf{R}_0 \otimes \mathbf{I})$, wobei \mathbf{R}_0 eine 5 x 5 residuale Ko-Varianzmatrix darstellt und \mathbf{I} die Einheitsmatrix repräsentiert. Die Berechnung der Pseudophänotypen erfolgt in univariaten Modellen ohne Berücksichtigung genetischer Korrelationen. Der Geburtsjahreseffekt im Modell dient dazu, dass eine Verzerrung des genetischen Trends verhindert wird und korrigiert damit mögliche Selektionsverzerrungen (Lassen et al., 2007).

6.5 Meilensteine – spezielle Fragestellungen

6.5.1 Meilenstein 1: Berechnung von korrigierten Töchterleistungen (YD) und deregressierten Zuchtwerten (drZW)

Die Methoden zur Berechnung von YD und drZW wurden im Kapitel 6.4 beschrieben. Für die Berechnung von YD und drZW wurden jene Tiere herangezogen, die im April 2014 in die Zuchtwertschätzung eingingen. Korrigierte Töchterleistungen wurden nur für die funktionale Nutzungsdauer und Fruchtbarkeitsmerkmale für die Rassen Fleckvieh und Braunvieh berechnet. Die Berechnung von YD ist für bestimmte Merkmale (z.B. Milch kg) komplexer, bzw. teilweise stehen YD nicht zur Verfügung (Braunvieh - hier stehen für bestimmte Merkmale nur Interbullzuchtwerte zur Verfügung; Persistenz). Deregressierte Zuchtwerte wurden hingegen für alle Merkmale, außer für die funktionale Nutzungsdauer, für die Rassen Fleckvieh und Braunvieh berechnet. Die Methode zur Berechnung von Nutzungsdauer-YD wurde ebenfalls von Ducrocq et al. (2001) entwickelt und von Tarrés et al. (2006) validiert. Die Deregression ist für Merkmale, die einem linearen Modell zugrunde liegen, gut möglich. Für Merkmale wie die funktionale Nutzungsdauer, die mit einem Weibull-Modell geschätzt wird, können YD berechnet werden. Im Kapitel 6.5.2 wird genauer auf die Verwendung des Ansatzes, basierend auf YD und drZW, eingegangen.

6.5.2 Meilenstein 2: Vergleich und Validierung verschiedener Methoden zur Berechnung von Gesamtzuchtwerten anhand von simulierten und phänotypischen Daten

Ein wesentlicher Teil des Arbeitspakets 2 war der Vergleich und die Validierung von verschiedenen Methoden zur Berechnung von Gesamtzuchtwerten. Dazu wurden insgesamt drei Manuskripte publiziert und ein weiteres eingereicht:

- Fuerst C., Pfeiffer C., Schwarzenbacher H., Steininger F. and Fuerst-Waltl B. (2014). Comparison of different methods to calculate a total merit index - results of a simulation study. In Proceedings of the 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production: 17.08 - 22.08. 2014, Vancouver, Canada.
- Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B., Schwarzenbacher H., Steininger F. and Fuerst C. (2014). A stochastic simulation study for the comparison of different methods to calculate a total merit index. *Acta Agraria Kaposváriensis* 18:40-46.
- Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B., Schwarzenbacher H., Steininger F. and Fuerst C. (2015). A comparison of methods to calculate a total merit index using stochastic simulation. *Genetics Selection Evolution* 47:36.
- Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B. and Fuerst C. (2015). Development of an approximate multivariate two-step approach for the joint genetic evaluation of Austrian and German dairy cattle. (eingereicht bei Agriculture).

Nachstehend werden alle vier Publikationen gemeinsam zusammengefasst. Eine detaillierte Ausführung kann in den einzelnen Publikationen (siehe Anhang) nachgelesen werden.

Wie eingangs beschrieben, weist die Methode Miesenberger (1997) einige konzeptionelle Schwächen auf. Zur Überprüfung ob die Methode Miesenberger (1997) tatsächlich zu einer Überschätzung der Gesamtzuchtwerte für Tiere mit niedrigen Sicherheiten führt und welche Auswirkungen die Vernachlässigung von residualen Kovarianzen hat, wurde eine ausführliche stochastische Simulationsstudie mit dem dänischen Simulationsprogramm ADAM (Pedersen et al., 2009) durchgeführt. Auf folgende Ziele wurde das Hauptaugenmerk gelegt:

- Die vereinfachte Simulation eines österreichischen Zuchtprogrammes der Rasse Braunvieh
- Der Vergleich von verschiedenen multivariaten Methoden sowie Indexmethoden zur Berechnung von Gesamtzuchtwerten:
 - Voll multivariates Tiermodell basierend auf phänotypischen Daten (Referenzmethode)
 - Approximativer Zweischrittansatz basierend auf drZW
 - Approximativer Zweischrittansatz basierend auf YD
 - Indexmethode Miesenberger (1997)
- Der Vergleich des approximativen Zweischrittansatzes basierend auf YD und drZW
- Der Vergleich von verschiedenen Methoden zur optimalen Kombination (Indexmethode) von Einzelzuchtwerten zum wahren Gesamtzuchtwert:
 - Indexmethode A (Miesenberger 1997): $\sigma_{ijA} = r_{gij}r_i^2r_j^2\sigma_{ai}\sigma_{aj}$
 - Indexmethode B: $\sigma_{ijB} = r_{pij}r_i r_j \sigma_{ai} \sigma_{aj}$
 - Indexmethode C: $\sigma_{ijC} = r_{gij}r_i r_j \sigma_{ai} \sigma_{aj}$
- Unterschiedliche Annahmen der residualen Ko-Varianzen
 - Die residualen Kovarianzen sind Null
 - Die residualen Kovarianzen sind die Hälfte der genetischen Kovarianzen

- Die residualen Kovarianzen sind gleich groß wie die genetischen Kovarianzen
- Durchführung und Vergleich eines approximativen Zweischrittansatzes mit ‚echten‘ Pseudophänotypen basierend auf YD und drZW

In der Praxis ist die Anwendung eines voll multivariaten Tiermodells basierend auf phänotypischen Daten nicht möglich. Die Ergebnisse der Simulationsstudie haben gezeigt, dass die Ergebnisse des approximativen Zweischrittansatzes, basierend auf drZW den Gesamtzuchtwerten eines voll multivariaten Tiermodells, basierend aus phänotypischen Daten, sehr nahe kommen. Die Rangkorrelationen der Gesamtzuchtwerte dieser Methode und eines voll multivariaten Modells lagen immer sehr nahe bei 1. Die Verzerrungen (Zuchtwert-Abweichung von der Referenzmethode) der Zuchtwerte waren bei dieser Methode am geringsten. Die gleiche Methode, basierend auf YD, erwies sich ebenfalls als geeignet. Dennoch waren die Rangkorrelationen der Gesamtzuchtwerte zwischen dieser Methode und der Referenzmethode etwas geringer bzw. die Verzerrungen geringfügig höher. Die Hypothesen betreffend der Indexmethode nach Miesenberger (1997) können angenommen werden – bei Tieren mit niedrigen Zuchtwertsicherheiten wird die Zuchtwertstreuung überschätzt. Die Überschätzung ist bei einer Vernachlässigung der residualen Kovarianzen am größten.

Die einzelnen Indexmethoden waren in ihren Ergebnissen recht ähnlich. Die Rangkorrelationen zwischen wahren Gesamtzuchtwert und Gesamtzuchtwert, kombiniert nach den Indexmethoden A-C, lagen bei rund 0,86 wenn keine residualen Kovarianzen unterstellt wurden. Bei der Unterstellung, dass die residualen Kovarianzen gleich der genetischen Kovarianzen sind, sanken die Rangkorrelationen auf rund 0,84. Auch die Verzerrung stieg mit Unterstellung von residualen Kovarianzen.

Die Simulation hat gezeigt, dass der approximative Zweischrittansatz basierend auf drZW zu den besten Ergebnissen geführt hat. Dies konnte auch anhand von nicht-simulierten Pseudophänotypen bewiesen werden.

Die verschiedenen Studien haben die konzeptionellen Schwachstellen (beschrieben in Kapitel 6.3) der Methode Miesenberger (1997) bestätigt. Anhand der Ergebnisse ist die Implementierung eines approximativen Zweischrittansatzes basierend auf drZW für die Routine-Zuchtwertschätzung zu empfehlen.

6.5.3 Meilenstein 3: Schätzung von genetischen und residualen Korrelationen zwischen allen Merkmalen, die in der Routinezuchtwertschätzung bzw. im Gesamtzuchtwert verwendet werden

Ziel der Parameterschätzung war die bivariate Schätzung von genetischen und residualen Korrelationen zwischen allen Merkmalen, für die eine Routine-Zuchtwertschätzung durchgeführt wird. Außerdem wurden verschiedene Merkmalsblöcke multivariat (bivariat bis decavariat) geschätzt. Dazu wurde bereits ein wissenschaftlicher Artikel publiziert, ein

Manuskript bei Journal of Dairy Science eingereicht und ein Poster bei der EAAP 2014 in Kopenhagen präsentiert. Ein weiterer Vortrag über genetische Zusammenhänge wird bei der diesjährigen EAAP in Warschau gehalten.

- Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B., Ducrocq V. and Fuerst C. (2014). Approximate multivariate genetic evaluation of functional longevity and type traits in Austrian Fleckvieh cattle. In Proceedings of the 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production: 17.08 - 22.08. 2014, Vancouver, Canada.
- Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B., Ducrocq V. and Fuerst C. (2014). Genetic parameters of functional longevity using a multivariate approach in Austrian Fleckvieh cattle. In Proceedings of the 65th Annual Meeting of the European Association for Animal Production: 25.08. – 29.08.2014, Copenhagen, Denmark.
- Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B. Ducrocq V. and Fuerst C. (2015). Genetic relationships between functional longevity and direct health traits in Austrian Fleckvieh cattle Journal of Dairy Science (eingereicht, Status: minor revision (02.06.2015)).
- Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B. and Fuerst C. (2015). Genetic associations between functional longevity and health traits in Austrian Fleckvieh cattle. 66th Annual Meeting of the European Association for Animal Production in Warsaw Poland (angenommen).

Nachstehend werden alle vier Publikationen gemeinsam zusammengefasst. Eine detaillierte Ausführung kann in den einzelnen Publikationen nachgelesen werden.

6.5.3.1 Zusammenfassung Publikationen

Die konzeptionellen Vorteile der Durchführung des approximativen Zweischrittansatzes nach ‚Ducrocq‘ ermöglichen die Schätzung von genetischen und residualen Korrelationen zwischen Merkmalen, die bis jetzt entweder noch nicht bekannt waren oder mit der approximativen Methode Calo et al. (1973) berechnet wurden (z.B. Nutzungsdauer – Exterieur). Im Fokus aller Publikationen stand das Merkmal funktionale Nutzungsdauer. Folgende Ziele wurden verfolgt:

- 6-fache Parameterschätzung der Merkmale funktionale Nutzungsdauer, Hüftbreite, Rumpftiefe, Bemuskelung, Fundament und Euter, basierend auf YD
- Die Berechnung eines Nutzungsdauerindex mit den Hilfsmerkmalen Hüftbreite, Rumpftiefe, Bemuskelung, Fundament und Euter, basierend auf drei verschiedenen Methoden
 - Quinvariate Schätzung basierend auf YD
 - Univariante Schätzung jedes Merkmals basierend auf YD mit anschließender Kombination zu einem Index unter Verwendung der genetischen Parameter aus der quinvarianten Parameterschätzung
 - Indexmethode nach Miesenberger
- Quinvariate Parameterschätzung der Merkmale funktionale Nutzungsdauer, Mastitis, frühe Fruchtbarkeitsstörungen, Zysten und Milchfieber, basierend auf YD und drZW

6.5.3.2 Parameterschätzung

In den folgenden Unterpunkten wird die Datenselektion der vier großen Datensätze für die Rasse Fleckvieh und zwei Testdatensätze für die Rasse Braunvieh beschrieben und die univariat geschätzten Heritabilitäten (h^2) dargestellt. Anschließend erfolgt eine gemeinsame Darstellung der genetischen und residualen Korrelationen aller sechs Datensätze. Es sei erwähnt, dass auf die Darstellung von genetischen und residualen Korrelationen der Exterieurmerkmale verzichtet wurde. Wichtige genetische und residuale Korrelationen der Exterieurmerkmale mit anderen ausgewählten Merkmalen werden separat dargestellt.

Die Schätzung von genetischen Parametern für die Merkmale Kalbeverlauf paternal (KVLpat), Kalbeverlauf maternal (KVLmat) und Aufzuchtverluste wurde aufgrund technischer und methodischer Schwierigkeiten mit separaten Datensätzen durchgeführt. Die Ergebnisse dazu sind in Tabelle 6.20 zu finden.

6.5.3.3 Parameterschätzung Fleckvieh und Braunvieh

Für die Rasse Fleckvieh wurden insgesamt vier, für die Rasse Braunvieh zwei Datensätze für die bivariate Parameterschätzung erstellt, wobei die Anzahl an Merkmalen in den jeweiligen Datensätzen variierte. Zusätzlich wurden noch verschiedene Merkmale miteinander kombiniert, um zu prüfen, wie hoch der Informationsübertrag zwischen den verschiedenen Merkmalen bei einer größeren Anzahl an genetisch korrelierten Merkmalen ist. Im ersten Schritt wurden deregressierte Zuchtwerte für die Merkmale Milch-kg (**Mkg**), Fett-kg (**Fkg**), Eiweiß-kg (**Ekg**), Nettotageszunahme (**NTZ**), Ausschachtung (**AUS**), Handelsklasse (**HKL**), Persistenz (**PERS**), Fruchtbarkeitswert (**FRW**), Non-Return-Rate 56 Kalbin (**NRR-Ka**), Non-Return-Rate 56 Kuh (**NRR-Kuh**), Verzögerungszeit Kalbin (**VZ-Ka**), Verzögerungszeit Kuh (**VZ-Kuh**), Eutergesundheitswert (**EGW**), Zellzahl (**ZZ**), durchschnittliches Minutengemelk (**DMG**), Mastitis (**MA**), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (**fFrüh**), Zysten (**Zys**), Michfieber (**MF**), Rumpftiefe (**RT**), Hüftbreite (**HB**), Bemuskelung (**BE**), Fundament (**FU**), Euter (**EU**), Voreuteraufhängung (**VOEUA**), Euterboden (**EUBO**) und Strichplatzierung hinten (**STRIPL**) berechnet. Für das Merkmal funktionale Nutzungsdauer (**ND**) wurden YD berechnet. Für die Rasse Braunvieh wurden keine genetischen Parameter für HB, BE und EUBO geschätzt. Stattdessen erfolgte eine Schätzung der Brustbreite (**BB**) und der Eutertiefe (**EUTI**). Die Vorgangsweise für die Varianzkomponentenschätzung verlief analog zur beschriebenen Methode in Kapitel 6.4 und wird daher nicht näher erläutert. Die Datenbearbeitung erfolgte mit der Statistiksoftware SAS 9.2 (SAS, 2008). Der Pedigree für die jeweilige Population wurde ebenfalls mit SAS 9.2 (SAS, 2008) erstellt und mit dem Programmpaket CFC 1.0 (Sargolzaei et al., 2006) auf Richtigkeit überprüft. Die Varianzkomponenten wurden mit dem Programmpaket ASReml anhand eines AI-Algorithmus geschätzt (Gilmour et al., 2009). Alle Berechnungen wurden auf einem Intel (R), Xeon (R) CPU E5520 @ 2.27 GHz mit 75 GB RAM Rechner durchgeführt.

6.5.3.3.1 Testdatensatz 1 Fleckvieh

Die Datenselektion erfolgte für weibliche und männliche Pseudophänotypen separat. Nach folgenden Kriterien wurden die Daten eingeschränkt:

Weibliche Pseudophänotypen:

- Eigenleistungsäquivalente <5
- Bundesländer Niederösterreich und Steiermark
- Fremdgenanteil $\leq 12,5\%$
- Geburtsjahre 1997 bis 2012
- Stiere mit mindestens 20 Töchtern; von den Top-Einsatzstieren wurden die ersten 850 Töchter mit Leistungsinformation gewählt

Männliche Pseudophänotypen:

- Eigenleistungsäquivalente <5
- Vollständige phänotypische Leistungsinformation für die Merkmale NTZ, AUS und HKL
- Geburtsjahrgänge 1997 bis 2013
- Geburtsjahr der Väter ab 1996
- Fremdgenanteil beider Eltern $\leq 12,5\%$
- Stiere mit mindestens 20 Söhnen; von den Top-Einsatzstieren wurden die ersten 700 Söhne mit Leistungsinformation gewählt

Im Anschluss an die Dateneinschränkung wurden aus der zur Verfügung stehenden Population auf Grund der Größe 15000 männliche Pseudophänotypen zufällig gezogen.

Der Datensatz 1 bestand insgesamt aus 65000 Pseudophänotypen (50000 weibliche und 15000 männliche). Der Pedigree wurde über zwei Generationen erstellt und umfasste 173544 Tiere.

6.5.3.3.2 Datensatz 2 Fleckvieh

Die Datenselektion erfolgte für weibliche und männliche Pseudophänotypen separat. Nach folgenden Kriterien wurden die Daten eingeschränkt:

Weibliche Pseudophänotypen:

- Eigenleistungsäquivalente <5
- Neun bayrische Regionen
- Fremdgenanteil $\leq 12,5\%$
- Geburtsjahre 1997 bis 2012
- Stiere mit mindestens 20 Töchtern; von den Top-Einsatzstieren wurden die ersten 850 Töchter mit Leistungsinformation gewählt

Männliche Pseudophänotypen:

- Eigenleistungsäquivalente <5
- Vollständige phänotypische Leistungsinformation für die Merkmale NTZ, AUS und HKL
- Geburtsjahrgänge 1997 bis 2013
- Geburtsjahr der Väter ab 1996

- Fremdgenanteil beider Eltern $\leq 12,5\%$
- Stiere mit mindestens 20 Söhnen; von den Top-Einsatzstieren wurden die ersten 700 Söhne mit Leistungsinformation gewählt
- Nur Stiere mit deutscher Lebensnummer

Im Anschluss an die Dateneinschränkung wurden aus der zur Verfügung stehenden Population auf Grund der Größe 7600 männliche Pseudophänotypen zufällig gezogen.

Der Datensatz 2 bestand insgesamt aus 65000 Pseudophänotypen (50000 weibliche und 15000 männliche). Der Pedigree wurde über zwei Generationen erstellt und umfasste 182742 Tiere.

In Bayern werden erst seit Kurzem Gesundheitsmerkmale erfasst. Der Datenumfang ist für eine Varianzkomponentenschätzung zu gering. Daher wurden keine genetischen Parameter für Gesundheitsmerkmale für diese Population geschätzt.

6.5.3.3.3 Datensatz 3 Fleckvieh

Die Datenselektion erfolgte für weibliche und männliche Pseudophänotypen separat. Nach folgenden Kriterien wurden die Daten eingeschränkt:

Weibliche Pseudophänotypen:

- Eigenleistungsäquivalente < 5
- Tiere aus acht österreichischen Bundesländern, sowie aus acht bayrischen Regionen und aus Baden-Württemberg
- Fremdgenanteil $\leq 12,5\%$
- Geburtsjahre 1997 bis 2012
- Stiere mit mindestens 25 Töchtern; von den Top-Einsatzstieren wurden die ersten 900 Töchter mit Leistungsinformation gewählt

Anschließend wurden zufällig 15427 österreichische Tiere, 11857 Tiere aus Baden-Württemberg und 18000 bayrische Tiere gezogen.

Männliche Pseudophänotypen:

- Eigenleistungsäquivalente < 5
- Vollständige phänotypische Leistungsinformation für die Merkmale NTZ, AUS und HKL
- Geburtsjahrgänge 1999 bis 2013
- Geburtsjahr der Väter ab 1996
- Fremdgenanteil beider Eltern $\leq 12,5\%$
- Stiere mit mindestens 20 Söhnen; von den Top-Einsatzstieren wurden die ersten 700 Söhne mit Leistungsinformation gewählt
- Männliche Leistung wurde nur dann ausgewählt, wenn die Mutter mit Leistungsinformationen in die weibliche Population einging

Der Datensatz 3 bestand insgesamt aus 56858 Pseudophänotypen (45284 weibliche und 11574 männliche). Der Pedigree wurde über drei Generationen erstellt und umfasste 216439 Tiere.

6.5.3.3.4 Datensatz 4 Fleckvieh

Die Datenselektion erfolgte für weibliche und männliche Pseudophänotypen separat. Nach folgenden Kriterien wurden die Daten eingeschränkt:

Weibliche Pseudophänotypen:

- Eigenleistungsäquivalente <5
- Tiere aus fünf österreichischen Bundesländern sowie aus Baden-Württemberg
- Vollständige Information für alle Merkmale
- Fremdgenanteil $\leq 12,5\%$
- Geburtsjahre 2000 bis 2011
- Stiere mit mindestens 20 Töchtern; von den Top-Einsatzstieren wurden die ersten 550 Töchter mit Leistungsinformation gewählt

Männliche Pseudophänotypen:

- Eigenleistungsäquivalente <5
- Vollständige phänotypische Leistungsinformation für die Merkmale NTZ, AUS und HKL
- Geburtsjahrgänge 2002 bis 2012
- Fremdgenanteil beider Eltern $\leq 12,5\%$
- Stiere mit mindestens 5 Söhnen; von den Top-Einsatzstieren wurden die ersten 500 Söhne mit Leistungsinformation gewählt
- Männliche Leistung wurde nur dann ausgewählt, wenn die Mutter mit Leistungsinformationen in die weibliche Population einging

Der Datensatz 4 bestand insgesamt aus 57210 Pseudophänotypen (46539 weibliche und 10671 männliche). Der Pedigree wurde über drei Generationen erstellt und umfasste 196477 Tiere.

6.5.3.3.5 Datensatz 1 Braunvieh

Die Datenselektion erfolgte beim Braunvieh nur für weibliche Pseudophänotypen.

Weibliche Pseudophänotypen:

- Eigenleistungsäquivalente <5
- Tiere aus sechs österreichischen Bundesländern
- Fremdgenanteil $\leq 12,5\%$
- Geburtsjahre 1997 bis 2011
- Stiere mit mindestens 15 Töchtern; von den Top-Einsatzstieren wurden die ersten 900 Töchter mit Leistungsinformation gewählt

Der Datensatz 1 bestand insgesamt aus 77078 Pseudophänotypen. Der Pedigree wurde über drei Generationen erstellt und umfasste 214255 Tiere.

6.5.3.3.6 Datensatz 2 Braunvieh

Die Datenselektion erfolgte beim Braunvieh nur für weibliche Pseudophänotypen.

Weibliche Pseudophänotypen:

- Eigenleistungsäquivalente <5
- Tiere aus sechs österreichischen Bundesländern
- Fremdgenanteil $\leq 12,5\%$
- Geburtsjahre 1997 bis 2011
- Stiere mit mindestens 30 Töchtern; von den Top-Einsatzstieren wurden die ersten 700 Töchter mit Leistungsinformation gewählt
- Anzahl an fehlenden Pseudophänotypen möglichst gering

Der Datensatz 2 bestand insgesamt aus 73483 Pseudophänotypen. Der Pedigree wurde über drei Generationen erstellt und umfasste 214062 Tiere.

6.5.3.4 Ergebnisse univariate Heritabilitäten für die Rasse Fleckvieh und Braunvieh

In Tabelle 6.1 sind alle univariaten Heritabilitäten für die Datensätze Fleckvieh 1-4 (FV1-4) sowie für Braunvieh 1-2 (BV 1-2) dargestellt.

Tabelle 6.1: Univariat geschätzte Heritabilitäten der Datensätze Fleckvieh 1-4 (FV 1-4) und Braunvieh (BV 1-2) der Merkmale Milch-kg (Mkg), Fett-kg (Fkg), Eiweiß-kg (Ekg), Nettotageszunahme (NTZ), Ausschachtung (AUS), Handelsklasse (HKL), funktionale Nutzungsdauer (ND), Persistenz (PERS), Non-Return-Rate Kalbin (NRR-Ka), Non-Return-Rate Kuh (NRR-KUH), Verzögerungszeit Kalbin (VZ-Ka), Verzögerungszeit Kuh (VZ-Kuh), Zellzahl (ZZ), Mastitis (MA), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh), Zysten (Zysten), Rumpftiefe (RT), Hüftbreite (HB), Brustbreite (BB), Bemuskelung (BE), Fundament (FU), Euter (EU), Voreuteraufhängung (VOEUA), Euterboden (EUBO), Eutertiefe (EUTI), Strichplatzierung hinten (STRIPL), Eutergesundheitswert (EGW) und Fruchtbarkeitswert (FRW)

Merkmal	Heritabilitäten±SE					
	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2
Mkg	0,601±0,015	0,471±0,016	0,678±0,019	0,601±0,019	0,508±0,011	-
Fkg	0,467±0,015	0,381±0,015	0,508±0,020	0,481±0,019	0,433±0,012	0,455±0,013
Ekg	0,519±0,015	0,402±0,015	0,573±0,020	0,536±0,020	0,448±0,012	0,480±0,013
NTZ	0,264±0,027	0,215±0,039	0,188±0,025	0,262±0,031	-	-
AUS	0,570±0,034	0,533±0,050	0,356±0,033	0,480±0,037	-	-
HKL	0,352±0,030	0,351±0,047	0,077±0,016	0,347±0,034	-	-
ND	0,036±0,006	0,016±0,004	0,071±0,009	0,032±0,005	0,043±0,005	0,048±0,005
PERS	0,474±0,015	0,402±0,016	0,519±0,020	0,531±0,020	0,541±0,012	0,572±0,012
NRR-Ka	0,011±0,003	0,011±0,003	0,018±0,005	0,010±0,002	0,009±0,002	0,006±0,002
NRR-Kuh	0,024±0,005	0,013±0,003	0,024±0,005	0,018±0,004	0,024±0,004	0,023±0,004
VZ-Ka	0,005±0,003*	0,006±0,002	0,013±0,004	0,010±0,002	0,009±0,002	0,014±0,003
VZ-Kuh	0,021±0,005	0,023±0,004	0,046±0,008	0,087±0,007	0,047±0,005	0,047±0,005
ZZ	0,227±0,013	0,201±0,012	0,305±0,024	0,209±0,014	0,263±0,011	0,283±0,012
MA	0,046±0,007	-	0,017±0,005	0,030±0,005	0,029±0,008	0,010±0,006*
DMG	0,301±0,016	0,255±0,016	0,166±0,031	0,271±0,016	0,240±0,012	0,206±0,010
MF	0,063±0,009	-	0,014±0,005	0,041±0,006	0,007±0,005*	0,004±0,005*
fFrüh	0,026±0,005	-	0,013±0,004	0,022±0,004	0,024±0,007	0,014±0,008
Zysten	0,075±0,009	-	0,026±0,006	0,042±0,005	0,009±0,005*	0,020±0,008
RT	0,213±0,025	0,210±0,023	0,166±0,031	-	0,291±0,016	-
HB	0,197±0,024	0,298±0,026	0,253±0,039	-	-	-
BB	-	-	-	-	0,140±0,011	-
BE	0,254±0,027	0,268±0,024	0,231±0,039	-	-	-
FU	0,074±0,017	0,078±0,017	0,074±0,021	0,085±0,021	0,148±0,012	0,128±0,008
EU	0,229±0,025	0,158±0,021	0,152±0,032	0,277±0,033	0,267±0,015	0,261±0,011
VOEUA	0,152±0,024	0,192±0,027	0,188±0,037	-	0,148±0,011	-
EUBO	0,301±0,028	0,300±0,026	0,236±0,038	-	-	-
EUTI	-	-	-	-	0,348±0,016	-
STRIPL	0,261±0,027	0,229±0,024	0,215±0,037	-	0,181±0,012	-
EGW	-	-	0,039±0,004	0,148±0,012	-	0,197±0,010
FRW	-	-	0,081±0,008	0,038±0,005	0,089±0,008	0,072±0,007

- es wurden keine Heritabilitäten geschätzt; *nicht signifikant von Null verschieden

Die hier berechnete Heritabilität ist eine Verhältniszahl zwischen der additiv-genetischen Varianz und der residualen Varianz. Da in den YD bzw. drZW wiederholte Leistungen miteingehen, ist die residuale (Ko)-Varianz eine Durchschnittszahl aller Residuen und somit nicht direkt vergleichbar mit Schätzwerten für Heritabilitäten aus phänotypischen Daten. Dennoch bieten die Ergebnisse Anhaltspunkte für die Qualität des Datensatzes. Für die Routine-Zuchtwertschätzung müssen Heritabilitäten weiterhin basierend auf phänotypischen Daten geschätzt und verwendet werden.

6.5.3.5 Ergebnisse genetische Korrelationen der Rassen Fleckvieh und Braunvieh

In den Tabellen 6.2 bis 6.16 sind die genetischen Korrelationen zwischen allen Merkmalen dargestellt. Die Merkmale NRR-Ka, NRR-Kuh, VZ-Ka und VZ-Kuh werden nicht gesondert dargestellt.

Tabelle 6.2: Genetische Korrelationen zwischen Milch-kg (Mkg) und Fett-kg (Fkg), Eiweiß-kg (ekg), Nettotageszunahme (NTZ), Ausschachtung (AUS), Handelsklasse (HKL), Nutzungsdauer (ND), Persistenz (PERS), Fruchtbarkeitswert (FRW), Non-Return-Rate 56 Kalbin (NRR-Ka), Non-Return-Rate 56 Kuh (NRR-Kuh), Verzögerungszeit Kalbin (VZ-Ka), Verzögerungszeit Kuh (VZ-Kuh), Eutergesundheitswert (EGW), Zellzahl (ZZ), Mastitis (MA), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2) und die genetischen Korrelationen die, in der Routine-Zuchtwertschätzung angewandt werden.

Mkg	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2	Routine
Fkg	0,64	0,72	0,69	-	0,72	-	
Ekg	0,86	0,92	0,87	-	0,84	-	
NTZ	-0,01	-0,31	0,11	-	-	-	
AUS	-0,32	-0,46	-0,08	-	-	-	
HKL	-0,24	x	0,03	-	-	-	
ND	-0,23	-0,28	-0,12	-	-0,19	-	
PERS	0,05	0,14	0,03	-	0,19	-	
FRW	-	-	0,12	-	-0,10	-	
NRR-Ka	-0,06	0,14	-0,06	-	0,19	-	
NRR-Kuh	-0,15	0,12	-0,25	-	0,00	-	
VZ-Ka	0,34	0,69	0,28	-	0,20	-	
VZ-Kuh	0,52	0,56	0,40	-	0,40	-	
EGW	-	-	0,37	-	-	-	
ZZ	-0,05	-0,11	-0,08	-	-0,01	-	
MA	0,26	-	0,33	-	0,21	-	
DMG	0,37	0,46	0,40	-	0,32	-	
MF	0,24	-	0,31	-	0,10	-	
fFrüh	0,18	-	0,07	-	0,21	-	
Zysten	0,19	-	0,22	-	0,74	-	

- es wurden keine genetischen Korrelationen geschätzt, X Algorithmus nicht konvergiert

Tabelle 6.3: Genetische Korrelationen zwischen Fett-kg (Fkg) und Eiweiß-kg (Ekg), Nettotageszunahme (NTZ), Ausschlachtung (AUS), Handelsklasse (HKL), Nutzungsdauer (ND), Persistenz (PERS), Fruchtbarkeitswert (FRW), Non-Return-Rate 56 Kalbin (NRR-Ka), Non-Return-Rate 56 Kuh (NRR-Kuh), Verzögerungszeit Kalbin (VZ-Ka), Verzögerungszeit Kuh (VZ-Kuh), Eutergesundheitswert (EGW), Zellzahl (ZZ), Mastitis (MA), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2) und die genetischen Korrelationen, die in der Routine-Zuchtwertschätzung angewandt werden.

Fkg	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2	Routine
Ekg	0,70	0,76	0,71	0,70	0,79	0,82	0,85
NTZ	-0,02	0,01	0,04	-0,04	-	-	0,10
AUS	-0,37	X	-0,16	-0,16	-	-	-0,15
HKL	-0,32	X	-0,21	-0,22	-	-	-0,05
ND	-0,33	-0,43	-0,28	-0,08	-0,30	-0,40	-0,10
Pers	-0,16	-0,10	-0,19	-0,17	0,01	0,22	0,00
FRW	-	-	-0,20	-0,47	-0,30	-0,34	-0,20
NRR-Ka	0,06	-0,04	-0,19	-0,29	0,17	0,26	
NRR-KUH	-0,17	0,11	-0,16	-0,11	-0,01	0,11	
VZ-Ka	0,24	0,42	0,28	0,14	0,20	0,05	
VZ-Kuh	0,02	0,17	0,14	0,04	0,10	0,20	
EGW	-	-	-0,08	-0,29	-	-0,04	-0,25
ZZ	0,10	0,12	0,01	0,04	0,05	0,04	
MA	0,21	-	0,20	0,44	0,12	0,06	
DMG	0,42	0,39	0,34	0,39	0,28	0,24	0,25
MF	0,12	-	0,14	0,12	0,01	0,11	
fFrüh	0,07	-	0,22	0,24	0,21	0,01	
Zysten	0,13	-	0,15	0,22	0,61	0,43	

- es wurden keine genetischen Korrelationen geschätzt; X Algorithmus nicht konvergiert

Tabelle 6.4: Genetische Korrelationen zwischen Eiweiß-kg (Ekg) und Nettotageszunahme (NTZ), Ausschachtung (AUS), Handelsklasse (HKL), Nutzungsdauer (ND), Persistenz (PERS), Fruchtbarkeitswert (FRW), Non-Return-Rate 56 Kalbin (NRR-Ka), Non-Return-Rate 56 Kuh (NRR-Kuh), Verzögerungszeit Kalbin (VZ-Ka), Verzögerungszeit Kuh (VZ-Kuh), Eutergesundheitswert (EGW), Zellzahl (ZZ), Mastitis (MA), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2) und die genetischen Korrelationen, die in der Routine-Zuchtwertschätzung angewandt werden.

Ekg	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2	Routine
NTZ	0,05	X	0,16	0,10	-	-	0,10
AUS	-0,35	X	-0,10	-0,06	-	-	-0,15
HKL	-0,33	X	-0,15	-0,12	-	-	-0,05
ND	-0,34	-0,42	-0,23	-0,13	-0,25	-0,31	-0,10
PERS	-0,07	-0,09	-0,14	-0,07	0,04	0,27	0,00
FRW	-	-	-0,23	-0,50	-0,29	-0,27	-0,20
NRR-Ka	-0,08	0,11	0,03	-0,25	0,06	0,24	
NRR-KUH	-0,17	0,02	-0,21	-0,12	-0,05	0,01	
VZ-Ka	0,24	0,45	0,32	0,19	0,29	0,11	
VZ-KUH	0,02	0,20	0,15	0,01	0,05	0,13	
EGW	-	-	-0,11	-0,28	-	-0,07	-0,25
ZZ	0,02	0,10	0,04	-0,02	0,01	0,01	
MA	0,24	-	0,31	0,44	0,16	0,18	
DMG	0,37	0,39	0,40	0,34	0,24	0,17	0,25
MF	0,17	-	0,30	0,17	0,06	0,27	
fFrüh	0,15	-	0,08	0,36	0,20	0,21	
Zysten	0,21	-	0,25	0,24	0,75	0,40	

- es wurden keine genetischen Korrelationen geschätzt; X Algorithmus nicht konvergiert

Tabelle 6.5: Genetische Korrelationen zwischen Nettotageszunahme (NTZ) und Ausschächtung (AUS), Handelsklasse (HKL), Nutzungsdauer (ND), Persistenz (PERS), Fruchtbarkeitswert (FRW), Non-Return-Rate 56 Kalbin (NRR-Ka), Non-Return-Rate 56 Kuh (NRR-Kuh), Verzögerungszeit Kalbin (VZ-Ka), Verzögerungszeit Kuh (VZ-Kuh), Eutergesundheitswert (EGW), Zellzahl (ZZ), Mastitis (MA), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2) und die genetischen Korrelationen, die in der Routine-Zuchtwertschätzung angewandt werden.

NTZ	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2	Routine
AUS	0,44	0,40	0,38	0,39	-	-	0,51
HKL	0,44	0,42	0,55	0,38	-	-	0,46
ND	0,15	-0,12	-0,12	-0,13	-	-	0,00
PERS	X	-0,16	-0,14	-0,07	-	-	0,00
FRW	-	-	-0,25	-0,37	-	-	0,00
NRR-Ka	-0,21	0,20	0,05	0,04	-	-	
NRR-Kuh	-0,04	0,23	0,14	-0,14	-	-	
VZ-Ka	0,25	0,05	0,04	0,06	-	-	
VZ-Kuh	0,33	0,16	0,15	0,09	-	-	
EGW	-	-	x	-0,10	-	-	
ZZ	0,07	0,02	0,01	0,04	-	-	
MA	0,01	-	X	X	-	-	
DMG	0,08	0,10	X	-0,10	-	-	
MF	0,08	-	X	0,01	-	-	
fFrüh	0,18	-	0,11	x	-	-	
Zysten	0,25	-	X	0,02	-	-	

- es wurden keine genetischen Korrelationen geschätzt; X Algorithmus nicht konvergiert

Tabelle 6.6: Genetische Korrelationen zwischen Ausschachtung (AUS) und Handelsklasse (HKL), Nutzungsdauer (ND), Persistenz (PERS), Fruchtbarkeitswert (FRW), Non-Return-Rate 56 Kalbin (NRR-Ka), Non-Return-Rate 56 Kuh (NRR-Kuh), Verzögerungszeit Kalbin (VZ-Ka), Verzögerungszeit Kuh (VZ-Kuh), Eutergesundheitswert (EGW), Zellzahl (ZZ), Mastitis (MA), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2) und die genetischen Korrelationen, die in der Routine-Zuchtwertschätzung angewandt werden

AUS	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2	Routine
HKL	0,54	0,61	0,55	0,40	-	-	0,59
ND	0,29	0,29	0,16	0,03	-	-	-0,10
PERS	-0,02	-0,03	-0,10	-0,10	-	-	0,00
FRW	-	-	-0,04	-0,03	-	-	0,00
NRR-Ka	-0,30	0,07	-0,10	-0,02	-	-	
NRR-KUH	0,02	-0,27	0,03	0,07	-	-	
VZ-Ka	0,05	0,05	0,03	0,03	-	-	
VZ-KUH	0,41	0,20	0,17	0,26	-	-	
EGW	-	-	x	-0,03	-	-	0,00
ZZ	X	0,16	0,08	0,12	-	-	
MA	0,22	-	0,01	0,04	-	-	
DMG	X	-0,08	-0,20	-0,12	-	-	0,00
MF	0,20	-	0,11	0,13	-	-	
fFrüh	0,05	-	0,24	x	-	-	
Zysten	0,04	-	0,05	x	-	-	

- es wurden keine genetischen Korrelationen geschätzt; x Algorithmus nicht konvergiert

Tabelle 6.7: Genetische Korrelationen zwischen Handelsklasse (HKL) und Nutzungsdauer (ND), Persistenz (PERS), Fruchtbarkeitswert (FRW), Non-Return-Rate 56 Kalbin (NRR-Ka), Non-Return-Rate 56 Kuh (NRR-Kuh), Verzögerungszeit Kalbin (VZ-Ka), Verzögerungszeit Kuh (VZ-Kuh), Eutergesundheitswert (EGW), Zellzahl (ZZ), Mastitis (MA), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2) und die genetischen Korrelationen, die in der Routine-Zuchtwertschätzung angewandt werden.

HKL	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2	Routine
ND	0,04	0,30	-0,11	0,17	-	-	-0,10
PERS	-0,08	-0,26	-0,22	-0,07	-	-	0,00
FRW	-	-		-0,21	-	-	-0,10
NRR-Ka	0,02	0,30	0,10	-0,02	-	-	
NRR-Kuh	0,27	0,19	0,44	0,11	-	-	
VZ-Ka	0,08	-0,03	0,04	-0,12	-	-	
VZ-Kuh	0,39	0,19	0,30	0,08	-	-	
EGW	-	-	x	-0,18	-	-	0,00
ZZ	0,05	-0,14	-0,08	-0,02	-	-	
MA	0,03	-	0,01	X	-	-	
DMG	-0,14	X	-0,20	-0,08	-	-	0,00
MF	0,22	-	-0,11	0,05	-	-	
fFrüh	0,04	-	0,17	x	-	-	
Zysten	0,20	-	0,16	x	-	-	

- es wurden keine genetischen Korrelationen geschätzt; x Algorithmus ist nicht konvergiert

Tabelle 6.8: Genetische Korrelationen zwischen Nutzungsdauer (ND) und Persistenz (PERS), Fruchtbarkeitswert (FRW), Non-Return-Rate 56 Kalbin (NRR-Ka), Non-Return-Rate 56 Kuh (NRR-Kuh), Verzögerungszeit Kalbin (VZ-Ka), Verzögerungszeit Kuh (VZ-Kuh), Eutergesundheitswert (EGW), Zellzahl (ZZ), Mastitis (MA), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2) und die genetischen Korrelationen, die in der Routine-Zuchtwertschätzung angewandt werden.

ND	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2	Routine
Pers	0,74	0,74	0,75	0,75	0,57	0,35	0,31
FRW	-	-	0,70	0,83	0,58	0,43	0,10
NRR-Ka	-0,05	-0,18	-0,02	-0,15	-0,39	-0,46	
NRR-Kuh	0,10	-0,02	-0,15	-0,10	-0,27	-0,16	
VZ-Ka	0,48	-0,09	0,39	0,61	0,25	0,10	
VZ-Kuh	0,67	0,26	0,18	0,52	0,45	-0,42	
EGW	-	-	0,62	0,77	-	0,42	0,10
ZZ	-0,33	-0,19	-0,35	-0,23	-0,27	-0,24	-0,32
MA	-0,52	-	-0,60	-0,33	-0,39	-0,43	
DMG	-0,18	0,21	0,14	-0,05	-0,04	0,03	0,00
MF	-0,14	-	-0,65	-0,19	-0,16	-0,57	
fFrüh	-0,38	-	-0,20	-0,08	-0,02	-0,34	
Zysten	-0,11	-	-0,25	0,05	-0,02	-0,10	

- es wurden keine genetischen Korrelationen geschätzt

Tabelle 6.9: Genetische Korrelationen zwischen Persistenz (PERS) und Fruchtbarkeitswert (FRW), Non-Return-Rate 56 Kalbin (NRR-Ka), Non-Return-Rate 56 Kuh (NRR-Kuh), Verzögerungszeit Kalbin (VZ-Ka), Verzögerungszeit Kuh (VZ-Kuh), Eutergesundheitswert (EGW), Zellzahl (ZZ), Mastitis (MA), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2) und die genetischen Korrelationen, die in der Routine-Zuchtwertschätzung angewandt werden.

Pers	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2	Routine
FRW	-	-	0,18	0,23	0,30	0,14	0,20
NRR-Ka	-0,07	0,04	-0,20	0,06	0,11	-0,15	
NRR-KUH	0,06	0,05	0,04	0,12	0,04	-0,10	
VZ-Ka	0,06	-0,05	0,25	0,28	0,08	0,08	
VZ-KUH	0,27	0,27	0,14	0,23	0,10	0,07	
EGW	-	-	0,25	0,33	-	0,32	0,10
ZZ	0,28	0,25	0,28	0,28	0,21	0,21	
MA	-0,25	-	-0,20	-0,27	-0,33	-0,06	
DMG	-0,34	-0,10	-0,07	-0,14	-0,03	0,00	0,00
MF	-0,10	-	-0,33	-0,15	-0,06	-0,04	
fFrüh	-0,25	-	-0,24	-0,10	-0,01	-0,21	
Zysten	-0,13	-	-0,19	-0,15	-0,01	-0,15	

- es wurden keine genetischen Korrelationen geschätzt

Tabelle 6.10: Genetische Korrelationen zwischen Fruchtbarkeitswert (FRW) und Non-Return-Rate 56 Kalbin (NRR-Ka), Non-Return-Rate 56 Kuh (NRR-Kuh), Verzögerungszeit Kalbin (VZ-Ka), Verzögerungszeit Kuh (VZ-Kuh), Eutergesundheitswert (EGW), Zellzahl (ZZ), Mastitis (MA), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2) und die genetischen Korrelationen, die in der Routine-Zuchtwertschätzung angewandt werden.

FRW	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2	Routine
NRR-Ka	-	-	0,13	0,82	-	-0,43	
NRR-Kuh	-	-	0,25	0,85	-	0,11	
VZ-Ka	-	-	-0,72	-0,93	-	-0,48	
VZ-Kuh	-	-	-0,65	-0,96	-	-0,72	
EGW	-	-	-0,20	-0,13	-	0,18	0,10
ZZ	-	-	-0,14	-0,05	-0,15	-0,10	
MA	-	-	-0,14	-0,41	-0,24	-0,28	
DMG	-	-	-0,05	-0,16	-0,14	-0,11	0,00
MF	-	-	-0,32	-0,23	-0,24	-0,20	
fFrüh	-	-	-0,77	-0,90	-	-0,81	
Zysten	-	-	-0,50	-0,77	-	-0,56	

- es wurden keine genetischen Korrelationen geschätzt

Tabelle 6.11: Genetische Korrelationen zwischen Eutergesundheitswert (EGW) und Zellzahl (ZZ), Mastitis (MA), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2) und die genetischen Korrelationen, die in der Routine-Zuchtwertschätzung angewandt werden.

EGW	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2	Routine
ZZ	-	-	-0,80	-0,95	-	-0,96	
MA	-	-	-0,70	-0,79	-	-0,73	
DMG	-	-	-0,16	-0,39	-	-0,19	-0,20
MF	-	-	-0,29	-0,18	-	-0,10	
fFrüh	-	-	-0,15	-0,27	-	-0,11	
Zysten	-	-	0,07	-0,34	-	-0,01	

- es wurden keine Heritabilitäten geschätzt; x Algorithmus ist nicht konvergiert

Tabelle 6.12: Genetische Korrelationen zwischen Zellzahl (ZZ) und Mastitis (MA), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2) und die genetischen Korrelationen, die in der Routine-Zuchtwertschätzung angewandt werden.

ZZ	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2	Routine
MA	-0,55	-	-0,63	-0,59	-0,57	-0,63	
DMG	-0,34	-0,25	-0,35	-0,41	-0,29	-0,26	-0,20
MF	-0,11	-	-0,33	-0,11	-0,26	-0,10	
fFrüh	-0,06	-	-0,13	-0,02	-0,03	-0,16	
Zysten	-0,04	-	-0,05	-0,01	-0,09	-0,02	

- es wurden keine genetischen Korrelationen geschätzt

Tabelle 6.13: Genetische Korrelationen zwischen Mastitis (MA) und durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2) und die genetischen Korrelationen, die in der Routine-Zuchtwertschätzung angewandt werden.

MA	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2	Routine
DMG	-0,18	-	-0,26	-0,23	-0,14	-0,07	
MF	0,14	-	0,44	0,22	0,56	-0,01	
fFrüh	0,15	-	0,16	0,12	-0,04	#	
Zysten	0,11	-	-0,30	0,02	-0,33	#	

- es wurden keine genetischen Korrelationen geschätzt; # Standardfehler >1

Tabelle 6.14: Genetische Korrelationen zwischen durchschnittlichem Minutengemelk (DMG) und Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2) und die genetischen Korrelationen, die in der Routine-Zuchtwertschätzung angewandt werden.

DMG	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2	Routine
MF	0,24	-	0,48	0,23	0,13	0,55	
fFrüh	0,20	-	0,27	0,26	0,21	0,15	
Zysten	0,19	-	0,29	0,15	0,48	0,42	

- es wurden keine genetischen Korrelationen geschätzt

Tabelle 6.15: Genetische Korrelationen zwischen Milchfieber (MF) und frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2) und die genetischen Korrelationen, die in der Routine-Zuchtwertschätzung angewandt werden

MF	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2	Routine
fFrüh	0,38	-	0,30	0,27	0,50	#	
Zysten	0,36	-	0,58	0,37	0,81	0,31	

- es wurden keine genetischen Korrelationen geschätzt; # Standardfehler >1

Tabelle 6.16: Genetische Korrelationen zwischen frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2) und die genetischen Korrelationen, die in der Routine-Zuchtwertschätzung angewandt werden

fFrüh	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2	Routine
Zysten	0,56	-	0,32	-	0,29	0,13	

- es wurden keine genetischen Korrelationen geschätzt

6.5.3.6 Ergebnisse residuale Korrelationen

Im Anhang (15.1) sind die residualen Korrelationen zwischen allen Merkmalen dargestellt.

6.5.3.7 Ergebnisse und Diskussion Parameterschätzung einzelner Merkmalsblöcke

Das folgende Kapitel präsentiert Ergebnisse des multivariaten Zweischrittansatzes mit mehr als zwei Merkmalen. Ziel war es, Datensätze mit bester Datenstruktur und ohne fehlende Werte zu erstellen. In den großen Datensätzen hat sich gezeigt, dass die genetischen und residualen Korrelationen von nieder heritablen Merkmalen stark schwanken. Die Heritabilitäten der Exterieurmerkmale, die als Hilfsmerkmale für den Nutzungsdauerindex verwendet werden, liegen in einem moderaten Bereich (0,15 bis 0,33 Fleckvieh; 0,14 bis 0,37 Braunvieh) (Fürst et al., 2015). Dadurch, dass nicht alle erstlaktierenden Kühe linear beschrieben werden, ist die Datenmenge geringer. Durch die Kriterien der Dateneinschränkung in den großen Datensätzen blieben kaum noch Pseudophänotypen übrig. Daher wurden die genetischen Parameter der Merkmale funktionale Nutzungsdauer (ND), Rumpftiefe (RT), Hüftbreite (HB), Bemuskelung (BE), Fundament (FU), Euter (EU) für die Rasse Fleckvieh in einem Sechs- bzw. Fünf-Merkmals-Modell geschätzt. Für die Rasse Braunvieh erfolgte die gleiche Vorgangsweise, mit einem weiteren Merkmal Brustbreite (BB) und ohne den Merkmalen HB und BE. Bis jetzt wurden genetische Korrelationen zwischen ND und den einzelnen Exterieurmerkmalen mit der Methode nach Calo et al. (1973) aus den geschätzten Zuchtwerten und den Sicherheiten berechnet.

6.5.3.7.1 Funktionale Nutzungsdauer und Exterieurmerkmale Fleckvieh

Siehe Publikation ‚Approximate multivariate genetic evaluation of functional longevity and type traits in Austrian Fleckvieh cattle‘.

6.5.3.7.2 Funktionale Nutzungsdauer und Gesundheitsmerkmale Fleckvieh

Siehe Publikation ‚Genetic relationships between functional longevity and direct health traits in Austrian Fleckvieh cattle‘.

6.5.3.7.3 Fleischmerkmale Fleckvieh

Die genetischen Parameter der Merkmale NTZ, AUS und HKL wurden in einem trivariaten Tiermodell, analog zu der in Kapitel 6.4 beschriebenen Methode, geschätzt. Die männlichen Pseudophänotypen für die Fleischleistungsmerkmale wurden nach folgenden Kriterien eingeschränkt:

- Eigenleistungsäquivalente <5
- Vollständige phänotypische Leistungsinformation für die Merkmale NTZ, AUS und HKL
- Geburtsjahrgänge Väter ab 1996
- Fremdgenanteil beider Eltern $\leq 12,5\%$
- Stiere mit mindestens 20 Söhnen; von den Top-Einsatzstieren wurden die ersten 700 Söhne mit Leistungsinformation gewählt

Der Datensatz für die Fleischleistungsmerkmale bestand aus insgesamt 62151 männlichen Pseudophänotypen. Der Pedigree wurde über zwei Generationen erstellt und umfasste 197069 Tiere.

In Tabelle 6.17 sind die genetischen Parameter des trivariaten Schätzlaufes der Fleischleistungsmerkmale für die Rasse Fleckvieh dargestellt.

Tabelle 6.17 Heritabilitäten auf der Diagonalen, genetische Korrelationen über der Diagonalen und residuale Korrelationen unter der Diagonalen der Merkmale Nettotageszunahme (NTZ), Ausschlachtung (AUS) und Handelsklasse (HKL)

	NTZ	AUS	HKL
NTZ	0,310±0,013	0,481±0,023	0,436±0,026
AUS	0,271±0,015	0,571±0,016	0,514±0,022
HKL	0,580±0,009	0,156±0,017	0,323±0,013

Die geschätzten Heritabilitäten der Fleischleistungsmerkmale sind direkt mit den Heritabilitäten aus der Routine-Zuchtwertschätzung vergleichbar, da hier keine wiederholten Leistungen erhoben werden und somit die Residual-(Ko)Varianzen keine Durchschnittswerte sind. Die Heritabilitäten, geschätzt mit dem approximativen Zweischrittansatz, waren etwas höher als die Werte aus der Routine-Zuchtwertschätzung (0,29, 0,46 und 0,21 für NTZ, AUS und HKL).

6.5.3.7.4 Funktionale Nutzungsdauer und Exterieurmerkmale Braunvieh

Die genetischen Parameter der Merkmale ND, RT, BB, FU und EU wurden in einem quinvariaten Tiermodell, analog zu der in Kapitel 6.4 beschriebenen Methode, geschätzt. Das sind jene Merkmale, die für die Rasse Braunvieh in der Routine-Zuchtwertschätzung zu einem Nutzungsdauerindex kombiniert werden. Bis dato waren noch keine ‚wahren‘ genetischen und residualen Korrelationen bekannt, da diese nur anhand der approximativen Methode nach Calo et al. (1973) geschätzt wurden. Die Pseudophänotypen für diesen Block wurden nach folgenden Kriterien eingeschränkt:

- Eigenleistungsäquivalente <5
- Vollständige phänotypische Leistungsinformation für die Merkmale ND, RT, BB, FU und EU
- Geburtsjahrgänge 1997-2012
- Fremdgenanteil beider Eltern ≤12,5%
- Nur Tiere die auf österreichischen Betrieben linear beschrieben wurden
- Bekannte Väter
- Stiere mit mindestens 10 Töchtern

Der Datensatz für diesen Merkmalsblock bestand aus insgesamt 51744 Pseudophänotypen. Der Pedigree wurde über drei Generationen erstellt und umfasste 143173 Tiere.

In Tabelle 6.18 sind die univariat geschätzten Heritabilitäten der Merkmale ND, RT, BB, FU und EU dargestellt. Vergleichend dazu werden die in der Routine verwendeten h^2 angeführt.

Tabelle 6.1817 Univariat geschätzte Heritabilitäten (h^2) \pm Standardfehler (SE) der Merkmale Nutzungsdauer (ND), Rumpftiefe (RT), Brustbreite (BB), Fundament (FU) und Euter (EU) der Rasse Braunvieh

Merkmal	$h^2 \pm SE$	h^2 Routine
ND	0,050 \pm 0,0071	0,12
RT	0,279 \pm 0,0129	0,26
BB	0,174 \pm 0,0111	0,23
FU	0,154 \pm 0,0108	0,14
EU	0,246 \pm 0,0125	0,34

Tabelle 6.19 Heritabilitäten auf der Diagonalen, genetische Korrelationen über der Diagonalen und residuale Korrelationen unter der Diagonalen der Merkmale funktionale Nutzungsdauer (ND), Rumpftiefe (RT), Brustbreite (BB), Fundament (FU) und Euter (EU) der Rasse Braunvieh.

	ND	RT	BB	FU	EU
ND	0,063\pm0,0075	-0,180 \pm 0,0583	-0,247 \pm 0,0611	0,337 \pm 0,0629	0,360 \pm 0,0540
RT	0,017 \pm 0,008	0,277\pm0,0129	0,410 \pm 0,0356	0,251 \pm 0,0422	0,057 \pm 0,0373*
BB	0,005 \pm 0,007	0,316 \pm 0,008	0,176\pm0,0111	0,120 \pm 0,0491	0,003 \pm 0,0429*
FU	0,053 \pm 0,007	0,174 \pm 0,009	0,199 \pm 0,008	0,145\pm0,0104	0,328 \pm 0,0044
EU	0,081 \pm 0,008	0,117 \pm 0,010	0,152 \pm 0,009	0,328 \pm 0,008	0,250\pm0,0124

Derzeit wird der kombinierte Nutzungsdauerindex mit Hilfe einer Indexmethode, unter Berücksichtigung der genetischen Korrelationen (Methode Calo et al. 1973) und der Sicherheiten, berechnet. Die genetischen Korrelationen zwischen ND und den Exterieurmerkmalen weichen von den in der Routine-Zuchtwertschätzung verwendeten Schätzwerten teilweise ab (ND zu RT: -0,38; BB: -0,19; FU: 0,34; EU: 0,36). Die geschätzten Heritabilitäten der Exterieurmerkmale (Tabelle 6.18) sind direkt mit den Heritabilitäten aus der Routine-Zuchtwertschätzung vergleichbar, da hier keine wiederholten Leistungen erhoben werden und somit die Residual-(Ko)Varianzen keine Durchschnittswerte sind. Die Interpretation der ND-Heritabilität muss vorsichtig erfolgen. Diese dürfte unterschätzt sein, da in die Schätzung zensierte und nicht zensierte Informationen der Tiere eingingen. Die residualen Korrelationen zwischen den Merkmalen sind nieder bis moderat, dennoch sollten diese in Zukunft bei der Schätzung einbezogen werden. Die derzeit verwendete Indexmethode für die Berechnung eines kombinierten Nutzungsdauerindex kann zukünftig durch den approximativen Zweischrittansatz ersetzt werden. Durch die simultane Schätzung aller Merkmale sowie die Einbeziehung der residualen Korrelationen kann die Schätzung der Zuchtwerte und Sicherheiten optimiert werden.

6.5.3.8 Empfehlung für eine vorläufige Korrelationsmatrix für den Gesamtzuchtwert

Anhand der geschätzten genetischen und residualen Korrelation wird für die Routine-Zuchtwertschätzung eine vorläufige Empfehlung für eine Korrelationsmatrix für die Berechnung des Gesamtzuchtwertes in Tabelle 6.20 gegeben.

Tabelle 6.20 Vorläufige Gesamtzuchtwert-Korrelationsmatrix bestehend aus den Merkmalen Fett kg (Fkg), Eiweiß kg (Ekg), Nettotageszunahme (NTZ), Ausschächtung (AUS), Handelsklasse (HKL), funktionale Nutzungsdauer (ND), Persistenz (PERS), Fruchtbarkeitswert (FRW), Kalbeverlauf paternal (KVLp), Kalbeverlauf maternal (KVLm), Aufzuchtverluste (AUF), Eutergesundheitswert (EGW) und durchschnittliches Minutengemelk (DMG). In der oberen Dreiecksmatrix befinden sich die genetischen Korrelationen; in der unteren Dreiecksmatrix die residualen Korrelationen

	Fkg	Ekg	NTZ	AUS	HKL	ND	PERS	FRW	KVLp	KVLm	AUF	EGW	DMG
Fkg		0,75	0,00	-0,15	-0,20	-0,25	-0,15	-0,40	0,00	0,10	0,10	-0,25	0,35
Ekg	0,85		0,10	-0,15	-0,15	-0,25	-0,15	-0,40	0,00	0,10	0,10	-0,25	0,35
NTZ	0,00	0,00		0,50	0,45	-0,10	-0,10	-0,10	-0,20	0,00	0,00	0,00	0,00
AUS	0,00	0,00	0,30		0,55	0,15	-0,10	-0,05	-0,15	-0,05	0,00	0,00	-0,10
HKL	0,00	0,00	0,55	0,15		0,00	-0,10	-0,10	-0,15	-0,10	-0,10	-0,10	-0,10
ND	0,05	0,05	0,00	0,00	0,00		0,50	0,50	0,00	0,15	0,20	0,50	0,00
PERS	0,30	0,35	0,00	0,00	0,00	0,40		0,20	0,00	0,00	0,00	0,30	-0,10
FRW	0,10	0,15	0,00	0,00	0,00	0,30	0,35		0,00	0,40	0,10	0,10	-0,10
KVLp	0,00	0,00	0,15	0,45	0,10	0,00	0,00	0,00		-0,25	0,45	0,00	0,00
KVLm	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00		0,10	0,00	0,00
AUF	-0,20	-0,15	0,05	0,00	0,05	0,00	0,00	-0,15	0,00	0,00		0,10	0,00
EGW	0,30	0,35	0,00	0,00	0,00	0,40	0,45	0,25	0,00	0,00	-0,05		-0,20
DMG	0,15	0,15	0,00	0,00	0,00	0,05	0,05	0,05	0,00	0,00	0,00	0,05	

6.5.4 Meilenstein 4: Schätzung der genetischen Korrelationen zwischen allen Merkmalen in der Zuchtwertschätzung mit Berücksichtigung möglicher nicht-linearer Zusammenhänge

Der approximative Zweischrittansatz ermöglicht die Parameterschätzung von Merkmalen aus diversen statistischen Modellen. Die Vorgangsweise dieser Methoden kann auch zur Schätzung von Genotyp x Umwelt-Interaktionen sowie nicht-linearen Zusammenhängen genutzt werden. Dazu wurde eine Vorstudie durchgeführt und publiziert:

- Fuerst-Waltl B., Schwarzenbacher H. and Fuerst C. (2013). Genetic relationship under different management systems and their consequences for dairy cattle breeding. *Agriculturae Conspectus Scientificus* 78:183-186.

Eine weitere Publikation betreffend der Forschungsfrage Genotyp x Umwelt-Interaktion und nicht lineare Zusammenhänge in verschiedenen Produktionssystemen (konventionell intensiv, konventionell extensiv, biologisch) der Rasse Fleckvieh ist geplant. Dabei werden die Genotyp x Umwelt-Interaktionen von Milch-kg, Persistenz, Zellzahl, Nutzungsdauer, Mastitis, frühe Fruchtbarkeitsstörungen, Zysten, Non-Return-Rate 56 Kuh sowie Verzögerungszeit Kuh anhand genetischer Korrelationen quantifiziert. Die Leistungen (Merkmale) eines Tieres werden in verschiedenen Umwelten als genetisch unterschiedliche Merkmale betrachtet, unter der Annahme, dass diese genetisch korreliert sind. Genetische Korrelationen von 1,0 weisen auf das gleiche Merkmal hin. Liegt die genetische Korrelation unter 0,80, dann liegt laut Boelling et al. (2003) eine Genotyp x Umwelt-Interaktion vor. Diese Studie soll als wissenschaftlicher Beitrag zur aktuellen Diskussion betreffend ‚Ökologischer Gesamtzuchtwert‘ dienen.

Fortschritte in der Rinderzucht als auch in Managementmaßnahmen in der Rinderhaltung haben zu einem bemerkenswerten Anstieg der Produktionsleistung der österreichischen Milchrinder geführt. Parallel zu diesem Trend haben sich in den vergangenen Jahren verschiedene Low-Input-Systeme entwickelt. Für diese Produktionssysteme stehen keine eigenen Zuchtprogramme zur Verfügung. Mögliche Genotyp x Umwelt-Interaktionen sowie genetische Antagonismen, abhängig vom Produktionsniveau, können möglich sein. Diese Hypothesen wurden anhand von zwei Produktionsmerkmalen sowie sechs ausgewählten Fitnessmerkmalen überprüft. Dazu wurden zwei Datensätze, eingeteilt nach Herdendurchschnitt (≤ 6000 kg bzw. ≥ 9000 kg), erstellt. Es konnten keine gravierenden Genotyp x Umwelt-Interaktionen festgestellt werden. Evident hingegen waren die stärker ausgeprägten antagonistischen Zusammenhänge zwischen Produktions- und Fitnessmerkmalen im Datensatz mit der höheren durchschnittlichen Herdenleistung.

6.6 Publikationen

Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B., Schwarzenbacher H., Steininger F. and Fuerst C. (2015). A comparison of methods to calculate a total merit index using stochastic simulation. *Genetics Selection Evolution* 47:36.

Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B., Ducrocq V. and Fuerst C. (2014). Genetic parameters of functional longevity using a multivariate approach in Austrian Fleckvieh cattle. In *Proceedings of the 65th Annual Meeting of the European Association for Animal Production*: 25.08. – 29.08.2014, Copenhagen, Denmark.

Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B., Ducrocq V. and Fuerst C. (2014). Approximate multivariate genetic evaluation of functional longevity and type traits in Austrian Fleckvieh cattle. In *Proceedings of the 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*: 17.08 - 22.08. 2014, Vancouver, Canada.

Fuerst C., Pfeiffer C., Schwarzenbacher H., Steininger F. and Fuerst-Waltl B. (2014). Comparison of different methods to calculate a total merit index - results of a simulation study. In *Proceedings of the 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*: 17.08 - 22.08. 2014, Vancouver, Canada.

Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B., Schwarzenbacher H., Steininger F. and Fuerst C. (2014). A stochastic simulation study for the comparison of different methods to calculate a total merit index. *Acta Agraria Kaposváriensis* 18:40-46.

Fuerst-Waltl B., Schwarzenbacher H. and Fuerst C. (2013). Genetic relationship under different management systems and their consequences for dairy cattle breeding. *Agriculturae Conspectus Scientificus* 78:171-175.

Eingereicht und angenommen

Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B. and Fuerst C. (2015). Genetic associations between functional longevity and health traits in Austrian Fleckvieh cattle. *66th Annual Meeting of the European Association for Animal Production in Warsaw, Poland*.

Eingereicht

Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B. Ducrocq V. and Fuerst C. (2015). Genetic relationships between functional longevity and direct health traits in Austrian Fleckvieh cattle. *Eingereicht bei Journal of Dairy Science (Status: accepted minor revision)*.

Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B. and Fuerst C. (2015). Development of an approximate multitrait two-step approach for the joint genetic evaluation of Austria and Germany. *Eingereicht bei Agriculture am 27.04.2015*.

Publikation in Bearbeitung

Pfeiffer C., Fuerst C., Schwarzenbacher H. und Fuerst-Waltl B. (2015). Genotype by environment interaction in Austrian Fleckvieh cattle in organic and conventional production systems and their consequences for breeding objectives. Wird bei Livestock Science eingereicht.

Auszeichnungen

'Best Poster Award' der 'Genetic Commission' für das Poster 'Genetic parameters of functional longevity using a multivariate approach in Austrian Fleckvieh cattle'. 65. EAAP-Meeting in Kopenhagen, Dänemark.

7 Arbeitspaket 3: Optimierung Zuchtprogramme

7.1 Ziele und geplante Maßnahmen

1. Für die Rassen Fleckvieh und Braunvieh werden Zuchtprogramme mit optimierten Selektionsschritten durch die Nutzung der genomischen Selektion und der Gesundheitszuchtwerte hinsichtlich naturalem und monetärem Zuchtfortschritt bei zu erwartenden positiven genetischen Trends für Fitness- und Gesundheit ausgearbeitet. Verschiedene Maßnahmen im Zuchtprogramm (siehe Aufgaben) werden analysiert.
2. Für die Rasse Pinzgauer wird das Zuchtprogramm aufgrund der bestehenden Möglichkeiten optimiert (bezüglich genomischer Selektion abhängig vom derzeit laufenden Projekt „Genomische Selektion beim Rind über Rassen hinweg (2010-2012)). Das existierende Zuchtprogramm wird evaluiert und Verbesserungsvorschläge ausgearbeitet.
3. Für die Rasse Holstein wird das Zuchtprogramm hinsichtlich des bestehenden Gesamtzuchtwerts (VIT Verden) und der Möglichkeiten der genomischen Selektion optimiert. Für die Rasse Holstein wurden bislang in Österreich noch keine Zuchtplanungsrechnungen durchgeführt.
4. Verschiedene Szenarien bezüglich Zuchtziel (desired gain/ökonomischer Ansatz) werden evaluiert. Die neuen Zuchtprogramme bieten die Voraussetzung, dass der Zuchtfortschritt bei den Milchleistungsmerkmalen bei gleichzeitiger Verbesserung der Fitness und Gesundheit optimiert werden kann. Die Zuchtziele tragen den Züchterbedürfnissen Rechnung.
5. Aspekte der Produktionseffizienz werden (soweit Merkmale vorhanden sind) berücksichtigt.
6. Optimale Strategien für das Spermamanagement, die sowohl Zuchtfortschritt als auch Kosten und Gewinn berücksichtigen, werden erarbeitet.
7. Auswirkungen von verschiedenen Maßnahmen auf die durchschnittliche Inzuchtentwicklung werden untersucht.
8. Optimierte Zuchtprogramme Fleckvieh AUSTRIA, Braunvieh AUSTRIA, Holstein AUSTRIA und Pinzgauer AUSTRIA werden entwickelt.

7.2 Zusammenfassung

Im Rahmen dieses Arbeitspaketes wurden für die Rassen Fleckvieh, Braunvieh und Holstein genomische Zuchtprogramme entwickelt und bereits implementiert. Für die Rassen Pinzgauer und Grauvieh wurden die bestehenden Zuchtprogrammes evaluiert und es wurde untersucht, in wie weit die Möglichkeiten der genomischen Selektion auch für Pinzgauer und Grauvieh genutzt werden könnten. Zur optimalen Ausrichtung der genomischen Zuchtprogramme wurden für verschiedene Maßnahmen die Auswirkungen auf den Zuchtfortschritt wissenschaftlich analysiert und gemeinsam mit den Vertretern der Zuchtorganisationen genomische Zuchtprogramme ausgearbeitet. Durch die höheren

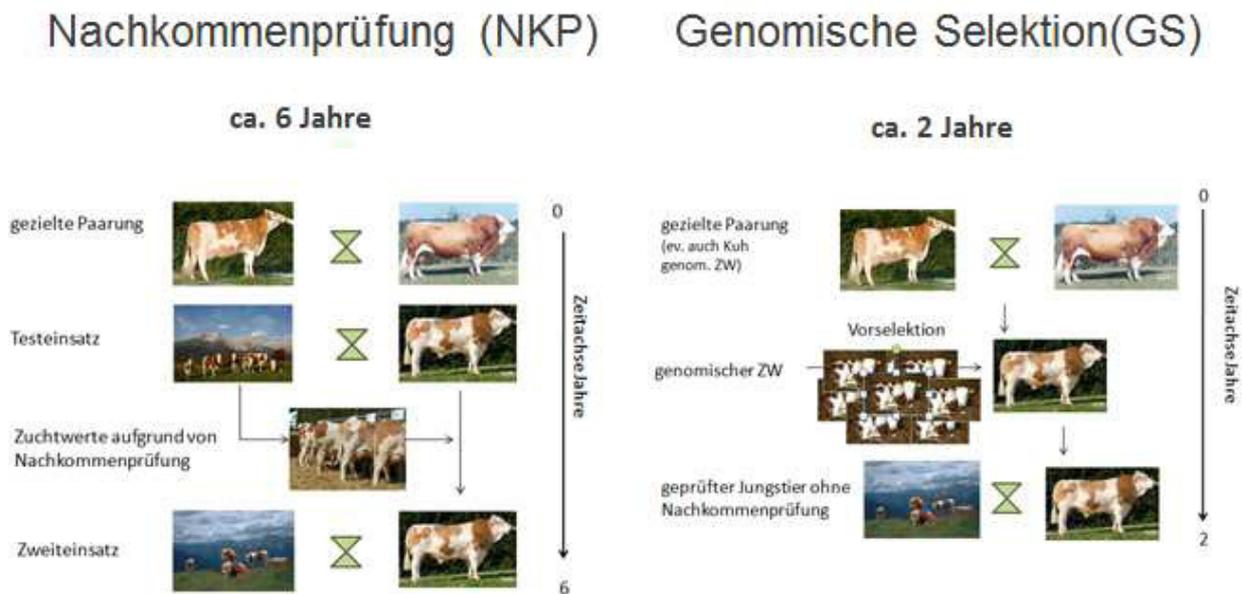
Sicherheiten von Jungtieren durch genomische Informationen werden diese vorab streng selektiert. Der Verkürzung des Generationsintervalls kommt eine besondere Bedeutung zu. Die Sicherheit des genomischen Zuchtwerts hat bezogen auf die Gesamtpopulation nur einen bescheidenen Einfluss auf den Zuchtfortschritt. Durch die höheren Sicherheiten bei Jungkühen rückt das weibliche Tier stärker in den Fokus. Damit gewinnt auch der Einsatz von Reproduktionstechnologien verstärkt an Bedeutung. Die Genominformationen werden genutzt, um Erbfehler zu erkennen. Strategien zum Umgang mit Erbfehlern im Zuchtprogramm wurden erarbeitet. Die im Rahmen des Projektes ausgearbeiteten neuen genomischen Zuchtprogramme lassen eine Steigerung des monetären Zuchtfortschrittes pro Jahr (bis zu ca. 40%) mit leichter Stärkung der Fitness erwarten. Wie viel Zuchtfortschritt dann tatsächlich realisiert werden kann, hängt von der konsequenten Umsetzung des Zuchtprogrammes und Faktoren, ob zB. gegen Erbfehlerträger stärker selektiert wird, ab. Da es nach aktuellem Wissenstand bei Pinzgauer und Grauvieh in Österreich nicht zu erwarten ist, dass in absehbarer Zeit höhere Sicherheiten bei genomischen Zuchtwerten erzielt werden können, ist der Fokus auf die Optimierung der Zuchtprogramme ohne der Berücksichtigung von höherer Sicherheiten durch genomische Selektion zu legen.

In den nächsten Jahren wird es weitere praktische Erfahrungen mit der genomischen Selektion geben. Basierend auf diesen neuen Erkenntnissen werden die Zuchtprogramme auch in Zukunft weiter optimiert werden, um die österreichischen Rinderrassen zum Wohle der Züchter nachhaltig weiterzuentwickeln.

7.3 Einleitung

Durch die Möglichkeiten der genomischen Selektion werden die Zuchtprogramme weltweit umstrukturiert, weil von Jungtieren ohne Eigenleistung oder Nachkommenprüfung bereits Zuchtwerte mit Sicherheiten von 60-70% vorliegen. Nachkommenzuchtprogramme (NKP) werden deshalb in genomische Zuchtprogramme (GS) umstrukturiert (u.a. Pryce und Daetwyler, 2011).

Abbildung 7.1: Darstellung der Veränderung bei den Zuchtprogrammen durch genomische Selektion



Ziel und Aufgabe der Optimierung der Zuchtprogramme im Rahmen des Forschungsprojektes OptiGene ist es, die Zuchtprogramme bei Nutzung der neuen Möglichkeiten der genomischen Selektion und neuer Phänotypen für Gesundheitsmerkmale neu auszurichten und zu optimieren. Fragestellungen wie die optimale Konzeption der verschiedenen Selektionsgruppen, Strategien zur Genotypisierung von Kühen, Strategien zur Berücksichtigung von neuen Merkmalen-, zum Erbfehlermanagement, zur Nutzung von Reproduktionstechnologien und Fragestellungen zu einem genomischen Zuchtprogramm bei kleinen Rassen wurden analysiert. In Zusammenarbeit mit den Verantwortlichen der Rassenarbeitsgemeinschaften wurden die Annahmen und Fragestellungen ausgearbeitet und basierend auf Modellrechnungen zur Optimierung der Zuchtprogramme neue genomische Zuchtprogramme ausgearbeitet.

7.4 Material und Methode

Nach Erhebung der Interessen und Anforderungen aus der Praxis an ein neues genomisches Zuchtprogramm für die Rassen Fleckvieh, Braunvieh, Holstein, Pinzgauer und Grauvieh wurden die verschiedenen Populationsparameter berechnet und erhoben. Diese Daten stammen teilweise aus den ZuchtData-Jahresberichten. Es wurden jedoch auch zusätzliche Berechnungen durchgeführt (zB Alter bei Geburt der ersten Nachkommen, Nutzungsdauer der verschiedenen Selektionsgruppen, Anteil Jungstierbesamungen, etc.). Von Schwarzenbacher wurden Berechnungen zum Sicherheitszuwachs durch genomische Selektion durchgeführt.

7.4.1 Zuchtplanungsmethode

Die Analysen wurden mit dem Computerprogramm ZPLAN (Willam et al., 2008) durchgeführt. ZPLAN optimiert Selektionsstrategien in der Tierzucht bei Verwendung eines

deterministischen Ansatzes aufbauend auf der Genflussmethode und einem Selektionsindex. Die genetische und ökonomische Effizienz von Zuchtprogrammen kann evaluiert werden. Selektionsgruppen mit unterschiedlichen Selektionsintensitäten und individuellen Informationsquellen können im Index definiert werden. Zusätzlich müssen für alle Selektionsgruppen verschiedene biologische Kennzahlen, Populations- und Kostenparameter definiert werden. Die Kriterien für die Evaluierung der verschiedenen Strategien sind monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr (monZF/J), Züchtungsertrag (ZE), Züchtungskosten (ZK) und Züchtungsgewinn (ZG) pro Kuh, die folgendermaßen definiert sind:

Zuchtfortschritt (ZF): Der Zuchtfortschritt ist die durchschnittliche monetäre bzw. naturale Überlegenheit der Nachkommen der selektierten Tiere einer Selektionsrunde gegenüber der Elterngeneration in der Zuchtstufe (pro Generation oder pro Zeiteinheit).

Züchtungsertrag (ZE): Der Züchtungsertrag ist der durchschnittliche diskontierte Ertrag pro Kuh, der aufgrund der genetischen Überlegenheit der selektierten Tiere in deren Nachkommen in der gesamten Population für den Zeitraum der Investitionsdauer erwartet werden kann.

Züchtungskosten (ZK): Die Züchtungskosten sind die züchtungsbedingten, diskontierten fixen und variablen Kosten einer Selektionsrunde umgelegt auf eine Kuh (gesamte Population).

Züchtungsgewinn (ZG): Der Züchtungsgewinn ist die Differenz zwischen dem Züchtungsertrag und den Züchtungskosten.

Für spezielle Fragestellungen, wie die Optimierung der Zuchtprogramme mit genomischer Selektion bei kleinen Rassen und Fragen der Reproduktionstechnologien wurde in Zusammenarbeit mit der Universität Aarhus mit dem Simulationsprogramm ADAM (Pedersen et al. 2009) gearbeitet.

7.4.2 Populationsparameter, biologische Parameter und Kosten

Die Auswirkungen verschiedener Strategien - auf monetären Zuchtfortschritt pro Jahr, Züchtungskosten und Züchtungsgewinn eines Zuchtprogrammes wurden am Beispiel Fleckvieh AUSTRIA 2012 analysiert (Abb. 7.1). Kernpunkte im genomischen Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA 2012 sind die Verkürzung des Generationsintervalls durch den Einsatz junger Stiere bei den Herdebuchkühen (HK) und den interessantesten Kühen (d.h. Kandidatenmütter (KM)) und die starke Vorselektion der Jungtiere (JB) aus den Kandidaten. Bei der Analyse von speziellen Fragestellungen wurde vom neuen genomischen Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA 2012 ausgegangen. Die Vorselektion der Jungtiere aus den Kandidaten erfolgt im Verhältnis 1:20. Im genomischen Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA 2012 werden 50% der Besamungen der Herdebuchkühe und 75% der Besamungen der Kandidatenmütter mit Jungtieren angestrebt. Die verschiedenen Annahmen für die Populationsparameter, biologischen Parameter und Kosten sind im Artikel von Egger-Danner et al. 2012b (Anlage 15.2) angeführt.

7.5 Ergebnisse und Diskussion

Die Ergebnisse und Diskussion sind zu den einzelnen Fragestellungen separat angeführt und dargestellt. Bei Vorliegen von Publikationen wurde in Bedacht auf die Übersichtlichkeit und Kürze des Forschungsberichtes im Hauptdokument des Berichtes nur die Zusammenfassung dargestellt und die Publikation in der Anlage berücksichtigt.

7.6 Meilensteine – spezifische Fragestellungen

7.6.1 Analyse von spezifischen Einflussfaktoren auf den Zuchtfortschritt

Die verschiedenen möglichen Einflussfaktoren auf den Zuchtfortschritt wurden detailliert am Beispiel der Rasse Fleckvieh analysiert. Das Steuerfile des Computerprogramms ZPLAN (Willam et al. 2008) wurde neu aufgesetzt, sodass die neuen Möglichkeiten und Rahmenbedingungen durch die genomische Selektion berücksichtigt werden können.

Der Zuchtfortschritt pro Jahr wird durch die Remontierung (Selektionsintensität (i)), die Streuung des Merkmals (s_a), die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung (r_{AgA}) und das Generationsintervall (T) bestimmt. Der Zuchtfortschritt wird wiederum für die verschiedenen Selektionsgruppen berechnet (siehe Abbildung 7.2).

Abbildung 7.2: Mathematische Formulierung des Zuchtfortschrittes (ZF) pro Zeiteinheit (T)

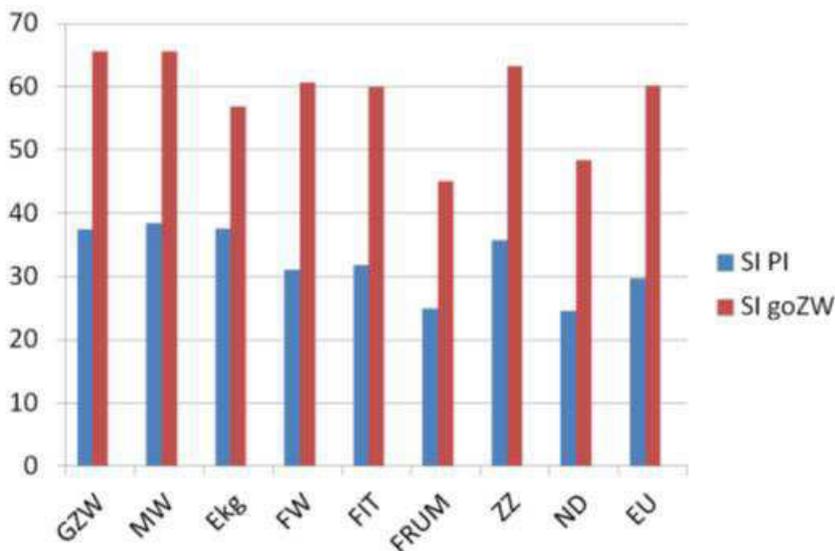
- $ZF/T = \frac{s_a \cdot i \cdot r(AgA)}{T}$
- In züchterischer Praxis:
 i , r_{AgA} und T sind für die Tiergruppen einer Zuchtpopulation (auch Selektionsgruppen oder Pfade genannt) verschieden
- Klassischen Pfade (4-Pfade-Modell):
Stierväter (**SV**), Kuhväter (**KV**),
Stiermütter (**SM**), Kuhmütter (**KM**)
- $dZF/T = \frac{ZF(SV) + ZF(KV) + ZF(SM) + ZF(KM)}{T(SV) + T(KV) + T(SM) + T(KM)}$

Durch die genomische Zuchtwertschätzung eröffnen sich neue Möglichkeiten im Zuchtprogramm. Für Zuchtplanungsrechnungen wurden die verschiedenen aktuellen Populationsparameter (Erstkalbealter, Zwischenkalbezeit, Nutzungsdauer, Besamungsanteil, etc.) und Kosten der Zuchtmaßnahmen bei Fleckvieh, Braunvieh, Holstein, Pinzgauer und Grauvieh in Österreich erhoben. Diese Parameter wurden genutzt, um verschiedene Fragestellungen und Maßnahmen im Zuchtprogramm zu untersuchen. Im Folgenden werden die wichtigsten Ergebnisse der Analyse der Effektivität von einzelnen Maßnahmen am Beispiel Fleckvieh AUSTRIA vorgestellt.

7.6.1.1 Höhere Sicherheit der geschätzten Zuchtwerte

Durch die genomische Zuchtwertschätzung liegen bereits von Jungstieren Zuchtwerte mit Sicherheiten für den genomisch optimierten Gesamtzuchtwert (goGZW) von ca. 65% vor. Im Vergleich zum vorgeschätzten Zuchtwert aus den Elternzuchtwerten (Pedigree-Index) wird hier ein Anstieg der Sicherheit um 20-30 Prozentpunkte je nach Merkmal erzielt (Abbildung 7.3). Ist der Vater von diesem Jungstier wiederum ein Jungstier, so liegen die Sicherheiten ca. 10 Prozentpunkte niedriger (55%).

Abbildung 7.3: Sicherheit des Pedigree-Indexes (PI) und des genomisch optimierten Zuchtwertes (goZW) für verschiedene Merkmale bei Fleckvieh (Schwarzenbacher, 4/2012)



In Tabelle 7.1 sind die Auswirkungen von höheren Sicherheiten der genomisch optimierten Zuchtwerte auf den monetären Zuchtfortschritt pro Jahr bei unterschiedlichen Anteilen Jungstierbesamungen im Zuchtprogramm dargestellt. Bei GS50 werden 50% aller Besamungen mit Jungstieren mit genomisch optimierten Zuchtwerten durchgeführt, bei GS100 werden nur mehr Jungstiere eingesetzt.

Tabelle 7.1: Monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr in Abhängigkeit von der Sicherheit der genomisch optimierten Zuchtwerte für drei Varianten eines genomischen Zuchtprogrammes (GS50, GS75, GS100)

	GS50	GS75	GS100
GZW-Si-49%	97,0 (-3,0)	101,8 (-4,3)	107,5 (-6,1)
GZW-Si-58%	100,0	106,1	113,6
GZW-Si-69%	103,0 (+3,0)	110,6 (+4,5)	120,0 (+6,4)
GZW-Si-80%	105,5 (+5,5)	114,3 (+8,2)	125,5 (+11,9)
Generationsintervall (Jahre)	4,69	4,13	3,57

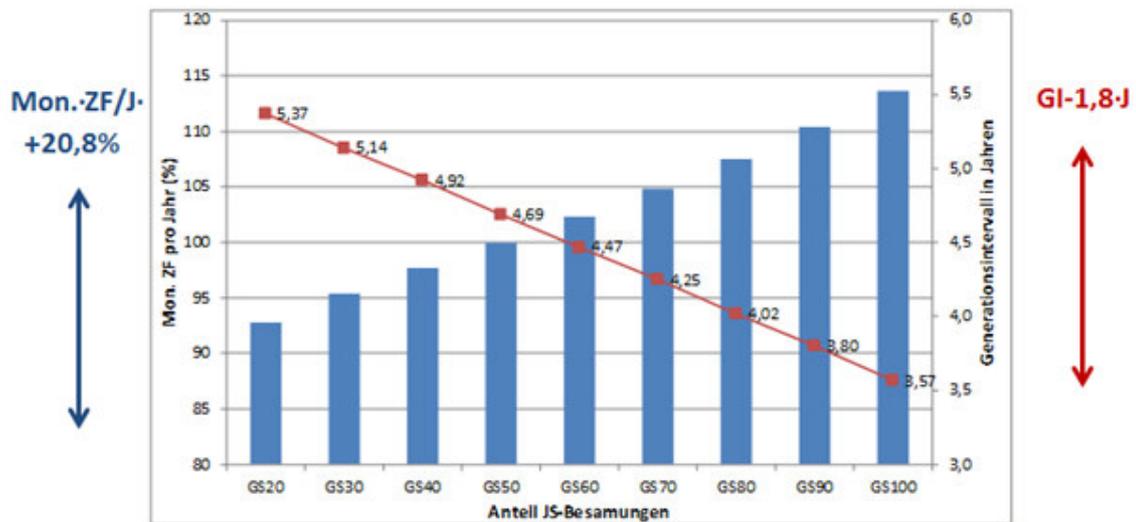
Wie Tabelle 7.1 zeigt, erhöht sich der monetäre Zuchtfortschritt pro Jahr bei einer Steigerung der Sicherheit der goGZW von 49% auf 58% um 3%, wenn 50% aller Kühe mit Jungstieren mit genomisch optimierten Zuchtwerten besamt werden. Je höher der Anteil der Jungstierbesamungen ist, desto positiver wirkt sich eine höhere Sicherheit aus. Bei GS100, einem rein genomischen Zuchtprogramm, bringt eine Steigerung der Sicherheit von ca. 10 Prozentpunkten einen jeweils um ca. 6% höheren Zuchtfortschritt pro Jahr. Die Sicherheit der genomisch optimierten Zuchtwerte spielt allerdings auf Ebene der Gesamtpopulation eine geringere Rolle als z.B. die Effekte der Reduktion des Generationsintervalls (Abbildung 7.4).

Für den Einzelbetrieb spielt die Sicherheit der genomisch optimierten Zuchtwerte eine deutlich wichtigere Rolle. Die Sicherheit des genomisch optimierten Zuchtwertes beschreibt das Risiko, das mit dem Einsatz dieses Stieres verbunden ist. Je niedriger die Sicherheit desto mehr Abweichungen der Leistungen der Töchter nach oben oder nach unten sind zu erwarten. Der Einsatz von Jungstieren bietet die Chance, mit „Topgenetik“, die Stieren mit Nachkommenleistungen oftmals überlegen ist, zu züchten. Es ist aber auch ein Risiko mit dem Einsatz von Jungstieren mit einer Sicherheit von 65% verbunden. Wenn verschiedene Stiere eingesetzt werden, so kann das Risiko begrenzt werden. In Summe wird sich der breite Einsatz von Jungstieren mit genomisch optimierten Zuchtwerten auch für den Einzelbetrieb lohnen. Genauere Informationen zu einzelbetrieblichen Strategien finden Sie in der AGÖF-Zeitung (4/12) im Artikel von Dr. Schwarzenbacher.

7.6.1.2 Verkürzung des Generationsintervalls

Die Verkürzung des Generationsintervalls ist die wirkungsvollste Maßnahme in einem genomischen Zuchtprogramm (Abbildung 7.4). Bei GS20 werden 20% der Besamungen mit Jungstieren durchgeführt, bei GS50 50% und bei GS100 werden nur mehr Jungstiere eingesetzt. Dieser Prozentanteil bezieht sich auf die Herdebuchkühe als auch auf die Stiermütter. Durch die Steigerung des Anteils Jungstierbesamungen von 20 auf 100% kann bei Fleckvieh AUSTRIA 2012 der monetäre Zuchtfortschritt pro Jahr um 20,8% gesteigert werden. Das Generationsintervall wird durch diese Maßnahme insgesamt um 1,8 Jahre reduziert.

Abbildung 7.4: Monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr und durchschnittliches Generationsintervall nach Anteil Jungstier-Besamungen



7.6.1.3 Strenge Vorselektion der Jungtiere

Durch die genomische Selektion können die zukünftigen Vererber bereits als Kalb selektiert werden. Wurden früher Testtiere aufgrund des durchschnittlichen Elternzuchtwertes (Pedigree-Index) und Informationen aus der Eigenleistungsprüfstation selektiert, so werden jetzt genetisch interessante Kälber genotypisiert und aufgrund des genomisch optimierten Zuchtwertes für den Besamungseinsatz ausgewählt. Diese Möglichkeit der Vorselektion bietet die Chance den Zuchtfortschritt pro Jahr zu steigern. Tabelle 7.2 zeigt die Auswirkungen auf den monetären Zuchtfortschritt pro Jahr in der Zuchtstufe in Euro für drei verschiedene Varianten eines genomischen Zuchtprogrammes (GS50, GS75 und GS100).

Tabelle 7.2: Monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr in Abhängigkeit von der Remontierung der Jungtiere aus Kandidaten (Rem JS) für drei Varianten eines genomischen Zuchtprogrammes (GS50, GS75, GS100)

	GS50	GS75	GS100
Rem JS (1:2,5)	89,7 (-10,3)	94,0 (-12,1)	99,3 (-14,3)
Rem JS (1:5)	95,5 (-4,5)	100,1 (-6,0)	107,5 (-6,1)
Rem JS (1:10)	100,0	106,1	113,6
Rem JS (1:15)	102,0 (+2,0)	108,4 (+2,3)	116,2 (+2,6)
Rem JS (1:20)	103,2 (+3,2)	109,8 (+3,7)	117,9 (+4,3)
GI (Jahre)	4,69	4,13	3,57

Die Vorselektion bzw. Remontierung der Jungstiere aus Kandidaten ist definiert als die Anzahl genotypisierter Kälber (=Kandidaten) pro selektiertem Jungstier (Rem JS). Die Ergebnisse zeigen, dass mit stärkerer Vorselektion der monetäre Zuchtfortschritt pro Jahr deutlich gesteigert werden kann. Im Nachkommenprüfsystem (NKP) des Zuchtprogrammes Fleckvieh AUSTRIA 2000 wurde unterstellt, dass von 2,5 Stieren in der Eigenleistungsprüfung oder Aufzucht 1 Teststier selektiert (1:2,5) wird. Durch die Möglichkeit der genomisch optimierten Zuchtwerte kann hier viel strenger selektiert werden. Wurden 2011 aus ca. 10 Kandidaten jeweils 1 Jungstier (1:10) für die Besamung selektiert, so ist es im neuen Zuchtprogramm das Ziel, hier noch strenger vorzugehen und aus 20 Kandidaten mit genomisch optimierten Zuchtwerten einen Jungstier zu selektieren (1:20). Im Vergleich zu NKP-Zuchtprogrammen erhöht sich der monetäre Zuchtfortschritt pro Jahr bei GS50 (50% Besamungen mit Jungstieren) um ca. 10% bei einer Remontierung von 1:10. Eine Steigerung der Remontierung von 1:10 auf 1:20 lässt weitere 3% mehr Zuchtfortschritt erwarten. Je höher der Anteil Jungstierbesamungen im Zuchtprogramm ist, desto stärker wirkt diese Maßnahme. Eine strengere Remontierung führt zudem zu einer leichten Stärkung der Fitness. Bei einer strengeren Vorselektion entstehen höhere Kosten bei den Stiermüttern, den Kandidaten und der Genotypisierung. Bezogen auf die Gesamtpopulation sind diese Kosten jedoch nicht entscheidend.

Es wurden auch Berechnungen zur Anzahl der Jungstiere durchgeführt. Dabei wurde bei einem Anteil von 50% Jungstierbesamungen bei den Herdebuchkühen als auch bei den Stiermüttern die Anzahl der Jungstiere und der Jungstier-Stierväter variiert. Je weniger Jungstier-Stierväter selektiert werden, desto höher ist der monetäre Zuchtfortschritt. Aspekte wie Linienverengung oder Inzucht sind dabei nicht berücksichtigt.

7.6.2 Zuchtprogramme mit Berücksichtigung von Fitness und Gesundheit

Im vorliegenden Kapitel wird dargestellt, welche Auswirkungen durch die Nutzung der neuen Möglichkeiten der genomischen Selektion speziell auf die Tiergesundheit zu erwarten sind. Aufbauend auf Ergebnissen aus den vorausgegangenen Projekten „Gesundheitsmonitoring Rind“ und „Entwicklung einer genomischen Zuchtwertschätzung bei Fleckvieh“ wurden anhand von Modellrechnungen die Auswirkungen von Zuchtstrategien mit unterschiedlichen Anteilen Jungstierbesamungen und ein Nachkommen-Zuchtprogramm (konventionelles Zuchtprogramm) auf Fitness und Gesundheit analysiert. Neben unterschiedlichen Anteilen Jungstierbesamungen wurden auch verschiedene Gewichtungen der Fitnessmerkmale und die Berücksichtigung direkter Gesundheitsmerkmale analysiert. Es ist zu erkennen, dass die Hereinnahme von direkten Gesundheitsmerkmalen in den Gesamtzuchtwert im Bereich Fruchtbarkeit und Eutergesundheit eine positive Entwicklung erzielen kann. Genomische Zuchtprogramme können die Geschwindigkeit des Zuchtfortschrittes erhöhen, die Richtung (Zuchtziel) muss jedoch durch die Gewichtung im Gesamtzuchtwert festgelegt werden. In den Arbeitspaketen 1 und 2 wurde bezogen auf die Indexmethode der zu erwartende Zuchtfortschritt in den Einzelmerkmalen bei unterschiedlicher Gewichtung im Gesamtzuchtwert analysiert. Im Vergleich zu den im Rahmen der Zuchtplanung durchgeführten Gewichtungen werden dabei keine Selektionsgruppen im Zuchtprogramm

berücksichtigt, aber dafür die tatsächlich realisierten Sicherheiten bei den einzelnen Merkmalen und selektierten Tieren.

Entscheidend ist, dass Kühe bei großen jährlichen Zuchtfortschritten in der Milchleistung, auch in Zukunft trotz des negativ genetischen Zusammenhanges von Milch und Fitness/Gesundheit problemlos Milch erzeugen können. Eine Steigerung der Milchleistung bei Erhalt bzw. Stärkung der Fitness und Gesundheit ist das Ziel.

Die Untersuchungen zu Auswirkungen auf Fitness und Gesundheit zeigen, dass die genomische Selektion generell eine leichte Stärkung der Fitness erwarten lässt, wenn weiterhin von allen Kühe Daten aus der Leistungsprüfung vorliegen. Durch die geringere Stieranzahl ist mit einer höheren Anzahl Nachkommen pro Jungstier und daher mit zuverlässigeren Zuchtwerten für Fitness- und Gesundheitsmerkmale zu rechnen.

Die Auswertungen zeigen jedoch, dass, auch wenn der Fitnessblock generell anteilig mehr Zuchtfortschritt pro Jahr erwarten lässt, beim aktuellen Gesamtzuchtwert ohne Berücksichtigung der direkten Gesundheitsmerkmale wie Mastitis, frühe Fruchtbarkeitsstörungen oder Zysten die zu erwartenden Zuchtfortschritte für die Einzelmerkmale maternaler Fruchtbarkeits-Index und Zellzahl leicht negativ sind. Wenn diese Merkmale auch im Gesamtzuchtwert berücksichtigt werden, so ist auch für die maternale Fruchtbarkeit und die Eutergesundheit eine positive Entwicklung zu erzielen. Voraussetzung dazu ist jedoch, dass in der Breite diese Phänotypen auch erhoben werden. Untersuchungen zeigen, dass die genomische Selektion das Potential hat, den Zuchtfortschritt pro Jahr deutlich zu steigern, die Richtung jedoch muss im Gesamtzuchtwert vorgegeben werden. Die Voraussetzung für Zucht auf Fitness und Gesundheit sind zuverlässige Daten aus der Leistungsprüfung für diese Merkmale.

Detaillierte Informationen:

Egger-Danner C., Willam A., Fuerst C., Schwarzenbacher H. and Fuerst-Waltl, C. (2012). Hot topic: Effect of breeding strategies using genomic information on fitness and health. *J. Dairy Sci.* 95:4600-4609.

Egger-Danner C. und Willam A. (2012). Zuchtprogramme und genomische Selektion: Fokus Tiergesundheit. Tierzucht Dreiländerseminar Deutschland-Schweiz-Österreich, 2012. 23.-24.5.2012.

Egger C., Fuerst C. und Schwarzenbacher H. (2012): Die robuste Fleckviehkuh – Zucht auf Fitness und Gesundheit. 19. Weltfleckviehkongress, Landshut, DEU. 22.9.2012

Egger-Danner C. (2013). Zucht auf Fitness und Robustheit. Tierzuchtsymposium 2013: Tiere züchten - High Tech und Verantwortung. Grub, München (DEU). 6.12.2013.

Ähnliche Fragestellungen wurden bei Braunvieh von Steininger et al. 2014 analysiert. Die Ergebnisse sind in der Anlage dargestellt.

Steininger F., Willam A., Fuerst C., Schwarzenbacher H. and Egger-Danner C. (2014). Genomic breeding program in Austrian Brown Swiss – possibilities to improve fitness and health. Europakongress der Braunviehzüchter, 28.3.2014.

7.6.3 Genotypisierungsstrategien

Durch die Möglichkeiten der genomischen Selektion mit dem Erreichen von Sicherheit für genomische Zuchtwerte von 65-70% ohne Vorliegen von Eigen- oder Nachkommenleistungen gewinnt die weibliche Seite im Zuchtprogramm stärker an Bedeutung. Durch die Genotypisierung könnte auch auf der weiblichen Seite eine strengere Vorselektion vergleichbar mit der männlichen Seite durchgeführt werden. Die Genotypisierung von Stiermüttern gewinnt deshalb an Interesse. Sollen Kühe für die Referenzstichprobe verwendet werden, ist es suboptimal wenn nur die genetisch überlegenen Kühe genotypisiert werden (Jimenez-Montero et al. 2012), weil dann mit einer Verzerrung zu rechnen wäre. Es ist wichtig, dass Zufallsstichproben die gesamte Variation und zudem gute Phänotypen für die Schätzung liefern. Huang et al. (2012) analysierten den maximalen Zuchtfortschritt bei minimalen Kosten. Sie schlagen vor, dass Stierväter mit HD-Chips genotypisiert werden, Stiermütter mit einem Low Density (z.B. 3000 SNP) und die Selektionskandidaten nur mit sehr niedrigen SNP-Dichten genotypisiert (384 SNP) und danach imputiert werden.

7.6.3.1 Genotypisierung von Stiermüttern

Basierend auf den Annahmen im Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA wurden Berechnungen zur Genotypisierung von Stiermüttern durchgeführt. Wenn Kalbinnen-Stiermütter genotypisiert werden, kann dadurch die Sicherheit deutlich gesteigert werden (ohne Genotypisierung ca. 35% Si, mit Genotypisierung ca. 61% Si). Tabelle 7.3 zeigt, dass der Nutzen der alleinigen Genotypisierung der Stiermütter sehr gering ist. Je nach Anteil Jungstierbesamungen ist mit einer Erhöhung von 1,8 bis 2,4% monetärer Zuchtfortschritt zu rechnen. Wenn die Genotypisierung mit einer Verkürzung des Generationsintervalles verbunden ist, weil mehr Kalbinnen bereits gezielt angepaart werden, steigt der zu erzielende höhere relative Zuchtfortschritt auf 4,5 bzw. 6,5%. Die Genotypisierung von Stiermüttern bringt eine leichte Stärkung der Fitness- und Fleischleistungsmerkmale. Zu beachten sind bei dieser Maßnahme jedoch die Genotypisierungskosten.

Tabelle 7.3: Auswirkungen der Genotypisierung von Stiermüttern auf den monetären Zuchtfortschritt pro Jahr

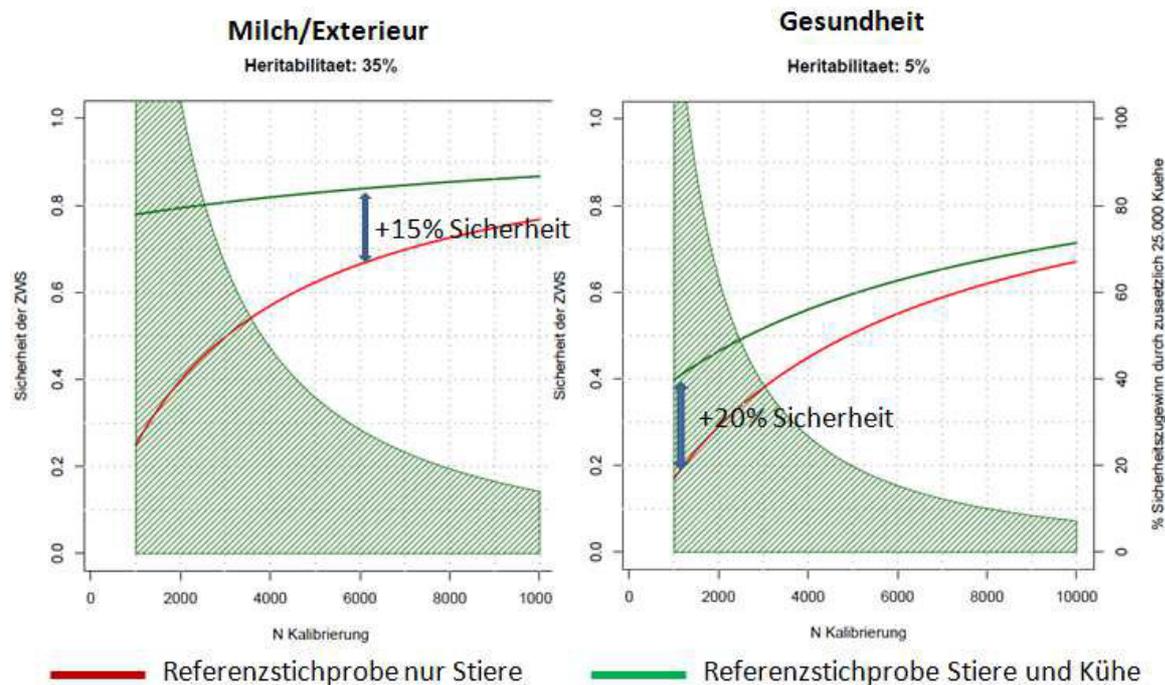
	GS50	GS75	GS100
Ø GI Jahre	4,69	4,13	3,57
Basis	100,0	106,1	113,6
Basis+SM	101,8 (+1,8)	108,2 (+2,1)	116,0 (+2,4)
Basis+SM-GI	104,5 (+4,5)	111,5 (+5,4)	120,1 (+6,5)
reduz. Ø GI Jahre	4,57	4,01	3,45

7.6.3.2 Genotypisierung von Kühen für neue Merkmale am Beispiel Fleckvieh AUSTRIA

Die Fragestellung der Genotypisierung von Kühen zur Beschleunigung der Verfügbarkeit von genomischen Zuchtwerten für neue Merkmale wurde in Bezug auf den monetären Zuchtfortschritt als auch den Züchtungsgewinn untersucht. Die Untersuchung wurde im Jahr 2013 am Europäischen Tierzuchtkongress in Bratislava präsentiert und im Journal of Dairy Science publiziert.

Bei der Fragestellung wurde für das Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA analysiert, welche Auswirkungen auf den monetären Zuchtfortschritt und den Züchtungsgewinn zu erwarten sind, wenn für 5.000, 25.000 oder 50.000 Kühe mit zuverlässigen Phänotypen für alle Merkmale im Gesamtzuchtwert und die direkten Gesundheitsmerkmale (d.h. frühe Fruchtbarkeitsstörungen, Zysten und Mastitis) genotypisiert und diese für die Schätzung der genomischen Zuchtwerte herangezogen werden. Mit Modellrechnungen wurde der mögliche Sicherheitszuwachs unter Berücksichtigung der bisher vorhandenen Stiere in der Referenzstichprobe für die jeweiligen Merkmale analysiert. Exemplarisch wurde jeweils ein Merkmal mit hoher (z.B. Milchmerkmal) und ein Merkmal mit niedriger Erblichkeit (Gesundheitsmerkmal) herangezogen. Die Kosten für die genomischen Zuchtwerte wurden zwischen 150 und 20 Euro pro Tier variiert. Bei Genotypisierung von 5.000 Kühen wurde ein Sicherheitszuwachs von 5%, bei 25.000 Kühen von 15% und bei 50.000 Kühen von 25% unterstellt. Die Ergebnisse zeigen, dass von der Genotypisierung der Kühe in erster Linie die Merkmale mit hoher Erblichkeit profitieren würden (siehe Abbildung 7.5). Wenn für neue Merkmale mit niedrigen Erblichkeiten zuverlässige genomische Zuchtwerte geschätzt werden sollen, sind sehr viele Kühe zu genotypisieren. Aus wirtschaftlicher Sicht rechnet sich das nur bei sehr niedrigen Kosten für Genotypisierung und genomische Zuchtwertschätzung. Die Studie zeigt jedoch, dass die Genotypisierung von Kühen geeignet wäre, bei neuen Merkmalen wie den Gesundheitsmerkmalen zu erreichen, dass genomische Zuchtwerte mit höheren Sicherheiten zur Verfügung stehen.

Abbildung 7.5: Sicherheitsgewinn bei genomischen Zuchtwerten in Abhängigkeit von der Erblichkeit des Merkmals und der Anzahl der Referenzpopulation von Stieren durch Genotypisierung von 25.000 Kühen



Genauere Informationen siehe die Publikation Egger-Danner et al. 2014 im Journal of Dairy Science im Anhang:

Egger-Danner C, Schwarzenbacher H and Willam A 2014. Short communication: Genotyping of cows to speed up availability of GEBV for direct health traits in Austrian Fleckvieh (Simmental) cattle – genetic and economic aspects. Journal of Dairy Science 97, 4552-4556.

7.6.3.3 Genotypisierung von weiblichen Tieren in Testherden

Egger-Danner et al. 2014 studierten die Erfahrungen mit der Genotypisierung von Herden mit zuverlässiger Datenerfassung für neue Merkmale. Speziell für einige neue Merkmale, bei denen die Phänotypen teuer zu erheben sind, wäre es besonders interessant, wie z.B. Fütterungseffizienz, Methanemissionen und teuer zu erhebende Gesundheitsparameter. Da für eine relativ genaue Schätzung in tausende Phänotypen (je nach Erblichkeit) investiert werden muss, ist auch der Zusammenhang mit Hilfsmerkmalen von Interesse (Calus et al. 2013; Gonzales-Recio et al. 2014). In den Zuchtprogrammen werden weltweit immer mehr Jungtiere eingesetzt. Für neue Merkmale liegen aber oftmals keine genomischen Zuchtwerte vor, weil die Referenzpopulation zu gering ist. Für neue Merkmale stehen aber auch nicht genügend Stiere für eine große Referenzpopulation zur Verfügung. Eine Möglichkeit die Sicherheit zu erhöhen ist die Genotypisierung von Kühen. Simulationen von (zB. Buch, 2011; Pszczola et al., 2012; Gonzalez-Recio et al., 2014) zeigen, dass es bei neuen Merkmalen und begrenzten Ressourcen effektiver ist, Kühe zu genotypisieren. Die Auswirkung auf die Sicherheit hängt auch von der Auswahl der Kühe ab. Die alleinige Einbeziehung von Stiermüttern führt zu einer Verzerrung der Zuchtwerte. Wichtig ist, dass

die Variation der einzelnen Merkmale durch die Genotypisierung von extremen Kühen ausgenutzt werden kann (Jimenez-Montero et al., 2012). Verschiedene Studien belegen die Bedeutung eines optimalen Designs für die weibliche Referenzstichprobe. Eine kontinuierliche Aufstockung ist wichtig (Buch 2011; Pszczola et al. 2012; Thomasen et al. 2014).

Weitere Informationen zur Genotypisierung von Kühen für die Referenzstichprobe sind unter Egger-Danner et al. 2014 im Anhang zu finden.

Egger-Danner, C., J.B. Cole, J.E. Pryce, N. Gengler, B. Heringstad, A. Bradley, K.F. Stock, 2014: Invited review: overview of new traits and phenotyping strategies in dairy cattle with a focus on functional traits. *Animal*. 12:1-17. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25387784>.

In dieser Publikation sind auch erste Ergebnisse aus den Praxiserfahrungen von verschiedenen Ländern angeführt, wo bereits routinemäßig Kühe in der Referenzstichprobe für die genomische Zuchtwertschätzung verwendet werden. Die aktuellen internationalen Entwicklungen zeigen, dass auch aus Gründen der Zuverlässigkeit der Vorhersage der genomischen Zuchtwerte international ein Trend zur Genotypisierung von Kühen und die Berücksichtigung in der Referenzstichprobe zu beobachten ist. In der Publikation von Schaeffer (2014) „Is the Animal Model Obsolete? wird aus Sicht der Zuverlässigkeit der genomischen Zuchtwertschätzung für die Genotypisierung der Zufallsstichprobe aus der Breite der Kuhpopulation argumentiert. Alle Tiere für die Zuchtwerte geschätzt werden sollen, sollen auch genotypisiert werden. Voraussetzung für die erfolgreiche Genotypisierung von Kühen in der Breite der Population wird ein günstiger Preis und ein Nutzen über die Zuchtwertschätzung hinaus sein.

7.6.4 Zuchtprogramme und Erbfehler

Durch die Möglichkeiten der Genomanalyse wurden aufbauend auf der Arbeit von VanRaden et al. (2011) bei vielen Rinderrassen durch das Feststellen von fehlenden homozygoten Abschnitten im Genom verschiedene Erbfehler entdeckt. Analysen unter den Kandidaten bei Fleckvieh in Österreich zeigte, dass ca. 50% der Kandidaten Träger von mindestens einem Erbfehler bzw. genetischer Besonderheit sind. Im Rahmen des Projektes wurden am Beispiel des Zuchtprogrammes „Fleckvieh AUSTRIA“ verschiedene Strategien zum Erbfehlermanagement analysiert. Die Ergebnisse wurden im Rahmen des Ausschusses für Genetik der ZAR im März 2014 vorgestellt und 2015 im Journal Züchtungskunde publiziert.

Diese Studie evaluierte verschiedene Zuchtstrategien gegen Erbfehler am Beispiel Fleckvieh AUSTRIA anhand des monetären Zuchtfortschritts pro Jahr und des Züchtungsgewinns. Aktuell sind acht Erbfehler bei Fleckvieh AUSTRIA publiziert. Die Allelfrequenzen schwanken zwischen 0,5 und 7% in der Kuhpopulation. Wenn alle männlichen Trägerstiere aus der Zucht eliminiert würden, sowohl im Einsatz bei den Herdebuchkühen als auch in der gezielten Paarung, wäre beim monetären Zuchtfortschritt pro Jahr ein Verlust von 7,1% bzw. von 9,4% beim Züchtungsgewinn zu erwarten. Wenn die Trägerstiere in der gezielten Paarung, aber

nicht bei den Herdebuchkühen eingesetzt würden, so würde sich der monetäre Zuchtfortschritt pro Jahr um 4,8% bzw. der Züchtungsgewinn um 6,4% reduzieren. Der Rückgang beim jährlichen Zuchtfortschritt durch den Verzicht auf Trägerstiere könnte durch verstärkten Einsatz von multipler Ovulation und Embryotransfer kompensiert werden.

Genauere Informationen:

Egger-Danner C., Schwarzenbacher H., Fürst C. und Willam A. (2015). Management von Erbfehlern im Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA: Ergebnisse von Modellrechnungen. Züchtungskunde, 87, (3) S.201-204.

7.6.5 Zuchtprogramm und Reproduktionstechnologien

Die Nutzung der Möglichkeit von Reproduktionstechnologien wurde am Beispiel Embryotransfer im Zusammenhang mit den Strategien zum Erbfehlermanagement bei Fleckvieh AUSTRIA beleuchtet. Es konnte gezeigt werden, dass durch verstärkten Embryotransfer der Verlust an Selektionsintensität durch die Merzung von Erbfehlerträgern teilweise kompensiert werden könnte (Egger-Danner et al., 2015). Des Weiteren wurden erste Studien bei Fleckvieh AUSTRIA durchgeführt. Bei optimaler Umsetzung könnte laut ersten Berechnungen der jährliche Zuchtfortschritt um bis zu 20% gesteigert werden. Die detaillierten Annahmen und Ergebnisse dieser Berechnungen sind aus den Unterlagen einer Besprechung mit Vertretern von Fleckvieh-Zuchtverbänden vom Juli 2014 zu entnehmen. Genauer wurden die Potentiale des Einsatzes nach züchterischen Parametern aber auch aus ökonomischer Sicht mit Kollegen von der Universität in Aarhus und Viking Genetics analysiert. Einerseits wurden für Kuhpopulationen von 500.000 und 50.000 Kühen verschiedene Selektionsszenarien und Annahmen zum Erfolg der Reproduktionstechniken Embryotransfer und In-Vitro-Fertilisation mit dem Computerprogramm ADAM simuliert. Mit dem Computerprogramm ZPLAN wurden die ökonomischen Auswirkungen analysiert. Die Publikation mit den Ergebnissen wurde Anfang 2015 beim Journal of Dairy Science eingereicht. Thomasen und Sorensen (2014) zeigen Strategien für den Einsatz von Reproduktionstechnologien in Zuchtprogrammen. Grundsätzlich kann davon ausgegangen werden, dass mit einem verstärkten Einsatz von Reproduktionstechnologien ein höherer jährlicher Zuchtfortschritt zu erwarten ist, wobei aber mit einem konsequent gesteuerten Anpaarungsmanagement die Inzuchtentwicklung zu kontrollieren ist.

Thomasen JR., Willam A., Egger-Danner C. und Sørensen AC. (2015). Reproductive technologies combine well with genomic selection in dairy cattle breeding programs. J. Dairy Sci. submitted.

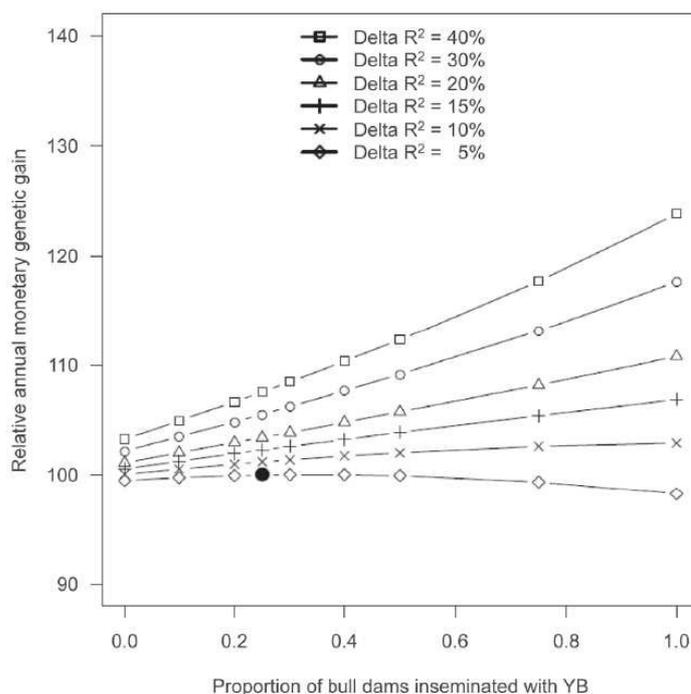
7.6.6 Zuchtprogramme und Rassen mit kleineren Populationsgrößen

Im Zuge des Projektes OptiGene entstand im Bereich Zuchtplanung eine Zusammenarbeit mit einer Arbeitsgruppe aus Dänemark (Jorn Thomason von Viking Genetics und Anders Christian Sorensen vom Departement of Molecular Biology and Genetics an der Aarhus University). Die Kooperation bietet den Vorteil, dass Computerprogramme aus Dänemark für Fragestellungen der Zuchtplanung und der Optimum Gene Contribution verwendet werden

können und diese Forschungsansätze mit internationalen Experten diskutiert werden können.

In Österreich wurde im Bereich Zuchtplanung mit einem deterministischen Ansatz, wie im Computerprogramm ZPLAN (Willam et al. 2008) umgesetzt, gearbeitet; die dänischen Arbeiten basieren auf einem stochastischen Ansatz und verwenden das Simulationsprogramm ADAM. Im Fokus der Zusammenarbeit stand die Analyse der Möglichkeiten des Einsatzes der genomischen Selektion bei kleinen bzw. kleineren Rassen. Die Modellrechnungen wurden für die dänische Jerseypopulation mit 68.000 Herdebuchkühen durchgeführt, wo durch die genomischen Zuchtwerte bislang lediglich sehr geringe Sicherheitszuwächse erzielt werden konnten. In der Studie von Thomasen et al. (2014) wurde ein Nachkommenzuchtprogramm mit einem genomischen Zuchtprogramm verglichen. 1.500 Stiermütter wurden jährlich selektiert um 500 genotypisierte Kandidaten und daraus wiederum 60 Jungstiere zu selektieren. Verschiedene Annahmen zur Sicherheit der genomischen Zuchtwerte und Anzahl selektierter Tiere wurden unterstellt. Das genomische Zuchtprogramm war sowohl hinsichtlich Zuchtfortschritt und Züchtungsgewinn dem Nachkommenzuchtprogramm überlegen, auch wenn der Sicherheitszuwachs als sehr gering angenommen wurde. Es zeigte sich eine sehr starke Wechselwirkung zwischen Sicherheitszuwachs bei den genomischen Zuchtwerten und dem Anteil an Jungstierbesamungen. Je höher der Sicherheitszuwachs durch genomische Zuchtwerte, desto höher die Überlegenheit eines höheren Anteils an Jungstierbesamungen (Abbildung 7.6).

Abbildung 7.6: Relativer Anstieg im Zuchtfortschritt in Abhängigkeit vom Sicherheitszuwachs der Zuchtwerte durch genomische Information und dem Anteil an Jungstierbesamungen (Thomasen et al. 2014)



Kleine Rassen sind durch die Möglichkeiten der genomischen Selektion besonders gefordert. Rassen mit großen Referenzstichproben für die Schätzung der genomischen Zuchtwerte erreichen oftmals Sicherheiten von mindestens 65%. Bei kleinen Rassen sind im Vergleich zur Sicherheit des Abstammungszuchtwertes von rund 30% Sicherheit kaum Zuwächse zu erzielen. Die höheren Sicherheiten bei den größeren Rassen erleichtern die Umsetzung von genomischen Zuchtprogrammen und beschleunigen den Zuchtfortschritt. Für kleinere Rassen wird es immer schwieriger mitzuhalten. Verschiedene Forschungsansätze von rasseübergreifenden Referenzstichproben (Pryce et al. 2011; Lund et al. 2014) zeigen, dass bislang nicht sehr viel zu erwarten ist, weil unterschiedliche Linkage Disequilibrium Strukturen vorliegen und geringe Verwandtschaften zwischen den Rassen bestehen.

Auch Arbeiten mit höheren SNP-Dichten wie beim High Density Chip (HD) zeigten kaum Vorteile. Daher stellt sich die Frage, ob durch die Genotypisierung von weiblichen Tieren und Verwendung dieser Informationen in der Referenzstichprobe Unterstützung geleistet werden könnte. Thomasen et al. 2014a analysierten den Nutzen einer Genotypisierung von jährlich 2.000 erstlaktierenden Kühen für die von Thomasen et al. 2014a simulierte Jersey-Population. Es wurden 2 Szenarios unterstellt, einmal ein genomisches „Turboprogramm“, bei dem 100% Jungtiere eingesetzt werden und ein „Hybridprogramm“ mit Jungtieren und Nachkommeprüften Stieren. Die Genotypisierung von jährlich 2.000 Jungkühen steigert den langfristigen Zuchtfortschritt sehr deutlich und zeigt, dass damit die Sicherheit der genomischen Zuchtwerte schnell gesteigert werden könnte. Die ökonomischen Analysen bestätigten die Profitabilität dieser Maßnahme.

Genauere Informationen in den beiden Publikationen:

Thomasen JR., Sorensen AC., Lund MS. and Guldbandsen B. (2014a). Adding cows to the reference populations makes a small dairy population competitive. *J. Dairy Sci.* 2014: 97 (9) 5822-5832.

Thomasen J.R. , Egger-Danner C. , Willam A., Guldbandsen B., Lund M.S. und Sørensen A. C. (2014b): Genomic selection strategies in a small dairy cattle population evaluated for genetic gain and profit. *J. Dairy Sci.* 2014: 97 (1) 458-470.

Pryce JE., Gredler B., Bolormaa S., Bowman PJ., Egger-Danner C., Fuerst C., Emmerling R., Sölkner J., Goddard ME. and Hayes BJ. (2011). Short communication: Genomic selection using a multi-breed, across-country reference population. *J. Dairy Sci.* 2011, 94(5): 2625-2630.

7.6.6.1 Analysen bei Pinzgauer und Grauvieh in Österreich

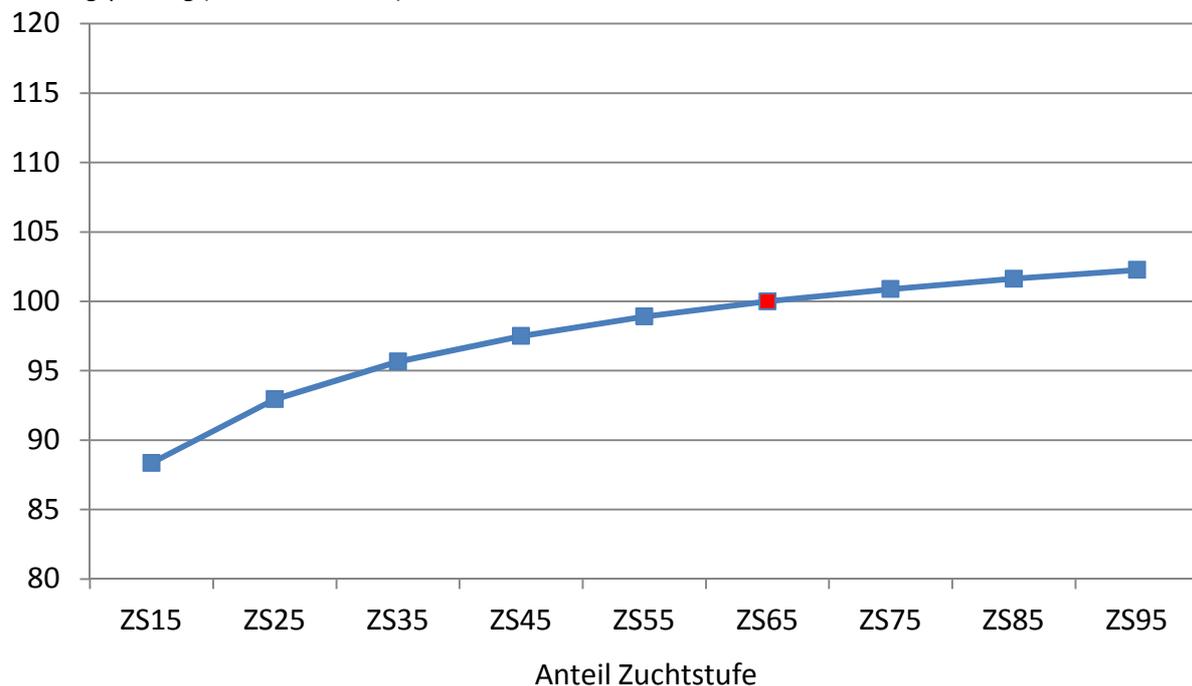
Im Rahmen von OptiGene wurden die Auswirkungen eines genomischen Zuchtprogrammes bei Pinzgauer und Grauvieh in Österreich analysiert. Bislang ist es nicht gelungen, genomische Zuchtwerte mit einem deutlichen Sicherheitszuwachs zu schätzen. Bei den Zuchtplanungsrechnungen mit dem Computerprogramm ZPLAN wurden verschiedene Szenarien analysiert. Sicherheitszuwächse beim Gesamtzuchtwert von bis zu 10% wurden unterstellt.

Bei relativ kleinen Rassen, die kaum Sicherheitszuwachs durch die Genotypisierung erzielen können, kommt der große Sprung im Zuchtfortschritt eines GS-Programms im Wesentlichen von der Reduktion des Generationsintervalls und der Steigerung der Selektionsintensität (Abbildung 7.21). Da es nach aktuellem Wissenstand nicht zu erwarten ist, dass in absehbarer Zeit höhere Sicherheiten bei genomischen Zuchtwerten bei Pinzgauer und Grauvieh in Österreich erzielt werden können, ist der Fokus auf die Optimierung der Zuchtprogramme ohne der Berücksichtigung von höherer Sicherheiten zu legen. Ein balancierter Einsatz von Jungtieren um das Risiko für den einzelnen Züchter zu minimieren, ist für den Zuchtfortschritt für die Gesamtpopulation dennoch empfehlenswert (siehe Zuchtprogramme Pingauer und Grauvieh).

7.6.7 Zuchtfortschritt und Umfang der Leistungsprüfung

Berechnungen zur Auswirkung des Umfanges der Leistungsprüfung auf den monetären Zuchtfortschritt, die Züchtungskosten, den Züchtungsertrag und den Züchtungsgewinn wurden für die Rasse Fleckvieh durchgeführt. Abbildung 7.7 zeigt, dass der monetäre Zuchtfortschritt pro Jahr (monZF/J) mit größerem Umfang der Leistungsprüfung steigt. Dieser Anstieg flacht jedoch bei einem Umfang der Leistungsprüfung von ca. 50% ab. Weitere Auswertungen zeigen, dass mit größerem Umfang der Leistungsprüfung eine leichte Stärkung der Fitness zu beobachten ist. Die Züchtungskosten steigen linear. Auch der Züchtungsgewinn steigt, es ist jedoch ebenso eine Abflachung ab ca. 50% zu beobachten. Verschiedene internationale wissenschaftliche Arbeiten haben gezeigt, dass Phänotypen aus der Leistungsprüfung die Voraussetzung für die Schätzung von genomischen Zuchtwerten sind. Um die Zuverlässigkeit der genomischen Zuchtwerte zu gewährleisten, ist es zudem notwendig, dass kontinuierlich neue Phänotypen, die der aktuellen Population entsprechen, erhoben werden (Egger-Danner et al. 2014).

Abbildung 7.7: Monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr in Prozent in Abhängigkeit vom Umfang der Leistungsprüfung (Anteil Zuchtstufe)



7.6.8 Wartestierhaltung und Spermalangzeitlagerung

Nach dem Ansatz von Egger-Danner et al. 2000 wurden für verschiedene Kostenszenarien zu Herstell- und Lagerkosten von Samenportionen und Kosten der Wartestierhaltung Modellkalkulationen für Gesamtkosten pro Stier bei Spermalangzeitlagerung und Wartestierhaltung für die Fleckvieh-Population in Österreich durchgeführt. Nach der Besamungsstatistik der ZAR (2014) wurden 2013 insgesamt 1,130.950 Samenportionen abgesetzt; davon im Inland 591737, 364.673 Portionen wurden importiert und 539.213 Portionen exportiert. Im Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA wurden 2013/2014 insgesamt 101 bzw. 100 Jungstiere selektiert, davon 45 aus inländischer Genetik. Bei jährlich ca. 100 eingesetzten Jungstieren im Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA (ZuchtData, 2013/2014) werden durchschnittlich pro Stier 11.310 Samenportionen benötigt. Im Jahr 2014 lag der Anteil der Jungstierbesamungen in Österreich bei Herdebuchkühen bei 47%; im Jahr 2013 waren es noch 42,8%. Insgesamt wurden 2014 bei Fleckvieh-Herdebuchkühen 639.252 Besamungen durchgeführt. Wenn der Anteil der Jungstierbesamungen kontinuierlich steigt, sinkt der Gesamtbedarf an Spermia von Nachkommen geprüften Vererbern. Da zu beobachten ist, dass die genomischen Top-Jungvererber bereits als Jungstiere sehr stark eingesetzt werden (zB. Symposium mit 21.997 Besamungen alleine in Österreich im Kontrolljahr 2014), wird die Nachfrage von Spermia von diesen Top-Jungvererbern als NKP-Stiere begrenzt sein. Der Großteil der Nachfrage wird bereits als genomischer Jung-Vererber abgedeckt. Es wird nur vereinzelt vorkommen, dass sich genomische Jung-Vererber erst aufgrund der Nachkommenleistungen zum Top-Vererber entwickeln und dann trotz höheren

Alters auch mit dem Zuchtwert der jungen Genetik überlegen sind. In solchen Fällen wäre die Wartestierhaltung bis zum Vorliegen der Zuchtwerte mit Informationen aus der Nachkommenprüfung von wirtschaftlichem Interesse. Eine generelle Empfehlung kann aus den durchgeführten Kalkulationen nicht abgeleitet werden.

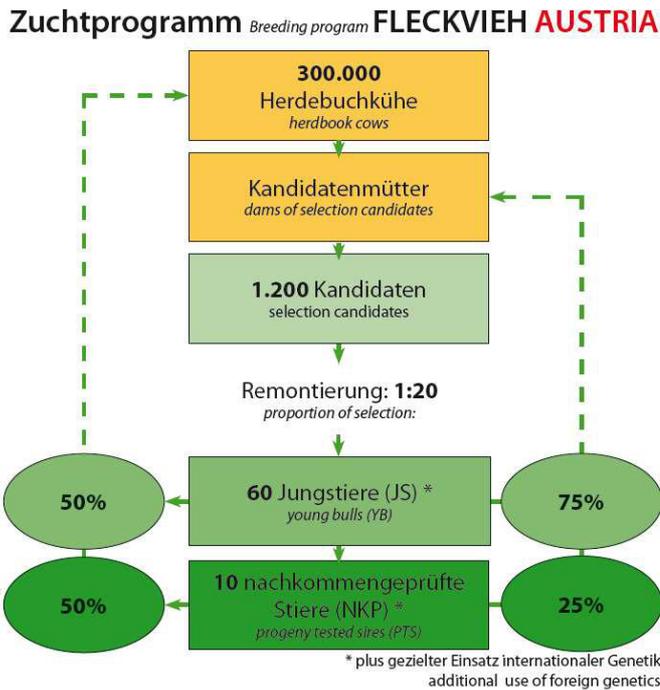
7.6.9 Optimierung Zuchtprogramm „Fleckvieh AUSTRIA“

Bei Projektbeginn wurde mit den Verantwortlichen der Zuchtorganisationen der Rasse Fleckvieh im Rahmen eines 2-tägigen Workshops die Themen und Fragestellungen aus der Praxis für die wissenschaftlichen Arbeiten im Projekt OptiGene ausgearbeitet. Eine neue Sprachregelung für das genomische Zuchtprogramm wurde festgelegt.

- NKP – „Nachkommen geprüfte Stiere“ entsprechen den bisher als Altstiere oder „Geprüfte Vererber“ bezeichneten Stiere
- JS – „Jungstiere“: Die Bezeichnung Teststier an sich gibt es nicht mehr. Aufgrund der genomisch optimierten Zuchtwerte werden die interessantesten Jungtiere aus verschiedenen Linien als sogenannte Jungstiere (JS) selektiert. Wenn die Sicherheit des goMW > 50% ist, können diese Stiere unlimitiert eingesetzt werden.
- JS-SV - „Jungstiere als Stiereväter“
- NKP-SV – „Nachkommen geprüfte Stiere als Stiereväter“
- „Kandidaten“: Die Jungtiere (Kälber) mit genomisch optimierten Zuchtwerten werden als Kandidaten bezeichnet.

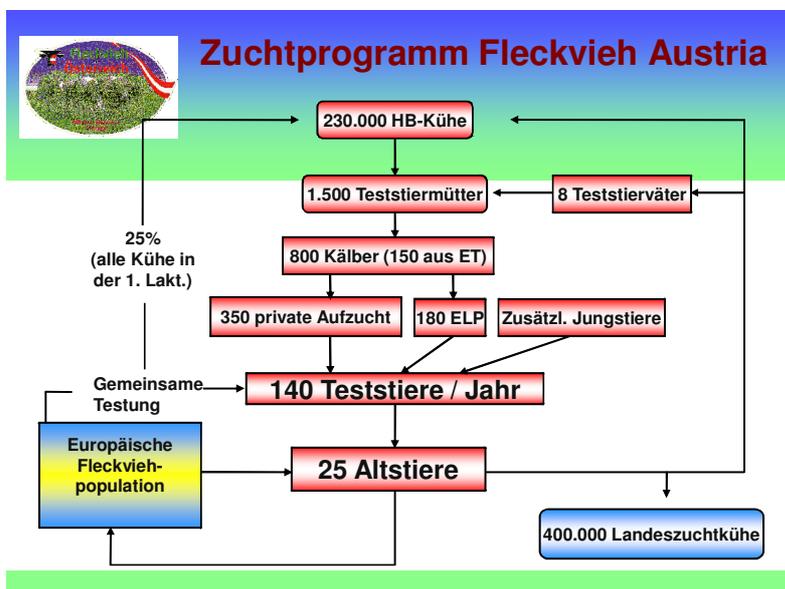
Nach Vorliegen der Ergebnisse der Modellrechnungen wurde mit den Verantwortlichen der Zuchtorganisationen das Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA 2012 konzipiert. Dieses neue genomische Zuchtprogramm ist in Abbildung 7.8 beschrieben.

Abbildung 7.8 Genomisches Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA 2012



Im neuen genomischen Zuchtprogramm sollen jährlich 60 Jungtiere aus 1.200 Kandidaten selektiert werden (Remontierung 1:20). Im Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA 2000 waren 140 Teststiere das Ziel. Aus den 60 Jungtieren werden jährlich die besten 10 Stiere aufgrund der Nachkommenleistung als NKP-Stiere selektiert. Die besten 4 daraus werden als Stierväter für die Anpaarung mit den genetische interessantesten Kühen herangezogen. Von den Jungtieren sollen die interessantesten 12 Jungtiere als Stierväter eingesetzt werden. Bezogen auf den Besamungsanteil wurde als Ziel formuliert, dass die Herdebuchkühe österreichweit zu 50% mit Jungtieren besamt werden. Bei den Stiermüttern ist ein Anteil von 75% das Ziel. Zum Vergleich ist das Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA 2000 in Abbildung 7.9 dargestellt.

Abbildung 7.9: Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA 2000



Die Ergebnisse der Zuchtplanungsrechnungen zeigen, dass das neue genomische Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA 2012 im Vergleich zum Nachkommen-Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA 2000 bei konsequenter Umsetzung ca. 40% mehr Zuchtfortschritt pro Jahr erwarten lässt.

Die Potentiale des neuen genomischen Zuchtprogrammes Fleckvieh AUSTRIA 2012 im Vergleich zum Nachkommen-Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA 2000 sind in den Tabellen 7.4 und 7.5, sowie der Abbildung 7.10 zusammengefasst.

Tabelle 7.4: Monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr und Generationsintervall für das neue genomische Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA 2012 im Vergleich zum Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA 2000

	Fleckvieh AUSTRIA 2000	Fleckvieh AUSTRIA 2012	Differenz
Mon. Zuchtfortschritt pro Jahr (%)	100,0	139,4	+39,4%
Generationsintervall (Jahr)	5,5	4,3	-1,2 Jahre

Abbildung 7.10: Relativer monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr zusammengefasst für Milchleistungs-, Fleischleistungs-, Fitnessmerkmale und Melkbarkeit für Fleckvieh AUSTRIA 2012 und Fleckvieh AUSTRIA 2000 in %

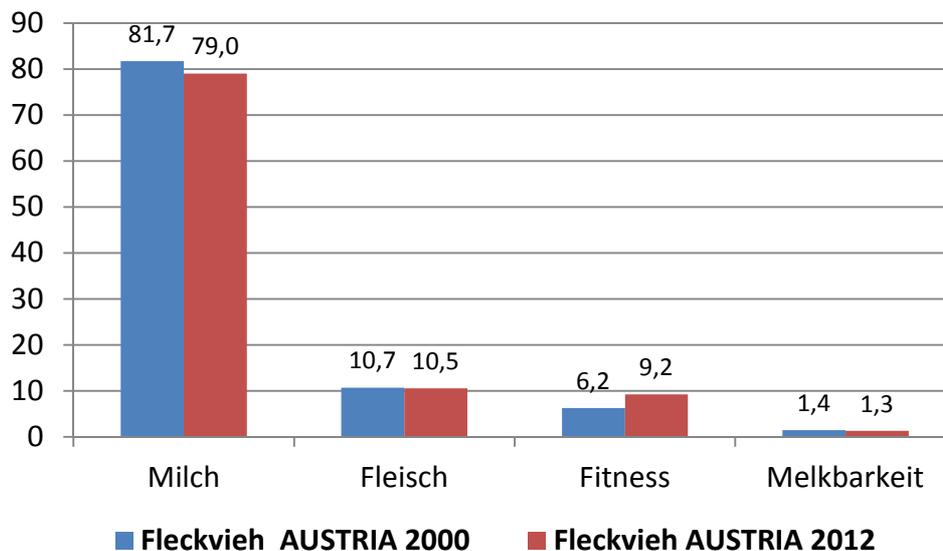


Tabelle 7.5: Naturaler Zuchtfortschritt pro Jahr für die ausgewählten Merkmale Eiweißmenge, Nutzungsdauer, maternaler Kalbeverlauf, maternaler Fruchtbarkeits-Index und Zellzahl im Vergleich für Fleckvieh AUSTRIA 2012 und Fleckvieh AUSTRIA 2000

	Fleckvieh AUSTRIA 2000	Fleckvieh AUSTRIA 2012	Differenz
Eiweiß (kg)	3,60	4,84	+1,24 kg
Nutzungsdauer (Tage)	4,37	7,58	+3,21 Tage
Maternaler Fruchtbarkeits- Index (ZW-Pkte)	-0,10	-0,07	-0,03 ZW-Pkte
Maternaler Kalbeverlauf (ZW-Pkte)	0,49	0,74	+0,25 ZW-Pkte
Zellzahl (ZW-Pkte)	-0,06	-0,07	-0,01 ZW-Pkte
Eiweiß (kg)	3,60	4,84	+1,24 kg

Der monetäre Zuchtfortschritt pro Jahr kann durch das neue genomische Zuchtprogramm, wie es hier konzipiert ist, um ca. 40 % gesteigert werden. Das Generationsintervall reduziert sich von 5,5 auf 4,3 Jahre. Die Züchtungskosten des neuen genomischen Zuchtprogrammes liegen ca. 10% über den Kosten des Nachkommen-Zuchtprogrammes. Durch den höheren monetären Zuchtfortschritt pro Jahr ist jedoch ein höherer Züchtungsgewinn möglich. Die Zuchtprogramme sind als Zielformulierung anzusehen. Die hier dargestellten Zuchtfortschritte sind möglich, wenn das Zuchtprogramm konsequent umgesetzt wird.

In Abbildung 7.10 ist der relative monetäre Zuchtfortschritt pro Jahr für die verschiedenen Merkmalsblöcke dargestellt. Die naturalen Zuchtfortschritte pro Jahr für ausgewählte Merkmale des GZW sind in Tabelle 7.5 aufgelistet. Mit dem neuen genomischen Zuchtprogramm kann der Zuchtfortschritt für die Eiweißmenge von 3,60 kg pro Jahr auf 4,84 kg pro Jahr gesteigert werden. Bei einem Eiweißgehalt von 3,4% entsprechen 3,60 kg Eiweiß in etwa 106 kg Milch Zuchtfortschritt pro Jahr, die 4,84 kg Eiweiß kg stehen für 142 kg Milch. Durch die genomische Selektion kann der Zuchtfortschritt pro Jahr für die Nutzungsdauer und den maternalen Kalbeverlauf verbessert werden. Merkmale, die bereits beim Nachkommen-Zuchtprogramm negative Entwicklungen erwarten ließen, können nicht verbessert werden (maternale Fruchtbarkeit, Zellzahl). Die Fleischleistung kann in etwa gehalten werden.

In den letzten 10 Jahren vor der Einführung der genomischen Selektion konnte österreichweit bei den Fleckvieh-Kühen ein durchschnittlicher Zuchtfortschritt von 92 kg Milch pro Jahr erzielt werden (ZuchtData, 2011). Diese Abweichung von dem zu erwartenden Zuchtfortschritt der Zuchtplanungsrechnungen ist vor allem durch die weniger strenge Selektion bei den geprüften Stieren und die längere Nutzungsdauer bedingt. Da bei der Stierauswahl stärker auf Fitness geachtet wurde, ist der genetische Trend bei der Zellzahl in der Realität erfreulicherweise leicht positiv.

Dass der Zuchtfortschritt pro Jahr deutlich steigen wird, ist bereits aus ersten Auswertungen zum aktuellen Besamungseinsatz abzulesen. Wurden 2011 die Fleckviehkühe in Österreich im Durchschnitt mit Stieren mit einem GZW von 123,7 besamt, so lag der durchschnittliche GZW der Besamungen im September 2012 bei 130,9 Punkten und 2014 bei 125,8 GZW-Punkten. Hier kommt auch bereits zum Tragen, dass durch den Verzicht von Trägern von Erbfehlern in der Zucht Selektionsintensität verloren wird. Durch Veränderungen bei der Berechnung des GZW sind zudem leichte Änderungen bedingt.

Entscheidend ist, dass Kühe bei großen jährlichen Zuchtfortschritten in der Milchleistung, auch in Zukunft trotz des negativ genetischen Zusammenhanges von Milch und Fitness/Gesundheit problemlos Milch erzeugen können. Eine Steigerung der Milchleistung bei Erhalt bzw. Stärkung der Fitness und Gesundheit ist das Ziel.

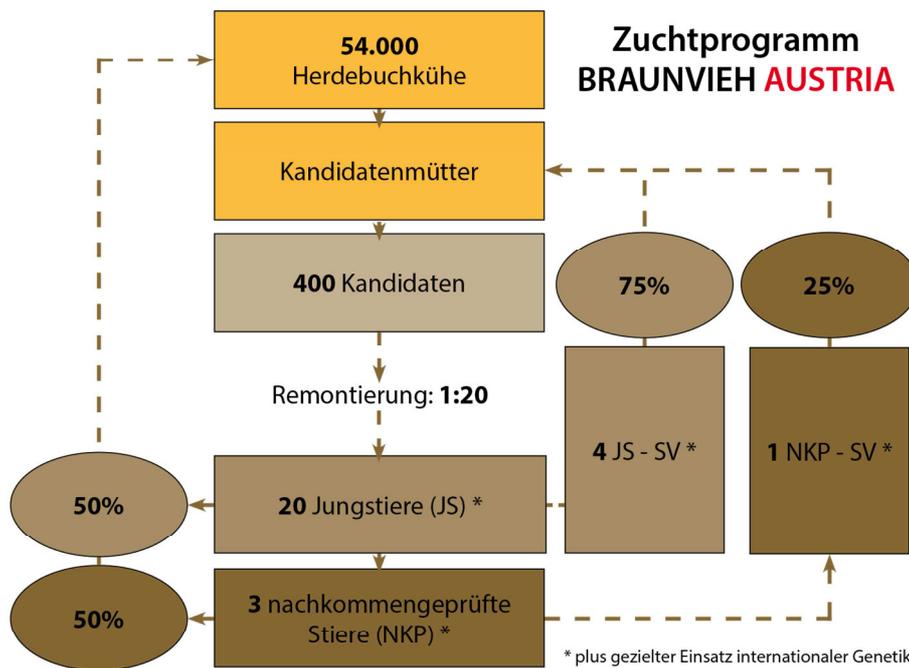
Die Untersuchungen zu Auswirkungen auf Fitness und Gesundheit zeigen, dass die genomische Selektion generell eine leichte Stärkung der Fitness erwarten lässt, wenn weiterhin von allen Kühe Daten aus der Leistungsprüfung vorliegen. Durch die geringere Stieranzahl ist mit einer höheren Anzahl Nachkommen pro Jungstier und daher mit zuverlässigeren Zuchtwerten für Fitness- und Gesundheitsmerkmale zu rechnen.

Die Auswertungen zeigen jedoch, dass, auch wenn der Fitnessblock generell anteilig mehr Zuchtfortschritt pro Jahr erwarten lässt, beim Gesamtzuchtwert ohne Berücksichtigung der direkten Gesundheitsmerkmale wie Mastitis, frühe Fruchtbarkeitsstörungen oder Zysten die zu erwartenden Zuchtfortschritte für die Einzelmerkmale maternaler Fruchtbarkeits-Index und Zellzahl leicht negativ sind. Wenn diese Merkmale auch im Gesamtzuchtwert berücksichtigt werden, so ist auch für die maternale Fruchtbarkeit und die Eutergesundheit eine positive Entwicklung zu erzielen. Voraussetzung dazu ist jedoch, dass in der Breite diese Phänotypen auch erhoben werden. Untersuchungen zeigen, dass die genomische Selektion das Potential hat, den Zuchtfortschritt pro Jahr deutlich zu steigern, die Richtung jedoch muss im Gesamtzuchtwert vorgegeben werden. Die Voraussetzung für Zucht auf Fitness und Gesundheit sind zuverlässige Daten aus der Leistungsprüfung für diese Merkmale.

7.6.10 Optimierung Zuchtprogramm „Braunvieh AUSTRIA“

Mit Vertretern der österreichischen Braunviehzuchtverbände wurde vom 13.-14. Dezember 2012 ein Zuchtplanungs-Workshop abgehalten. Zu Beginn wurde der aktuelle Stand der Umsetzung der Genomischen Selektion bei Braunvieh besprochen und die Ergebnisse der Züchterbefragung präsentiert und diskutiert. Die Ergebnisse der bereits im Vorfeld durchgeführten Zuchtplanungsrechnungen wurden vorgestellt und auf deren Basis das Zuchtprogramm „Braunvieh AUSTRIA 2012“ (siehe Abbildung 7.11) gemeinsam konzipiert. Als Sprachregelung für das genomische Zuchtprogramm wurden die Begriffsdefinitionen von Fleckvieh übernommen. Abschließend wurde der Workshop noch genutzt um die Themen Zuchtwertschätzung für Gesundheit und Identifizierung von Erbfehlern zu besprechen.

Abbildung 7.11: Ablaufdiagramm des genomischen Zuchtprogramms „Braunvieh AUSTRIA 2012“

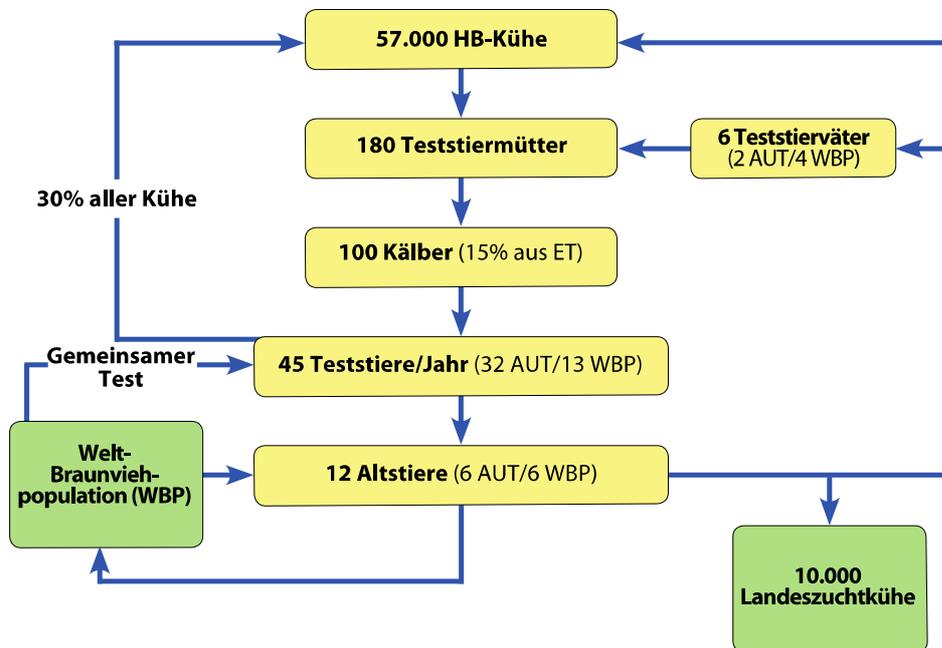


Im neuen genomischen Zuchtprogramm Braunvieh AUSTRIA 2012 werden jährlich 20 Jungstiere aus 400 Kandidaten selektiert. Dies entspricht einem Remontierungsverhältnis von 1:20. Aus den 20 Jungstieren werden jährlich die 3 besten auf Basis der Nachkommenleistung als NKP-Stiere selektiert. Die 4 interessantesten Jungstiere und der beste NKP-Stier pro Jahr werden zusätzlich als Stierväter eingesetzt. Diese selektierten Stierväter werden für die genetisch interessantesten Kühe (Kandidatenmütter) als Paarungspartner herangezogen. Zusätzlich zu diesen 5 inländischen Stiervätern soll auch noch gezielt ausländischer Sperma zur Anpaarung an die Kandidatenmütter eingesetzt werden. Insgesamt 50% der Herdebuchkühe und 75% der Kandidatenmütter werden mit Jungstieren besamt.

Im Vergleich dazu wurden im vorigen Zuchtprogramm Braunvieh AUSTRIA 2000 (siehe Abbildung 7.12) von den 180 Teststiermüttern jährlich 100 Kälber (nur möglich durch Einsatz von 15% Embryotransfer) großgezogen und daraus 45 Teststiere selektiert. Aus den 45 Teststieren wurden jährlich 12 NKP-Stiere selektiert. 6 dieser NKP-Stiere wurden zusätzlich als Teststierväter eingesetzt. 30% aller Herdebuchkühe sollten mit Teststieren belegt werden. Auch in diesem Zuchtprogramm wurde bereits ein reger Austausch mit der Welt-Braunviehpopulation vorgesehen.

Abbildung 7.12: bisheriges Zuchtprogramm „Braunvieh AUSTRIA 2000“

Zuchtprogramm BRAUNVIEH AUSTRIA



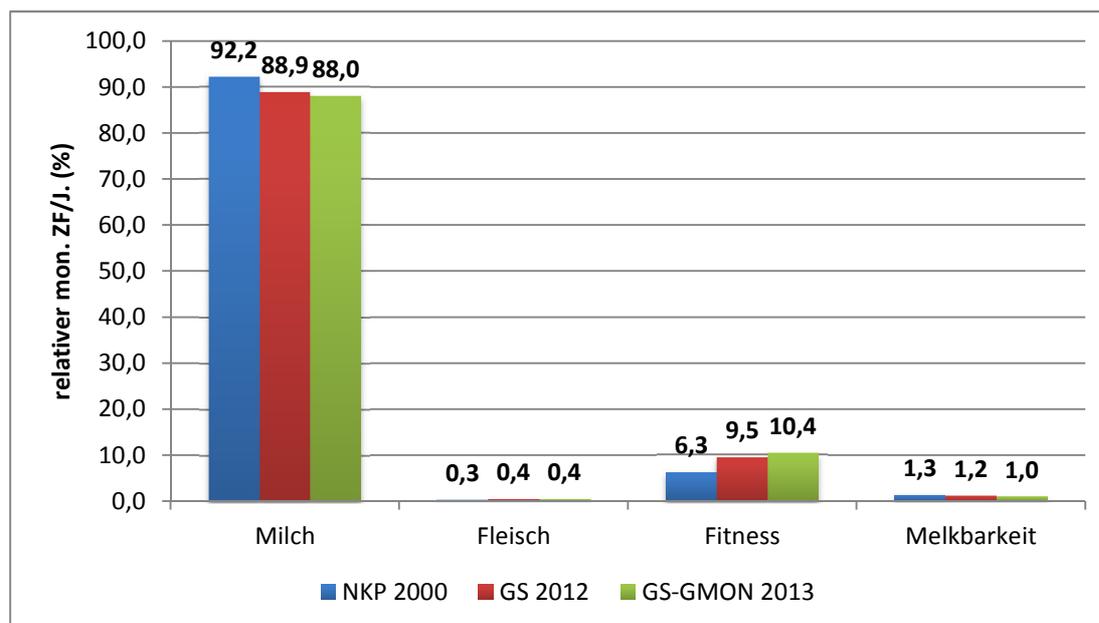
Mit dem neuen Zuchtprogramm Braunvieh AUSTRIA 2012 ist im Vergleich zum bisherigen Zuchtprogramm aus dem Jahr 2000 um bis zu 60% mehr monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr möglich. Großteils resultiert diese Verbesserung auf die Reduktion des durchschnittlichen Generationsintervalls von 5,8 auf 4,7 Jahre und die stärkere Selektion im Jungstierpfad. Tabelle 7.6 zeigt für einige wichtige Merkmale den zu erwartenden Zuchtfortschritt pro Jahr in naturalen Einheiten im Vergleich zwischen dem bisherigen NKP-System (Braunvieh AUSTRIA 2000) und dem neuen genomischen Zuchtprogramm (Braunvieh AUSTRIA 2012).

Tabelle 7.6: Natürlicher Zuchtfortschritt pro Jahr für die Merkmale Eiweißmenge, entsprechende Milchmenge bei 3,4% Eiweißgehalt, Nutzungsdauer, Fruchtbarkeits-Index und Zellzahl im Vergleich zwischen „Braunvieh AUSTRIA 2000“ und „Braunvieh Austria 2012“

	Braunvieh AUSTRIA 2000	Braunvieh AUSTRIA 2012	Differenz
Eiweißgehalt (kg)	+ 3,24 kg	+ 4,99 kg	+ 1,75 kg
entsprechende Milchmenge bei \varnothing 3,4 % Eiweißgehalt (kg)	+ 95,29 kg	146,76 kg	+ 51,47 kg
Nutzungsdauer (Tage)	+ 6,91 Tage	+ 13,61 Tage	+ 6,7 Tage
Fruchtbarkeits-Index (Punkte)	- 0,03 Punkte	+ 0,03 Punkte	+ 0,06 Punkte
Zellzahl (Punkte)	- 0,17 Punkte	- 0,20 Punkte	- 0,03 Punkte

Im Jahr 2013 wurde für die Rasse Braunvieh die Schätzung von Gesundheitszuchtwerten eingeführt und diese mittels eines überarbeiteten Fruchtbarkeitswerts und eines neuen Eutergesundheitswerts im GZW berücksichtigt. Abbildung 7.13 zeigt die Verteilung des monetären Zuchtfortschritt pro Jahr auf die vier Merkmalsblöcke Milch, Fleisch, Fitness und Melkbarkeit für die für das NKP-Programm aus dem Jahr 2000 (NKP 2000), das genomische Zuchtprogramm aus dem Jahr 2012 (GS 2012) und das aktuelle genomische Zuchtprogramm mit Gesundheitszuchtwerten (GS-GMON 2013).

Abbildung 7.13: Relativer monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr (mon. ZF/J.) zusammengefasst für Milchleistungs-, Fleischleistungs-, Fitnessmerkmale und Melkbarkeit das NKP-Programm aus dem Jahr 2000 (NKP 2000), das genomische Zuchtprogramm aus dem Jahr 2012 (GS 2012) und das aktuelle genomische Zuchtprogramm mit Gesundheitszuchtwerten (GS-GMON 2013) in Prozent



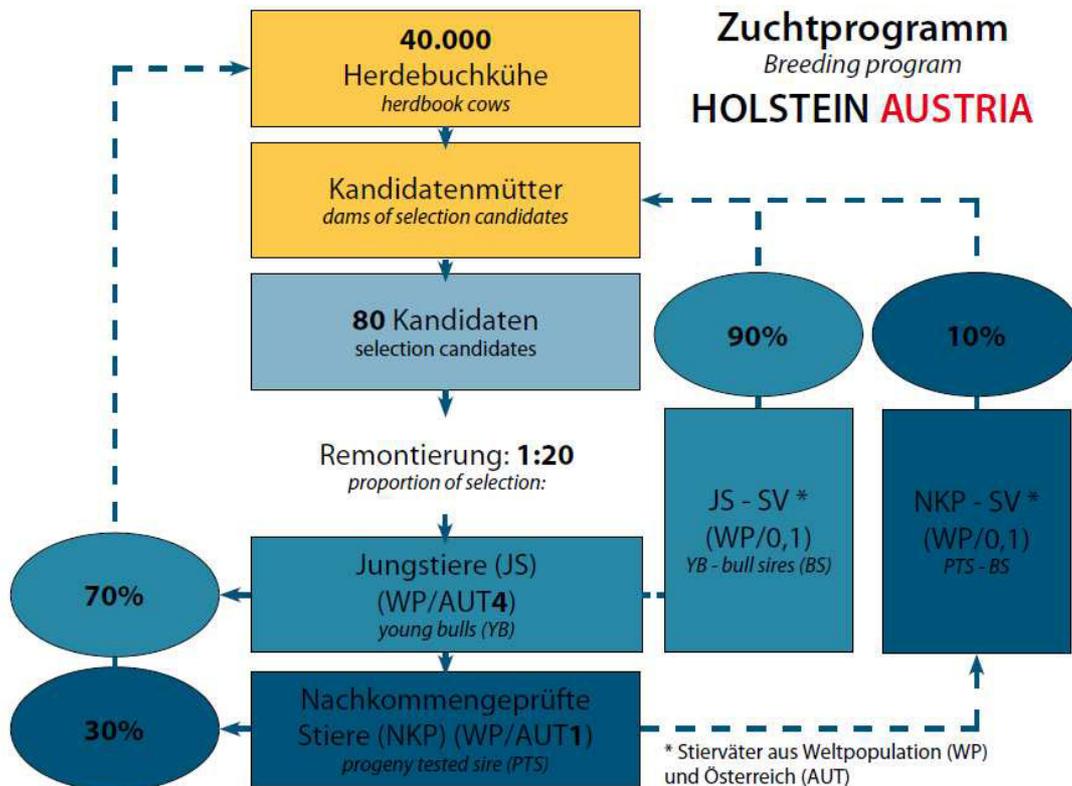
Weitere Informationen zu den Ergebnissen der Zuchtplanungsrechnungen für die Rasse Braunvieh finden Sie im Artikel „Vorstellung Zuchtprogramm ‚Braunvieh AUSTRIA 2012‘. Wie wirken sich die Möglichkeiten der Genomischen Selektion auf die Österreichische Braunviehzucht aus?“ von DI Steininger, Dr. Egger-Danner und Dr. Willam im Magazin Braunvieh (2/2013, Seite 2-5) und im Artikel „Genomisches Zuchtprogramm für Braunvieh Austria – Möglichkeiten zur Verbesserung von Fitness und Gesundheit.“ von DI Steininger, Dr. Willam, Dr. Fürst, Dr. Schwarzenbacher und Dr. Egger-Danner im Rahmen des Europakongresses der Braunviehzüchter (Seite 34-38).

7.6.11 Optimierung Zuchtprogramm „Holstein AUSTRIA“

Analysen zur aktuellen Situation des Zuchtprogrammes Holstein AUSTRIA wurden erstellt. Aktuell werden ca. 10% der gesamten Besamungen mit inländischem Sperma durchgeführt. Bei den Jungstieren sind jährlich 1-2 Jungstiere aus österreichischer Genetik im Einsatz. Für die Zuchtplanungsrechnungen wurden die Annahmen bezüglich Merkmale im Gesamtzuchtwert in Anlehnung an Täubert et al. 2011 (Züchtungskunde) getroffen. Die biologischen Parameter, Populationsparameter und Kosten stammen aus der österreichischen Holstein-Population. Berechnungen zur Optimierung von verschiedenen Maßnahmen im genomischen Zuchtprogramm wurden für die Holstein-Population durchgeführt. Die Ergebnisse sind in der Anlage zum Protokoll des Zuchtplanungsworkshop zur Optimierung des Zuchtprogrammes „Holstein AUSTRIA“ vom 22./23.10.2013 dargestellt. Durch den sehr hohen Anteil ausländischer Genetik stellte sich auch die Frage nach dem Nutzen eines österreichischen Holstein-Zuchtprogrammes. Am Beispiel OHG (Osnabrücker Herdebuchgesellschaft) konnte gezeigt werden, dass es bei einem hohen Organisationsgrad und Investitionen auch möglich ist, trotz kleiner Population (ca. 30.000 Kühe) Topstiere hervorzubringen. Mit den Vertretern der Holstein-Zuchtorganisationen wurden deren Ziele und Anforderungen diskutiert. Es herrschte Übereinstimmung, dass der Anteil inländischer Besamungen gesteigert werden soll. Es wurde auch definiert, dass nur wenige, aber sehr streng selektierte Jungstiere aus der österreichischen Population eingesetzt werden sollen. Voraussetzung für einen breiteren Einsatz ist, dass sie mit dem Niveau der ausländischen Genetik mithalten kann. Die Zuchtplanungsrechnungen zeigten ein Potential von ca. 20% wenn der Anteil der Jungstierbesamungen von 20% auf 100% sowohl bei Herdebuchkühen als auch in der gezielten Paarung gesteigert wird. Für das neue genomische Zuchtprogramm „Holstein AUSTRIA“ wurden als Ziel 70% Jungstierbesamungen bei den Herdebuchkühe und 90% Jungstierbesamungen als Stierväter bei den Stiermüttern festgelegt.

Es herrschte aber auch Übereinstimmung, dass mehr Erfolg beim Zuchtprogramm ohne mehr Kompetenz einer zentralen Organisation nicht realistisch ist. Das in Zusammenarbeit von Wissenschaft und Praxis für Holstein AUSTRIA ausgearbeitete Zuchtprogramm ist in Abbildung 7.14 dargestellt.

Abbildung 7.14: Neues genomisches Zuchtprogramm „Holstein AUSTRIA“



Zusammenfassung der wichtigsten Erkenntnisse und Ergebnisse:

International:

- International werden fast nur mehr Jungstiere eingesetzt
- Extrem hohes Niveau des gRZG
- Starker Wettbewerb unter Zuchtunternehmen
- Zuchtprogramme sind nicht billiger geworden
- Beispiel: OHG – mit großem Mitteleinsatz und hohem Organisationsgrad auch Wettbewerbsfähigkeit einer kleinen Organisation gegeben

Holstein AUSTRIA – aktuell:

- Ca. 10% der Besamungen mit inländischer Genetik (ca. 10% inländische Jungstiere und NKP-Stiere, kaum inländische Stierväter)
- 9 Zuchtorganisationen, Besamungsstrukturen, ARGE Holstein,..
- Unterschiedlicher Organisationsgrad in den Organisationen bezüglich Umsetzung Zuchtprogramm Holstein AUSTRIA – unterschiedliche Ziele (Samenverkauf,...)
- Ohne zentrale Koordination des gesamten Zuchtprogrammes (Stierseite,..) ...- ohne strukturelle Veränderungen keine Verbesserung zu erwarten!

Faktoren zur Optimierung des Zuchtprogrammes:

- Je höher der Jungstieranteil desto kürzer das Generationsintervall und desto höher der Zuchtfortschritt
- Remontierung der Jungstiere aus Kandidaten wichtiger Hebel um Zuchtfortschritt zu steigern
- Es ist effizienter die Remontierung zu verschärfen als die Anzahl der Jungstiere zu erhöhen
- Stieviäter: im Sinne der Risikostreuung ist leichter Rückgang des ZF durch mehr JS-SV zu befürworten
- Jungstiere müssen NKP-Stieren genetisch überlegen sein

7.6.12 Optimierung des Zuchtprogrammes der Rasse Pinzgauer

Am 28. April 2015 wurde mit Vertretern der ARGE Pinzgauer ein Zuchtplanungsworkshop organisiert. Im Rahmen der eintägigen Veranstaltung wurden noch einmal die Ergebnisse der Züchterbefragung besprochen und über die Themen Züchterische Nutzung von Gesundheitsdaten bei Pinzgauer und Inzuchtmanagement diskutiert. Ein wesentlicher Schwerpunkt des Workshops lag in der Präsentation von bereits im Vorfeld durchgeführter Zuchtplanungsrechnungen, der Interpretation der Ergebnisse und der Ausarbeitung von Handlungsempfehlungen für die Rasse Pinzgauer.

Abbildung 7.15: Ablaufdiagramm des aktuellen Zuchtprogramms "Pinzgauer AUSTRIA"

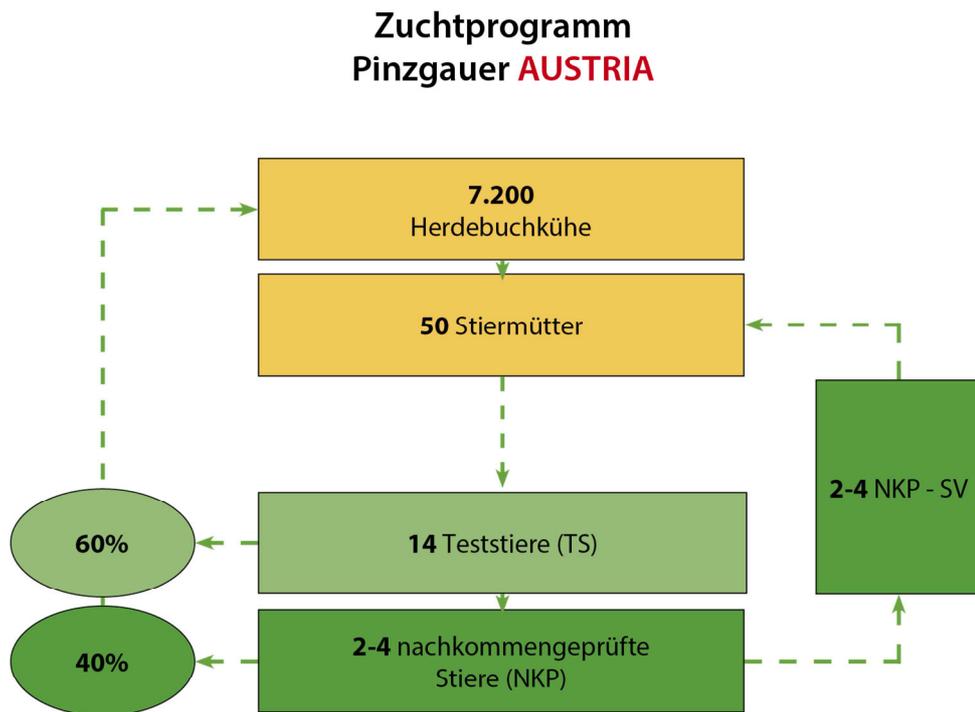


Abbildung 7.15 zeigt das Ablaufdiagramm des aktuellen Zuchtprogramms der Rasse Pinzgauer. Die Recherchen im Vorfeld zu den Zuchtplanungsrechnungen und die Auswertungen im Rahmen der ZuchtData-Jahresberichte zeigen, dass aktuell bloß ein Testanteil von 25% erreicht wird und pro Jahr derzeit 10 Teststiere selektiert werden. Dies führt zu einem Rückgang des zu erwartenden monetären Zuchtfortschritts pro Jahr um 5%.

Sämtliche durchgeführte Zuchtplanungsrechnungen wurden mit dem aktuellen Ist-Zustand in Hinblick auf den monetären Zuchtfortschritt pro Jahr verglichen. Wobei der Ist-Zustand jeweils 100% entspricht.

Folgende Planungsvarianten für das aktuelle NKP-System wurden berechnet:

- Variation des Testanteils und der Anzahl selektierte Teststiere pro Jahr
- Variation der Anzahl selektierter Test- und NKP-Stiere
- Erhöhung des Gewichts auf den Fitness-Block

Tabelle 7.7: Relativer monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr für die Planungsvarianten 25%, 50% und 75% Testanteil sowie 8, 10 oder 12 selektierte Teststiere pro Jahr.

		Testanteil		
		25%	50%	75%
Anzahl Teststiere	12	99,2	102,8	104,1
	10	100,0	103,7	104,7
	8	100,5	104,0	105,1

Tabelle 7.7 zeigt für die Planungsvarianten 25%, 50% und 75% Testanteil sowie 8, 10 oder 12 selektierte Teststiere pro Jahr die Entwicklung des relativen monetären Zuchtfortschritts pro

Jahr. Der aktuelle Ist-Zustand (25% Testanteil und 10 selektierte Teststiere) wurde auf 100% gesetzt. Die Anhebung des Testanteils, speziell im Bereich unter 50%, zeigt die stärkste Auswirkung auf den monetären Zuchtfortschritt, da mit der Anhebung des Testanteils das durchschnittliche Generationsintervall in der Population stark gesenkt werden kann. Weiters erhöht die Anhebung des Testanteils auch die Anzahl Töchter je Teststier aus und wirkt sich so positiv auf die Sicherheit der Zuchtwertschätzung aus.

Die Variation der Anzahl selektierter Teststiere wirkt sich weniger stark auf den erreichbaren Zuchtfortschritt aus. Eine Reduktion der selektierten Teststiere von 10 auf 8 pro Jahr erhöht den erreichbaren monetären Zuchtfortschritt um etwa 0,5%, begünstigt andererseits allerdings auch die Reduktion der genetischen Vielfalt.

Tabelle 7.8: Relativer monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr für die Planungsvarianten 2, 3 oder 4 selektierte NKP-Stiere / Jahr sowie 8, 10 oder 12 selektierte Teststiere pro Jahr

		Anzahl selektierter NKP-Stiere / Jahr		
		2	3	4
Anzahl Teststiere	12	105,2	99,2	95,1
	10	105,4	100,0	96,3
	8	105,4	100,5	97,1

Tabelle 7.8 zeigt für die Planungsvarianten 2, 3 oder 4 selektierte NKP-Stiere pro Jahr sowie 8, 10 oder 12 selektierte Teststiere pro Jahr die Entwicklung des relativen monetären Zuchtfortschritts pro Jahr. Aktuell werden durchschnittlich pro Jahr 3 NKP-Stiere und 10 Teststiere selektiert (entspricht 100%).

Die Variation der Anzahl selektierter NKP-Stiere pro Jahr wirkt sich primär aus zwei Gründen äußerst stark auf den erzielbaren Zuchtfortschritt aus:

1. Bei allen neun dargestellten Varianten ist ein Teststieranteil von 25% unterstellt. Dies bedeutet, dass 75% der Herdebuchkühe mit NKP-Stieren besamt werden und entspricht dem aktuellen Ist-Zustand. Eine durchaus wünschenswerte Erhöhung des Testanteils würde deshalb die Wirkung der Variation der Anzahl selektierter NKP-Stiere etwas abschwächen.
2. Die Auswirkung der Selektionsintensität auf den Zuchtfortschritt pro Generation weist einen exponentiellen Verlauf auf. Mit 2-4 selektierten NKP-Stieren pro Jahr ist bereits eine derart hohe Selektionsintensität erreicht, dass eine weitere Reduktion der selektierten Stiere den Zuchtfortschritt äußerst stark antreibt. Allerdings steigt auch das Inzucht-Risiko sehr stark an. In Hinblick auf die Erhaltung der genetischen Variation ist eine weitere Reduktion der Anzahl selektierter NKP-Stiere durchaus kritisch zu betrachten.

Tabelle 7.9: Naturaler Zuchtfortschritt pro Jahr für die Merkmale Fettmenge (Fkg), Eiweißmenge (Ekg), Nettotageszunahme (NTZ), EUROP-Handelsklasse (HKL), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Nutzungsdauer (ND), Persistenz (PERS), Fruchtbarkeit (FRU-I), Kalbeverlauf paternal und maternal (KVLp, KVLm), Totgeburtenrate paternal und maternal (TOTp, TOTm) sowie Zellzahl (ZZ) für die Planungsvarianten aktuelles Zuchtprogramm, um 50% erhöhte wirtschaftliche Gewichte aller Merkmale im Fitness-Block (+50%) und verdoppelte wirtschaftliche Gewichte aller Merkmale im Fitness-Block (+100%) für die Rasse Pinzgauer

Milch	aktuell	+50%	+100%	Fitness	aktuell	+50%	+100%
Fkg	2,72	2,18	1,65	ND	9,00	14,17	17,62
Ekg	2,18	1,76	1,35	PERS	0,28	0,38	0,45
				FRU-I	-0,08	0,09	0,23
Fleisch				KVLp	0,00	0,00	0,00
NTZ	3,02	2,71	2,36	KVLm	0,01	0,01	0,01
HKL	0,005	0,003	0,002	TOTp	-0,02	-0,02	-0,02
				TOTm	0,05	0,07	0,08
DMG	0,01	0,01	0,01	ZZ	-0,14	0,08	0,25

Tabelle 7.10: Relativer monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr für die Planungsvarianten aktuelles Zuchtprogramm, um 50% erhöhte wirtschaftliche Gewichte aller Merkmale im Fitness-Block (+50%) und verdoppelte wirtschaftliche Gewichte aller Merkmale im Fitness-Block (+100%) für die Rasse Pinzgauer

	aktuell	+50%	+100%
relativer mon. ZF/J	100,00	97,90	92,01

Zur Abschätzung der Auswirkungen einer weiteren Erhöhung der wirtschaftlichen Gewichte der Fitnessmerkmale wurden drei Planungsvarianten miteinander verglichen:

1. aktueller Ist-Zustand des Zuchtprogramms
2. eine Erhöhung der wirtschaftlichen Gewichte sämtlicher Merkmale im Fitnessblock um 50%
3. eine Verdopplung der wirtschaftlichen Gewichte sämtlicher Merkmale im Fitnessblock

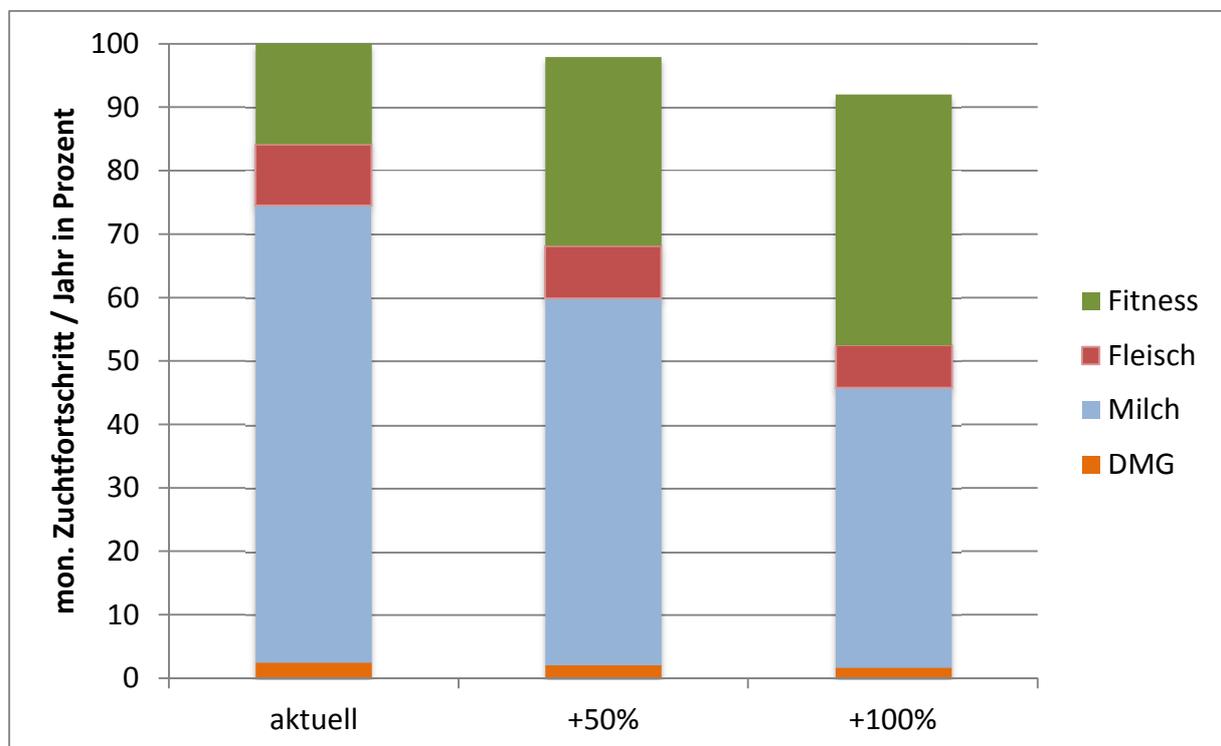
Tabelle 7.9 zeigt die zu erwartenden naturalen Zuchtfortschritte sämtlicher Einzelmerkmale im GZW für die drei Planungsvarianten. Während der naturale Zuchtfortschritt für Fett- und Eiweißmenge sowie Nettotageszunahmen bei einer Verdopplung des wirtschaftlichen Gewichts des Fitnessblocks um 1,07kg, 0,83kg bzw. 0,66g pro Jahr abnimmt, erhöht sich der Zuchtfortschritt speziell bei den Merkmalen Nutzungsdauer (+8,62 Tage), Fruchtbarkeit (+0,31 Indexpunkte) und Zellzahl (+0,39 Indexpunkte).

Die ungleiche Auswirkung der Erhöhung der wirtschaftlichen Gewichte innerhalb des Fitnessblocks liegt primär am Versuchsdesign. Unterstellt wurde hierbei eine gleiche relative Erhöhung der wirtschaftlichen Gewichte aller Einzelmerkmale im Fitnessblock um 50% bzw. 100%. Bei jenen Merkmalen, die bereits zuvor ein relativ hohes Gewicht im Vergleich zu den

anderen Merkmalen im Fitnessblock hatten, wirkte sich diese relative Erhöhung deshalb überproportional stark aus.

Die Verschiebung des erreichbaren Zuchtfortschritts von den Milchmerkmalen zu den Fitnessmerkmalen führt insgesamt zu einer Reduktion des gesamten monetären Zuchtfortschritts pro Jahr um ca. 2% bzw. 8% (siehe Tabelle 7.10). Abbildung 7.16 stellt diese Abnahme des gesamten monetären Zuchtfortschritts pro Jahr bei Erhöhung des Gewichts auf den Fitnessblock grafisch dar.

Abbildung 7.16: Verteilung des monetären Zuchtfortschritts auf die Merkmalsblöcke Fitness, Fleisch, Milch und durchschnittliches Minutengemelk (DMG) für die Planungsvarianten aktuelles Zuchtprogramm, um 50% erhöhte wirtschaftliche Gewichte aller Merkmale im Fitness-Block (+50%) und verdoppelte wirtschaftliche Gewichte aller Merkmale im Fitness-Block (+100%) für die Rasse Pinzgauer



Ein weiterer Schwerpunkt der Zuchtplanungsrechnungen lag in der Abschätzung des Potentials eines genomischen Zuchtprogramms für die Rasse Pinzgauer. Die Überlegenheit von genomischen Zuchtprogrammen bezüglich erzielbaren Zuchtfortschritt pro Jahr basiert im Wesentlichen auf folgenden drei Punkten:

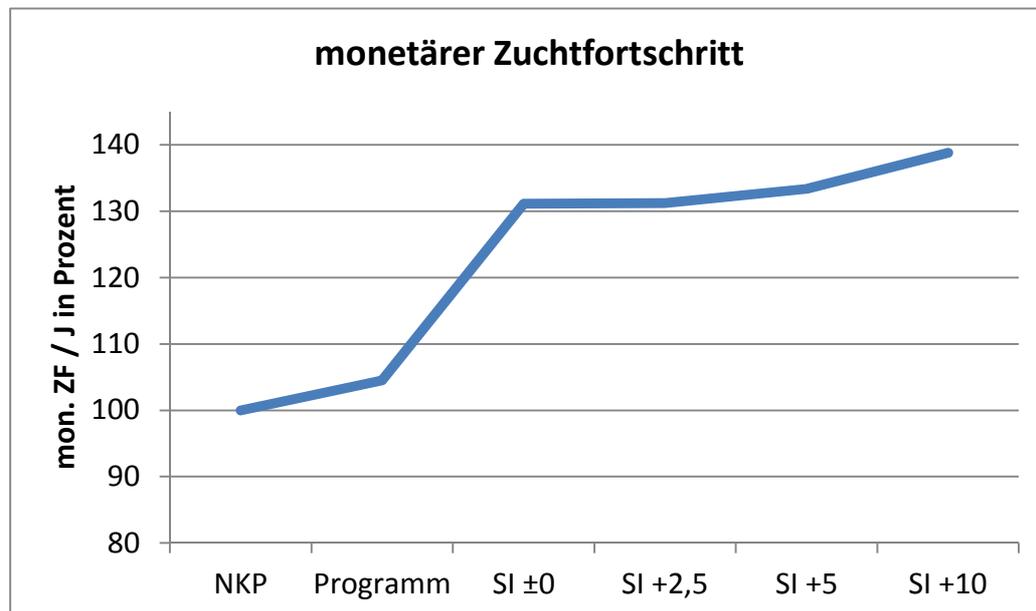
1. Verkürzung des Generationsintervalls
2. Stärkere Selektionsintensität, speziell bei der Remontierung der Jungtiere aus den genotypisierten Kandidaten
3. Steigerung der Sicherheit der Zuchtwertschätzung durch zusätzliche Informationen aus der Genotypisierung

Da der Sicherheitszuwachs durch die Genotypisierung für Rassen mit derart kleinen Populationsgrößen wie Pinzgauer kaum abgeschätzt werden kann, es allerdings davon

auszugehen ist, dass dieser relativ gering (unter 5%) ausfallen würde, wurden vier verschiedene Modellrechnungen erstellt: GS-Programm ohne Sicherheitszuwachs und drei GS-Varianten mit steigendem Sicherheitszuwachs. Diese GS-Varianten wurden dem aktuellen Ist-Zustand und dem ursprünglich definierten Zuchtprogramm gegenübergestellt.

Abbildung 7.18 zeigt, dass der große Sprung im monetären Zuchtfortschritt pro Jahr zwischen den aktuell definierten Zuchtprogramm und der GS-Variante ohne Sicherheitszuwachs erfolgt. Dies legt nahe, dass der Vorteil eines genomischen Zuchtprogramms im Wesentlichen aus der Reduktion des Generationsintervalls und der Steigerung der Selektionsintensität resultiert und nur zu einem geringen Teil aus einem möglichen Sicherheitszuwachs. Deshalb wäre aus ökonomischer Sicht in diesem Fall die Einführung eines Jungstierprogramms ohne Genotypisierung (Einsatz von Jungstieren deren Zuchtwerte auf den Ahnenindex beruhen und einem dementsprechend hohen Risiko aufgrund niedriger Sicherheiten in der Zuchtwertschätzung, allerdings ohne die Mehrkosten für Genotypisierung) der Einführung eines GS-Programms vorzuziehen. Allerdings erhöht sich dadurch das Risiko für den einzelnen Züchter, da großflächig Tiere mit sehr unsicher geschätzten Zuchtwerten zum Einsatz kommen müssten.

Abbildung 7.18: Relativer monetärer Zuchtfortschritt des aktuellen Ist-Zustands (NKP), des ursprünglich definierten Zuchtprogramms (Programm), einem GS-Zuchtprogramm ohne Sicherheitszuwachs durch Genotypisierung (SI ±0) und drei GS-Programmen mit Sicherheitszuwächsen von 2,5%, 5% und 10% (SI +0, SI +5, SI +10) für die Rasse Pinzgauer



Aufgrund der vorliegenden Ergebnisse und der hohen Investitionskosten bei relativ geringem Nutzen wird die Einführung eines genomischen Zuchtprogramms derzeit als unrealistisch erachtet und von Seiten der Wissenschaft nicht empfohlen. Aktuell stellt die Erhöhung des Testanteils den mächtigsten Hebel zur Steigerung des Zuchtfortschritts dar. Daher wird empfohlen den Testanteil auf etwa 50% zu erhöhen.

7.6.13 Optimierung des Zuchtprogrammes der Rasse Grauvieh

Am 27. April 2015 wurde mit Vertretern des Tiroler Grauviehzuchtverbands ein Zuchtplanungsworkshop organisiert. Im Rahmen der eintägigen Veranstaltung wurden noch einmal die Ergebnisse der Züchterbefragung besprochen und über die Themen Züchterische Nutzung von Gesundheitsdaten bei Grauvieh und Inzuchtmanagement diskutiert. Ein wesentlicher Schwerpunkt des Workshops lag in der Präsentation von bereits im Vorfeld durchgeführter Zuchtplanungsrechnungen, der Interpretation der Ergebnisse und der Ausarbeitung von Handlungsempfehlungen für die Rasse Pinzgauer.

Abbildung 7.19: Ablaufdiagramm des aktuellen Zuchtprogramms "Grauvieh AUSTRIA"

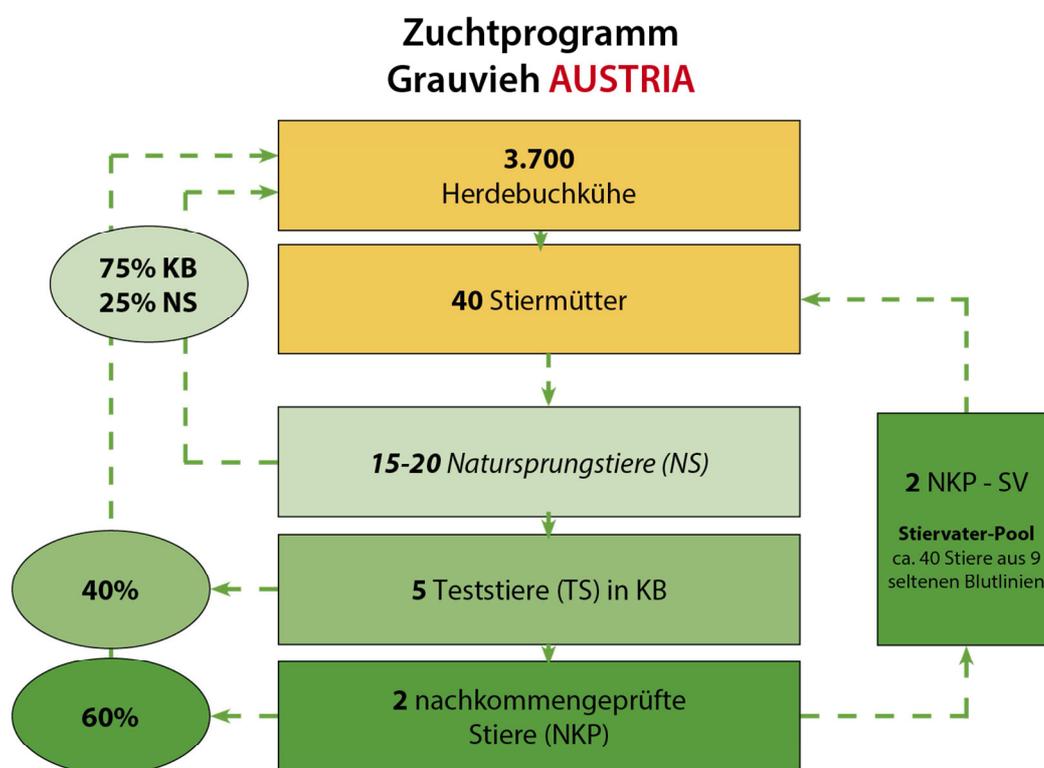


Abbildung 7.19 zeigt das Ablaufdiagramm des aktuellen Zuchtprogramms der Rasse Grauvieh. Insgesamt besteht ein Pool an 115-120 Stiermütter, dies entspricht im Durchschnitt einer Selektion von 40 Stiermüttern und einer 3-jährigen Nutzung als Stiermutter. Aus den geborenen Stierkälbern werden pro Jahr 15-20 Stiere gekört. Sämtliche gekörten Stiere gehen in den Natursprungeinsatz (NS), wobei 5 dieser gekörten Stiere zusätzlich als Teststiere in der künstlichen Besamung (KB) eingesetzt werden. 75% der Herdebuchkühe werden künstliche besamt. Pro Jahr werden 2 NKP-Stiere selektiert, wobei meist beide NKP-Stiere in den Pool der Stierväter aufgenommen werden. Dieser Pool gliedert sich in 9 seltene Blutlinien und umfasst etwa 40 Stiere. Für die Zuchtplanungsrechnungen wurde unterstellt, dass die selektierten Stierväter durchschnittlich 10 Jahre genutzt werden.

Sämtliche durchgeführte Zuchtplanungsrechnungen wurden mit dem aktuellen Ist-Zustand in Hinblick auf den monetären Zuchtfortschritt pro Jahr verglichen. Wobei der Ist-Zustand jeweils 100% entspricht.

Folgende Planungsvarianten für das aktuelle NKP-System wurden berechnet:

- Variation des Testanteils und Nutzungsdauer der NKP-Stiere als Stierväter
- Variation der Nutzungsdauer der NKP-Stier für Paarungen mit Herdebuchkühen und Stiermüttern
- Erhöhung des Gewichts auf den Fitness-Block

Tabelle 7.14: Relativer monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr für die Planungsvarianten 40%, 60% und 80% Testanteil sowie einer Nutzungsdauer der NKP-Stiere als Stierväter von 6, 8 oder 10 Jahren

		Testanteil		
		40%	60%	80%
ND der NKP- Stiere als SV	6 J.	106,4	110,5	113,4
	8 J.	103,1	106,8	109,6
	10 J.	100,0	103,5	106,2

Tabelle 7.14 zeigt für die Planungsvarianten 40%, 60% und 80% Testanteil sowie einer Nutzungsdauer der NKP-Stiere als Stierväter von 6, 8 oder 10 Jahren die Entwicklung des relativen monetären Zuchtfortschritts pro Jahr. Der aktuelle Ist-Zustand (40% Testanteil und 10-jährige Nutzung der NKP-Stiere als Stierväter) wurde auf 100% gesetzt. Die Erhöhung des Testanteils sowie auch die Reduktion der Nutzungsdauer der NKP-Stiere zeigen sich als starke Hebel für die Erhöhung des Zuchtfortschritts. Da das Zuchtziel von Grauvieh ein starkes Gewicht auf funktionale Merkmale legt, die naturgemäß eine eher geringe Heritabilität aufweisen, birgt der vermehrte Einsatz von jungen Stieren mit relativ unsicher geschätzten Zuchtwerten ein höheres Risiko als bei anderen Rassen. Eine Kombination der Reduktion der Nutzungsdauer der NKP-Stiere als Stierväter und dem Konzept der Anpaarung mit unterschiedlichen Blutlinien stellt aufgrund des dadurch reduzierten Stierpools eine gewisse Herausforderung dar. Dies sollte allerdings mit modernen Methoden des Inzucht-Managements (siehe Arbeitspaket 4: Inzuchtmanagement (Optimum Gene Contribution)) gut unterstützt werden können.

Tabelle 7.15: Relativer monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr für die Planungsvarianten mit unterschiedlicher Nutzungsdauer (ND) der NKP-Stiere: 3, 4 oder 5 Jahre als Paarungspartner an Herdebuchkühen und 6, 8 oder 10 Jahre als Stierväter

		ND NKP-Stiere an Herdebuchkühe		
		3 J.	4 J.	5 J.
ND NKP-Stiere als SV	6 J.	107,8	107,0	106,4
	8 J.	104,5	103,8	103,1
	10 J.	101,4	100,6	100,0

Tabelle 2.15 zeigt für unterschiedliche Nutzungsdauern der NKP (3, 4 oder 5 Jahre als Paarungspartner an Herdebuchkühen und 6, 8 oder 10 Jahre als Stierväter) den erzielbaren monetären Zuchtfortschritt pro Jahr relativ zur aktuellen Ist-Situation. Eine Reduktion der Nutzungsdauer wirkt sich bei der Verwendung als Stiervater viel stärker aus als bei der Verwendung als Anpaarungspartner an Herdebuchkühe. Dies liegt auch am generell höheren Niveau der Nutzungsdauer der NKP-Stiere als Stiervater.

Tabelle 7.16: Natürlicher Zuchtfortschritt pro Jahr für die Merkmale Fettmenge (Fkg), Eiweißmenge (Ekg), Nettotageszunahme für Ochsen und Kälber (NTZo, NTZk), EUROP-Handelsklasse für Ochsen und Kälber (HKLo, HKLk), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Nutzungsdauer (ND), Persistenz (PERS), Fruchtbarkeit (FRU-I), Kalbeverlauf paternal und maternal (KVLp, KVLm), Totgeburtenrate paternal und maternal (TOTp, TOTm) sowie Zellzahl (ZZ) für die Planungsvarianten aktuelles Zuchtprogramm, um 50% erhöhte wirtschaftliche Gewichte aller Merkmale im Fitness-Block (+50%) und verdoppelte wirtschaftliche Gewichte aller Merkmale im Fitness-Block (+100%) für die Rasse Grauvieh

Milch	aktuell	+50%	+100%	Fitness	aktuell	+50%	+100%
Fkg	1,17	0,62	0,23	ND	11,34	15,10	17,08
Ekg	0,96	0,54	0,24	PERS	0,56	0,69	0,75
				FRU-I	0,24	0,42	0,52
Fleisch				KVLp	0,00	0,00	0,00
NTZo	1,46	1,20	0,98	KVLm	0,01	0,01	0,01
HKLo	0,01	0,01	0,01	TOTp	-0,02	-0,02	-0,01
NTZk	3,23	2,62	2,12	TOTm	0,07	0,09	0,10
HKLk	0,02	0,01	0,01	ZZ	0,30	0,52	0,65
DMG	0,01	0,00	0,00				

Tabelle 7.17: Relativer natürlicher Zuchtfortschritt pro Jahr (als Summer in additiv genetischer Standardabweichungen) für die Planungsvarianten aktuelles Zuchtprogramm, um 50% erhöhte wirtschaftliche Gewichte aller Merkmale im Fitness-Block (+50%) und verdoppelte wirtschaftliche Gewichte aller Merkmale im Fitness-Block (+100%) für die Rasse Grauvieh

	aktuell	+50%	+100%
relativer nat. ZF/J	100,00	93,30	85,41

Zur Abschätzung der Auswirkungen einer weiteren Erhöhung der wirtschaftlichen Gewichte der Fitnessmerkmale wurden drei Planungsvarianten miteinander verglichen:

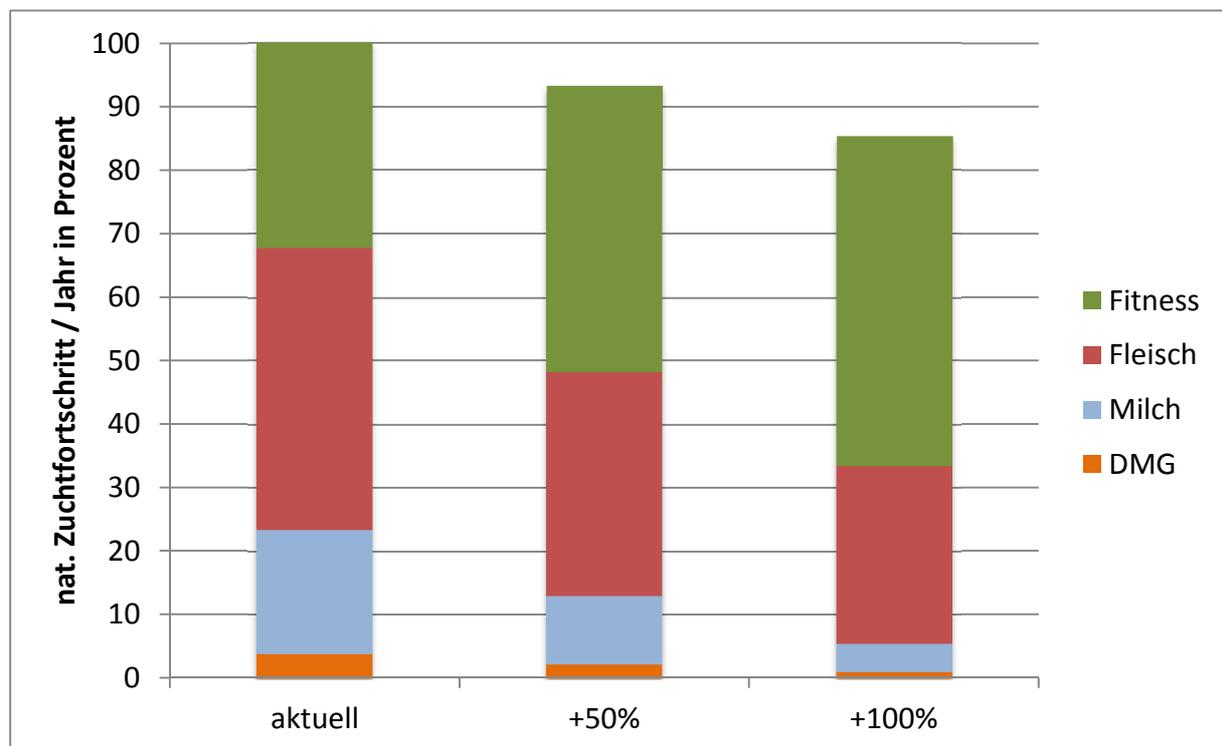
1. aktueller Ist-Zustand des Zuchtprogramms
2. eine Erhöhung der wirtschaftlichen Gewichte sämtlicher Merkmale im Fitnessblock um 50%
4. eine Verdopplung der wirtschaftlichen Gewichte sämtlicher Merkmale im Fitnessblock

Tabelle 7.16 zeigt die zu erwartenden natürlichen Zuchtfortschritte sämtlicher Einzelmerkmale im GZW für die drei Planungsvarianten. Der natürliche Zuchtfortschritt für Fett- und Eiweißmenge nimmt bei einer Verdopplung des wirtschaftlichen Gewichts des Fitnessblocks um 0,94kg bzw. 0,72g pro Jahr ab. Ebenfalls für die Nettotageszunahme für Ochsen und Kälber ist ein merkbarer Rückgang des natürlichen Zuchtfortschritts um 0,48g bzw. 1,11g feststellbar. Währenddessen erhöht sich der Zuchtfortschritt speziell bei den Merkmalen Nutzungsdauer (+5,74 Tage), Fruchtbarkeit (+0,28 Indexpunkte) und Zellzahl (+0,35 Indexpunkte).

Die ungleiche Auswirkung der Erhöhung der wirtschaftlichen Gewichte innerhalb des Fitnessblocks liegt primär am Versuchsdesign. Unterstellt wurde hierbei eine gleiche relative Erhöhung der wirtschaftlichen Gewichte aller Einzelmerkmale im Fitnessblock um 50% bzw. 100%. Bei jenen Merkmalen, die bereits zuvor ein relativ hohes Gewicht im Vergleich zu den anderen Merkmalen im Fitnessblock hatten, wirkte sich diese relative Erhöhung deshalb überproportional stark aus.

Die Verschiebung des erreichbaren Zuchtfortschritts von den Milchmerkmalen zu den Fitnessmerkmalen führt insgesamt zu einer Reduktion des gesamten natürlichen Zuchtfortschritts pro Jahr (als Summer in additiv genetischer Standardabweichungen) um 6,7% bzw. 14,6% (siehe Tabelle 7.17). Abbildung 7.20 stellt diese Abnahme des gesamten natürlichen Zuchtfortschritts pro Jahr bei Erhöhung des Gewichts auf den Fitnessblock grafisch dar.

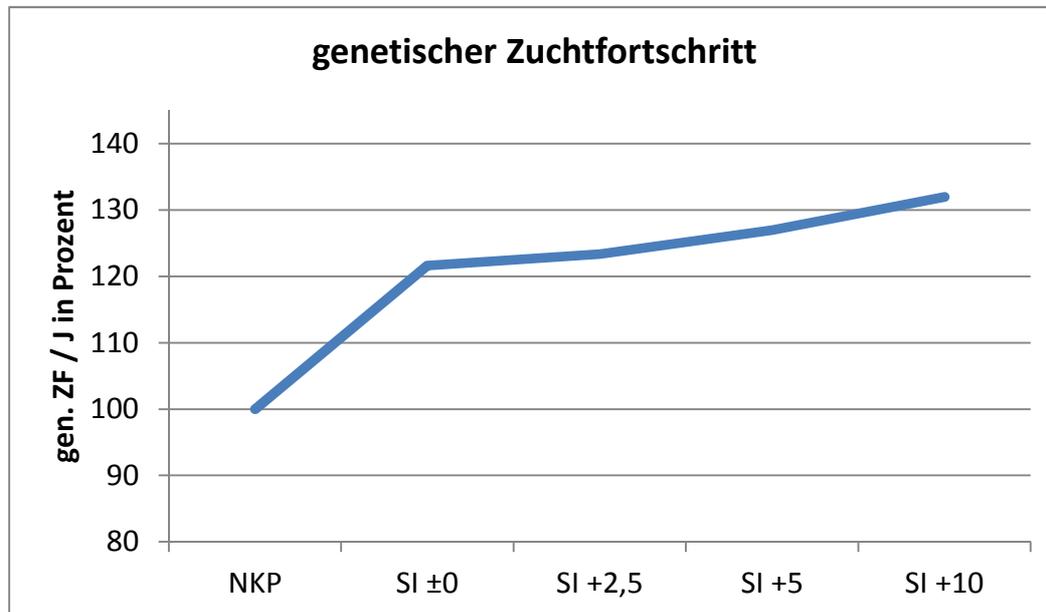
Abbildung 7.20: Verteilung des monetären Zuchtfortschritts auf die Merkmalsblöcke Fitness, Fleisch, Milch und durchschnittliches Minutengemelk (DMG) für die Planungsvarianten aktuelles Zuchtprogramm, um 50% erhöhte wirtschaftliche Gewichte aller Merkmale im Fitness-Block (+50%) und verdoppelte wirtschaftliche Gewichte aller Merkmale im Fitness-Block (+100%) für die Rasse Grauvieh



Ein weiterer Schwerpunkt der Zuchtplanungsrechnungen lag in der Abschätzung des Potentials eines genomischen Zuchtprogramms für die Rasse Grauvieh. Bei den Modellrechnungen zeigte sich der selbe Trend wie bei der Rasse Pinzgauer.

Abbildung 7.21 zeigt, dass der große Sprung im monetären Zuchtfortschritt pro Jahr zwischen dem aktuellen NKP-System und der GS-Variante ohne Sicherheitszuwachs erfolgt. Dies legt nahe, dass der Vorteil eines genomischen Zuchtprogramms im Wesentlichen aus der Reduktion des Generationsintervalls und der Steigerung der Selektionsintensität resultiert und nur zu einem geringen Teil aus einem möglichen Sicherheitszuwachs. Deshalb wäre aus ökonomischer Sicht in diesem Fall die Einführung eines Jungstierprogramms ohne Genotypisierung (Einsatz von Jungstieren deren Zuchtwerte auf den Ahnenindex beruhen und einem dementsprechend hohen Risiko aufgrund niedriger Sicherheiten in der Zuchtwertschätzung, allerdings ohne die Mehrkosten für Genotypisierung) der Einführung eines GS-Programms vorzuziehen. Allerdings erhöht sich dadurch das Risiko für den einzelnen Züchter, da großflächig Tiere mit sehr unsicher geschätzten Zuchtwerten zum Einsatz kommen müssten. Speziell für eine Rasse wie Grauvieh, die ihr Zuchtziel stärker im Bereich der Verbesserung von Fitnessmerkmalen sieht, wäre ein derartiges Jungstierprogramm äußerst kritisch zu betrachten.

Abbildung 7.21: Relativer monetärer Zuchtfortschritt des aktuellen Ist-Zustands (NKP), einem GS-Zuchtprogramm ohne Sicherheitszuwachs durch Genotypisierung (SI ±0) und drei GS-Programmen mit Sicherheitszuwächsen von 2,5%, 5% und 10% (SI +0, SI +5, SI +10) für die Rasse Grauvieh



Generell ist festzuhalten, dass das Zuchtprogramm der Rasse Grauvieh bereits jetzt sehr gut in die Praxis umgesetzt wird. Aufgrund der vorliegenden Ergebnisse und der hohen Investitionskosten bei relativ geringem Nutzen wird die Einführung eines genomischen Zuchtprogramms derzeit als unrealistisch erachtet und von Seiten der Wissenschaft nicht empfohlen. Aktuell stellen die Erhöhung des Testanteils und die Reduktion der Nutzungsdauer der NKP-Stiere als Stierväter die mächtigsten Hebel zur Steigerung des Zuchtfortschritts dar. Speziell die Reduktion der Nutzungsdauer der NKP-Stiere ließe sich kombiniert mit modernen Methoden des Inzucht-Managements (siehe Arbeitspaket 4: Inzuchtmanagement (Optimum Gene Contribution)) gut in die Praxis umsetzen.

7.7 Publikationen

Egger-Danner C., Fürst C., Schwarzenbacher H. und Fürst-Waltl, B. (2015): Neue Herausforderungen in der Zucht – welche aktuellen Maßnahmen setzt die RINDERZUCHT AUSTRIA? In: Höhere Bundeslehr- und Forschungsanstalt für Landwirtschaft Raumberg-Gumpenstein, 42. Viehwirtschaftliche Fachtagung, 13-22 <http://www.raumberg-gumpenstein.at> ISBN: 978-3-902849-18-2.

Thomassen JR., Willam A., Egger-Danner C. und Sørensen A.C. (2015). Reproductive technologies combine well with genomic selection in dairy cattle breeding programs. J. Dairy Sci submitted.

Egger-Danner C., Schwarzenbacher H., Fürst C. und Willam A. (2015). Management von Erbfehlern im Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA: Ergebnisse von Modellrechnungen. Züchtungskunde, 87, (3) S.201-2014.

Egger-Danner C., Cole J.B., Pryce J.E., Gengler N., Heringstad B., Bradley A. und Stock K.F. (2014): Invited review: overview of new traits and phenotyping strategies in dairy cattle with a focus on functional traits. *Animal*. 12:1-17. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25387784>.

Egger-Danner C., Schwarzenbacher H., Fuerst C. und Willam A. (2014). Analysis of breeding strategies against genetic disorders in Austrian Fleckvieh cattle. In Proceedings of the 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production: 17.08 - 22.08. 2014, Vancouver, Canada.

Thomasen J.R. , Egger-Danner C. , Willam A., Guldbbrandtsen B., Lund M.S. und Sørensen A. C. (2014): Genomic selection strategies in a small dairy cattle population evaluated for genetic gain and profit. *J. Dairy Sci.* 2014: 97 (1) 458-470.

Egger-Danner C., Hansen O.K., Stock K., Pryce J., Cole J., Gengler N. und Heringstad B. (2013): Challenges and benefits of health data recording in the context of food chain quality, management and breeding. ICAR Technical Series No 17. ISBN: 92-95014-13-8.

Egger-Danner C., Cole J.B., Pryce J.E., Gengler N., Heringstad B., Bradley A. und Stock, K.F. (2013): Which phenotypes will be available in the near future? Joint Session EAAP and Interbull in Nantes, August, 2013. http://interbull2.slu.se/www/v1/images/stories/nantes/JOINT-PDF/S10_3_Egger-Danner.pdf

Egger-Danner C. (2013). Zucht auf Fitness und Robustheit. Tierzuchtsymposium 2013: Tiere züchten - High Tech und Verantwortung. Grub, München (DEU). 6.12.2013.

Egger-Danner C, Schwarzenbacher H und Willam A. (2014): Short communication: Genotyping of cows to speed up availability of GEBV for direct health traits in Austrian Fleckvieh (Simmental) cattle – genetic and economic aspects. *Journal of Dairy Science* 97, 4552-4556.

Steininger, F., Willam A., Fuerst, C., Schwarzenbacher, H., Egger-Danner, C. (2014): Genomisches Zuchtprogramm für Braunvieh Austria – Möglichkeiten zur Verbesserung von Fitness und Gesundheit. Genomic breeding program in Austrian Brown Swiss – possibilities to improve fitness and health. [Europakongress der Braunviehzüchter, Kempten/Allgäu (DEU), 28.-30.03.2014] In: Arbeitsgemeinschaft Deutsches Braunvieh, Kongressband / Congress Edition vom Europakongress der Braunviehzüchter, 34-38.

Egger-Danner C. und Willam A. (2012): Zuchtprogramme und genomische Selektion: Fokus Tiergesundheit. In: 3-Länder-/ZAR-Seminar, <http://www.zar.at/download/Seminar2012.pdf>

Egger-Danner, C., A. Willam, C. Fuerst, H. Schwarzenbacher und Fuerst-Waltl, B. (2012): Effect of breeding strategies using genomic information on fitness and health. *J. Dairy Sci.* 95: 4600-4609.

Egger-Danner C., Fuerst-Waltl B., Obritzhauser W., Fuerst C., Schwarzenbacher H., Grassauer, B., Mayerhofer, M. und Koeck, A. (2012): Recording of direct health traits in Austria – Experience report with emphasis on aspects of availability for breeding purposes. *J. Dairy Sci.* 95:2765-2777.

Egger C., Fuerst C. und Schwarzenbacher H. (2012): Die robuste Fleckviehkuh – Zucht auf Fitness und Gesundheit. 19. Weltfleckviehkongress, Landshut, DEU. 22.9.2012

Egger-Danner, C., Schwarzenbacher, H., und Willam. A. (2012): Genotyping of cows to speed up the availability of GEBVs for direct health traits – genetic and economic aspects based on Fleckvieh (Simmental) AUSTRIA. 63. Europäischer Tierzuchtkongress in Bratislava, 2012.

Schwarzenbacher, H. (2012). Ein Jahr genomische Zuchtwertschätzung beim Fleckvieh: Risikomanagement und Ergebnisse aus Zuchtwertvalidierungen. *AGÖF-Mitteilungen*, 3/2012.

8 Arbeitspaket 4: Inzuchtmanagement (Optimum Gene Contribution)

8.1 Ziele und geplante Maßnahmen

1. Vergleich verschiedener Optimum Contribution (OC) Ansätze und vorhandener Software sowie gegebenenfalls Erweiterung und Verbesserung vorhandener Ansätze
2. Integration von genomischer Information in Optimum Contribution Ansätze
3. Erarbeitung der gewünschten Funktionalität bzw. notwendiger Algorithmen einer RDV-Onlineanwendung.

8.2 Zusammenfassung

Es wurden verschiedene Programme für die Implementierung von Inzuchtmanagement über Optimum Contributions verglichen. Aufgrund der Eignung für große Pedigrees, der Stabilität des Programmes und der Möglichkeit der Einbeziehung von Genomdaten wurde das Programm EVA für die weiteren Arbeiten ausgewählt.

Mit diesem Programm wurden für die Rassen Fleckvieh, Braunvieh, Pinzgauer und Grauvieh Optimum Contributions Ansätze implementiert und auf die aktuellen Populationen angewendet. Bei den Rassen Fleckvieh und Braunvieh wurde bei der Implementierung speziell auf genomische Zuchtprogramme Rücksicht genommen. So wurde für genotypisierte Kandidaten ein approximiertes Verfahren entwickelt, welches die Berechnung eines Rangs nach OC für jedes Tier erlaubt. Dieser Rang könnte in Zukunft eine maßgebliche Information bei der Ankaufsentscheidung von Besamungsstationen werden. Bei Braunvieh wurde die Einbeziehung von Genominformation verglichen mit der Berücksichtigung von konventioneller Verwandteninformation. Aus den Ergebnissen wurde geschlussfolgert, dass der hohe zusätzliche Aufwand für die Erstellung einer genombasierten Verwandtschaftsmatrix die relativ geringe Verbesserung des Inzuchtmanagements über die Einbeziehung von Genominformation derzeit nicht rechtfertigt.

Bei Pinzgauer und Grauvieh wurde die Optimierung für die klassischen Nachkommenprüfprogramme mit konventionellen Verwandtschaften und Zuchtwerten durchgeführt.

Die Ergebnisse wurden den Rassedachverbänden vorgestellt und mit ihnen diskutiert. Verbesserungsvorschläge wurden aufgegriffen und in die Implementierung eingearbeitet.

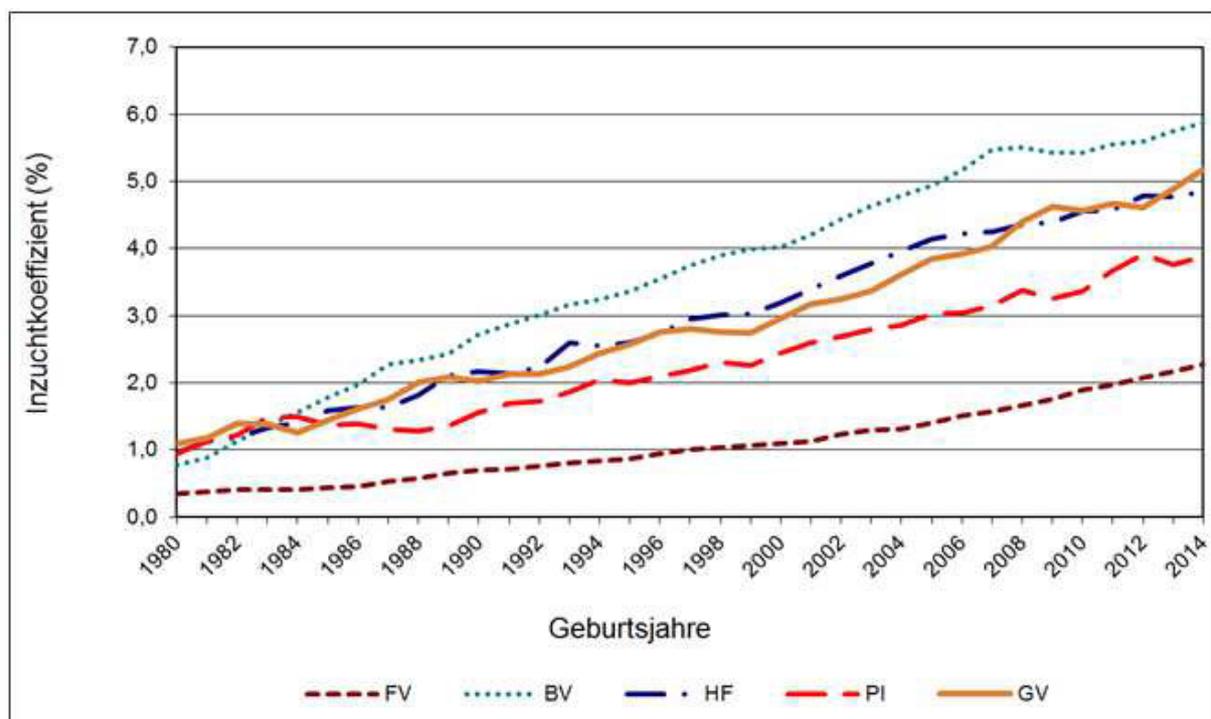
8.3 Einleitung

Selektion in geschlossenen Populationen führt unweigerlich zur Steigerung des Inzuchtniveaus. Dieser Inzuchtanstieg ist jedoch nicht per se negativ zu sehen. Schließlich wird er unter anderem dadurch verursacht, dass gewünschte Allelvarianten in der Population angereichert werden, also vermehrt in homozygotem Zustand bei Tieren

auftreten. In der praktischen Rinderzucht ist vor allem die Selektion über den Pfad der Stierväter und Stiermütter entscheidend für die Inzuchtentwicklung einer Population. In der Vergangenheit konnte immer wieder beobachtet werden, dass sich Genanteile von herausragenden Tieren in der aktiven Zuchtpopulation stark anreichern können. Wie bereits oben erwähnt ist dies durchaus erwünscht, da Genanteile von Tieren die stark von ihrem Elternmittel abweichen besonders viel zum zukünftigen Zuchtfortschritt beitragen sollen.

Aus der Abbildung 8.1 ist die Inzuchtentwicklung im Zeitraum 1980 bis 2014 für die österreichischen Rassen dargestellt. Bei Fleckvieh und Pinzgauer fallen das niedrige Inzuchtniveau und die langsame Inzuchtsteigerung auf. Auch bei Grauvieh ist das Inzuchtniveau unter Berücksichtigung der Populationsgröße als gering zu beurteilen. Lediglich Braunvieh und Holstein zeigt ein etwas höheres Niveau bei knapp 5% und darüber.

Abbildung 8.1: Inzuchtentwicklung bei den Rinderrassen in Österreich (ZuchtData Jahresbericht, 2014)



Inzucht hat jedoch auch negativ zu beurteilende Folgen auf eine Zuchtpopulation. Es sind dies die Inzuchtdepression, das erhöhte Risiko der phänotypischen Ausprägung von homozygot rezessiven Gendefekten und der Verlust an genetischer Variabilität. Die Auswirkungen der Inzuchtdepression mit rund 7 kg Milch bzw. rund 5 Tagen Nutzungsdauer pro Prozent Inzuchtsteigerung (Fürst und Sölkner 1994) sind beim jetzigen Inzuchtniveau der hier untersuchten Rassen als vernachlässigbar gering einzustufen. Ebenso kann die erhöhte Rate von rezessiven Defektallelen, die in homozygotem Zustand phänotypisch zur Ausprägung kommen, als durchaus vorteilhaft betrachtet werden, da damit eine frühere Detektion der Erbfehler einhergehen kann. Bei bekannten Erbfehlern wird das Inzuchtniveau in einer Population immer unwichtiger, da heute über Anpaarungsprogramme Risikopaarungen für bekannte Erbfehler effizient vermieden werden können. Die wohl

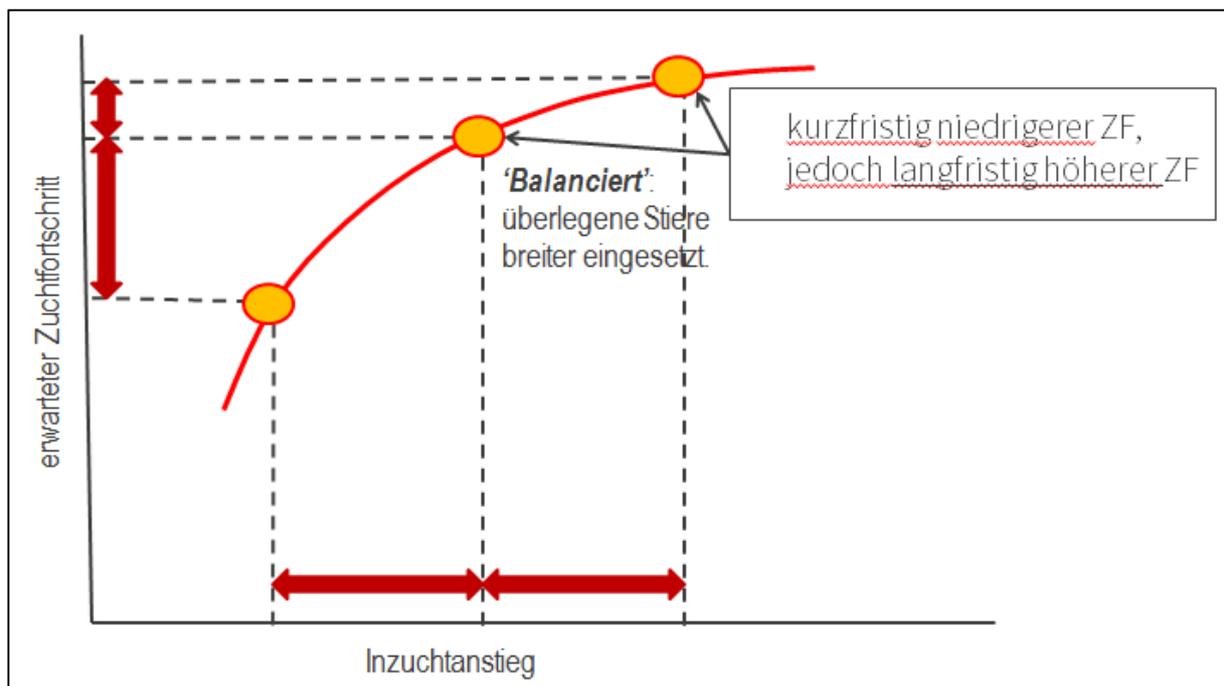
größte Bedeutung kommt daher der Erhaltung einer möglichst großen genetischen Variabilität zu, da dies die Grundlage des zukünftigen Zuchtfortschritts ist.

Die Einführung der genomischen Selektion bei den Rassen Fleckvieh und Braunvieh hat die Selektionsintensität am Selektionspfad der Stierväter und zunehmend auch der Stiermutter erheblich gesteigert. Außerdem wurde der Generationsintervall deutlich reduziert. Beide Parameter werden den Inzuchtanstieg pro Jahr erhöhen. Zudem ist zu erwarten, dass Reproduktionstechnologien wie etwa Ovum Pick Up weiter an Bedeutung gewinnen werden (Thomassen und Sorensen, 2014). Die damit einhergehende erhöhte Reproduktionsrate auf der weiblichen Seite hat das Potenzial den Inzuchtanstieg weiter zu erhöhen.

Über OC Ansätze kann sichergestellt werden, dass der Beitrag überlegener Ahnen zum zukünftigen Genpool, bei einer gegebenen Gewichtung auf Inzuchtvermeidung, optimiert wird. So kann der Anstieg des Inzuchtniveaus in einer Population bei einem angestrebten Zuchtfortschritt langfristig minimiert werden.

In Abbildung 8.2 wird das Potenzial zur Optimierung eines Zuchtprogramms mit OC schematisch dargestellt. Die Rote Line zeigt dabei den jeweils höchst möglichen Zuchtfortschritt bei gegebenem Inzuchtanstieg auf. Vor allem durch den optimierten Einsatz von Vererbern am Selektionspfad der Stierväter können mit relativ geringen Einbußen im kurzfristig möglichen Zuchtfortschritt relativ hohe Reduktionen im Inzuchtanstieg erzielt werden. In Zuchtprogrammen in denen ein nur sehr geringer Inzuchtanstieg zulässig ist (Erhaltungszuchtprogramme), müssen große Einbußen im erwartbaren Zuchtfortschritt in Kauf genommen werden.

Abbildung 8.2: Modellhafter Zusammenhang von Inzuchtanstieg und erwartbarem Zuchtfortschritt und das Optimierungspotential über den Ansatz der Optimum Contributions



8.4 Material und Methode

Bevor auf die Methode der Optimum Contributions eingegangen wird müssen einige Begriffe geklärt werden.

8.4.1 Inzuchtkoeffizient:

Unter Inzucht versteht man die Paarung von Tieren innerhalb einer Population die enger miteinander verwandt sind, als die Paarungspartner im Durchschnitt der Population. Für den Durchschnitt wird immer eine bestimmte Vorfahrengeneration (Basisgeneration) herangezogen. Je weiter man die Abstammung zurückverfolgt, desto mehr Tiere können also als miteinander verwandt erkannt werden.

Um den Grad der Inzucht zu beschreiben wird heute fast ausschließlich der von Sewall Wright vorgeschlagene Inzuchtkoeffizient verwendet, der wie folgt berechnet wird.

$$F = \sum \frac{1}{2}^{n_1+n_2+1} (1 + F_A)$$

Dabei sind

F = der Inzuchtkoeffizient des Tieres

n₁, n₂ = die Anzahl an Generationen, die zwischen dem Tier und dem jeweilige gemeinsamen Vorfahren auf mütterlicher und väterlicher Seite liegen und

F_A = der Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

Inzuchtkoeffizienten werden über die Analyse komplexer Pedigrees berechnet und werden über die Diagonalelemente der Verwandtschaftsmatrix die sich aus 1+F ergeben, auch in der konventionellen und genomischen Zuchtwertschätzung berücksichtigt.

8.4.2 Inzuchtanstieg und effektive Populationsgröße

Der Inzuchtsteigerung (ΔF) (Falconer und Mackay, 1996) in einer Population pro Generation ist definiert durch

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$$

F_t...Inzuchtniveau in der Generation t

F_{t-1}...Inzuchtniveau in der Generation (t-1)

Die effektive Populationsgröße (N_e) entspricht nicht der tatsächlichen Anzahl von Zuchttieren in einer Population, sondern dient der züchterischen Beurteilung eines bestimmten Inzuchtanstiegs in einer Population. Die effektive Populationsgröße wird auch immer wieder zum Vergleich zwischen Inzuchtniveaus verschiedener Populationen herangezogen.

Die N_e einer Population hängt mit dem Inzuchtanstieg zusammen:

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F}$$

8.4.3 Inzucht und Genominformation:

Genomische Inzuchtkoeffizienten können entweder genomweit oder innerhalb bestimmter Genombereiche über die Erstellung der genomischen Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. VanRaden (2008) hat drei Methoden vorgestellt, wie über genomweite SNP Information eine genombasierte Verwandtschaftsmatrix aufgestellt werden kann.

Der derzeit am häufigsten angewandte Ansatz ist die sogenannte ‚Methode 1‘:

$$G = \frac{ZZ'}{2 \sum p_i (1 - p_i)}$$

Die genombasierten Inzuchtkoeffizienten können in der Folge aus den Diagonalelementen $(1+F)$ der Matrix extrahiert werden.

In der Vergangenheit wurden aber auch alternative Ansätze zur Berechnung der genombasierten Inzucht vorgeschlagen. Von verschiedenen Autoren wurde eine Inzuchtberechnung auf der Basis sogenannter „Runs of Homozygosity“ (ROH) vorgeschlagen bzw. angewendet (Ferencakovic et al. 2013, Mészáros et al. 2015, Zavarez et al. 2015, Rodríguez-Ramilo et al. 2015).

Unter ROH werden kontinuierliche Genomabschnitte von durchgehend homozygoten Genotypen verstanden. Man geht heute davon aus, dass ROH vor allem durch Inzucht entstehen. Auf der Basis dieser ROH können auch genombasierte Inzuchtkoeffizienten berechnet werden, wobei sich der Inzuchtkoeffizient durch die Genomgröße (in Basenpaaren) die als ROH vorliegen, geteilt durch die gesamte Genomgröße ergibt.

8.4.4 Der Ansatz der Optimum Contributions:

Unter Genanteilen (engl. ‚genetic contributions‘) ist der Anteil von Allelen in Nachkommen oder aber einer Gruppe von Tieren (z.B. aktive Geburtsjahrgang oder aktive Zuchtpopulation) die von einem betrachteten Vorfahren stammen zu verstehen.

Bei der Selektion nach OC (Wray und Goddard (1994), Meuwissen (1997), Meuwissen und Sonesson (1998), Grundy et al. (1998), Grundy et al. (2000)) wird der Zuchtfortschritt in einer Population bei gleichzeitiger Begrenzung der durchschnittlichen Verwandtschaft der als Elterntiere selektierten Kandidaten in der aktuellen Population maximiert. Dabei werden die Genanteile der selektierten Kandidaten an der nächsten Generation (die Anzahl der Nachkommen) unter der Berücksichtigung der additiv genetischen Verwandtschaften sowie der Zuchtwerte optimiert.

Da so bei gleichem Zuchtfortschritt mehr genetische Variabilität in einer Zuchtpopulation erhalten werden kann, ist der zu erwartende langfristige Zuchtfortschritt höher als bei alleiniger Selektion nach Zuchtwerten (Meuwissen, 1997, Daetwyler et al., 2007).

Da die Genanteile der Ahnen in einer Population sowohl den Zuchtfortschritt als auch die Inzuchtentwicklung bestimmen, wird über die Optimierung folgender Funktion bei gegebenen Gewichtungsfaktoren eine optimale Kombination beider Bereiche im Sinne der Maximierung der Inzucht bei gleichzeitiger Restriktion des Inzuchtanstiegs erreicht:

$$H = w_{gain}c'\hat{a} + w_{rel}c'Ac'$$

w_{gain} = steht für die relative Gewichtung der Zuchtwertkomponente,

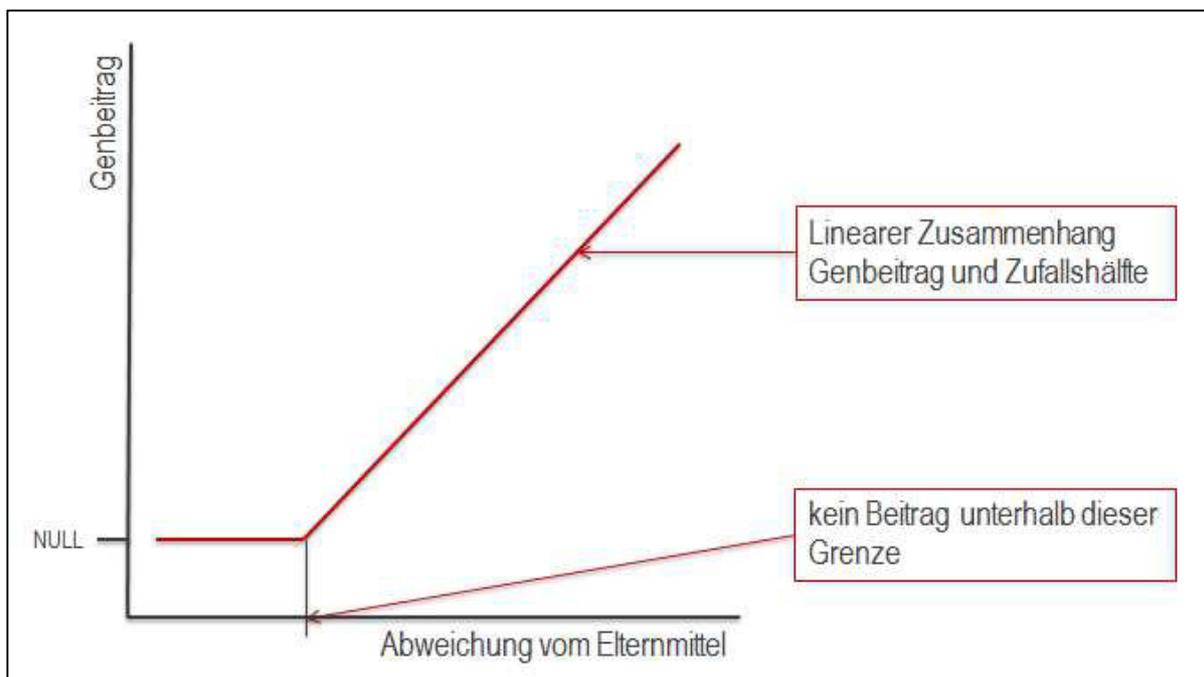
c' = für den Genanteile

\hat{a} = für den Zuchtwert (konventionell oder genomisch) bzw.

A = für die additiv genetische Verwandtschaft (pedigreebasiert oder genomisch)

Mit der Optimierung dieser Funktion wird unter Idealbedingungen (korrekte Abstammung, wahre Zuchtwerte sind bekannt) folgende Beziehung zwischen dem Genanteil eines Ahnen und dessen Zufallshälfte (Abweichung des Zuchtwerts vom Elternmittel) hergestellt (Abbildung 8.3):

Abbildung 8.3: Zusammenhang zwischen dem Genbeitrag und der Abweichung vom Elternmittel („Zufallshälfte“) bei der Optimierung über Optimum Contributions bei Idealbedingungen (korrekte Abstammung und wahre Zuchtwerte bekannt)



8.4.4.1 Approximatives Verfahren zur Berechnung eines Ranges nach OC für alle Kandidaten einer Selektionsgruppe

Aufgrund der Bedeutung des Selektionspfades für den Zuchtfortschritt und die Inzuchtentwicklung wurden alle hier vorgelegten Analysen auf den Stiervaterpfad ausgerichtet.

In den meisten Zuchtprogrammen sind die Entscheidungen, welche Selektionskandidaten für die gezielte Paarung selektiert werden und wie häufig bzw. an welche Paarungspartner diese angepaart werden, auf eine größere Anzahl von Entscheidungsträgern verteilt. Aus diesem Grund ist es, abgesehen von Anpaarungsverträgen, meist nicht möglich die tatsächliche Anpaarungsentscheidung vollständig zu kontrollieren.

Unter Praxisbedingungen erscheint es aber als realistisch, dass die Auswahl von Kandidaten für die gezielte Paarung beeinflusst werden kann. Die tatsächliche Einsatzhäufigkeit der selektierten Kandidaten in der gezielten Paarung wird in der Zuchtpraxis durch viele Einflüsse gesteuert (z.B. Konkurrenzsituation, Marketing, Marktgeschehen) und kann wohl nicht vollständig kontrolliert werden.

Bei genomischen Jungvererbern hat sich bei Fleckvieh und Braunvieh in den letzten Jahren gezeigt, dass der Rang innerhalb väterlicher Halbgeschwistergruppen einen bedeutenden Einfluss darauf hat, ob ein Stier von einer Station angekauft wird. Auf der Grundlage dieser Beobachtung wurde ein vereinfachtes Verfahren entwickelt, über das für jeden Selektionskandidaten ein populationsweiter Rang nach OC berechnet werden kann. Tiere mit niedrigen Rängen sind interessante Kombination aus überlegenen Zuchtwerten bei gleichzeitiger Berücksichtigung der Inzuchtrestriktion.

Rangierung nach OC (Abbildung 8.4)

- Ausgehend von der optimalen Lösung aus dem OC Verfahren werden alle selektierten weiblichen und männlichen Kandidaten im Hinblick auf deren durchschnittliche Zuchtwerte sowie deren durchschnittliche Verwandtschaft analysiert.
- Dann werden alle selektierten weiblichen Tiere beibehalten, alle männlichen Anpaarungen aber durch jenen Stier ersetzt, dessen Rang jeweils berechnet werden soll.
- Aus diesen fiktiven Anpaarungen wird die Veränderung im durchschnittlichen Zuchtwert (ΔZF) sowie in der durchschnittlichen Verwandtschaft (ΔREL) im Vergleich zur optimalen Lösungen beobachtet.
- Nachdem diese Abweichungen für alle Kandidaten erhoben wurden, werden ΔZF und ΔREL jeweils auf eine Standardnormalverteilung skaliert und zu einem OC Wert über die einfache Formel $OC\ Wert = b_1 \times \Delta ZF + b_2 \times \Delta REL$ kombiniert.
- Die Gewichtungsfaktoren b_1 und b_2 sind nicht theoretisch ableitbar, sondern entsprechen approximativ der jeweils angestrebten Inzuchtrestriktion im Zuchtprogramm. Daher werden diese Werte mit den Zuchtverantwortlichen der Rassedachverbände gemeinsam diskutiert und festgelegt. OC Werte können dann in einen Rang übersetzt werden.

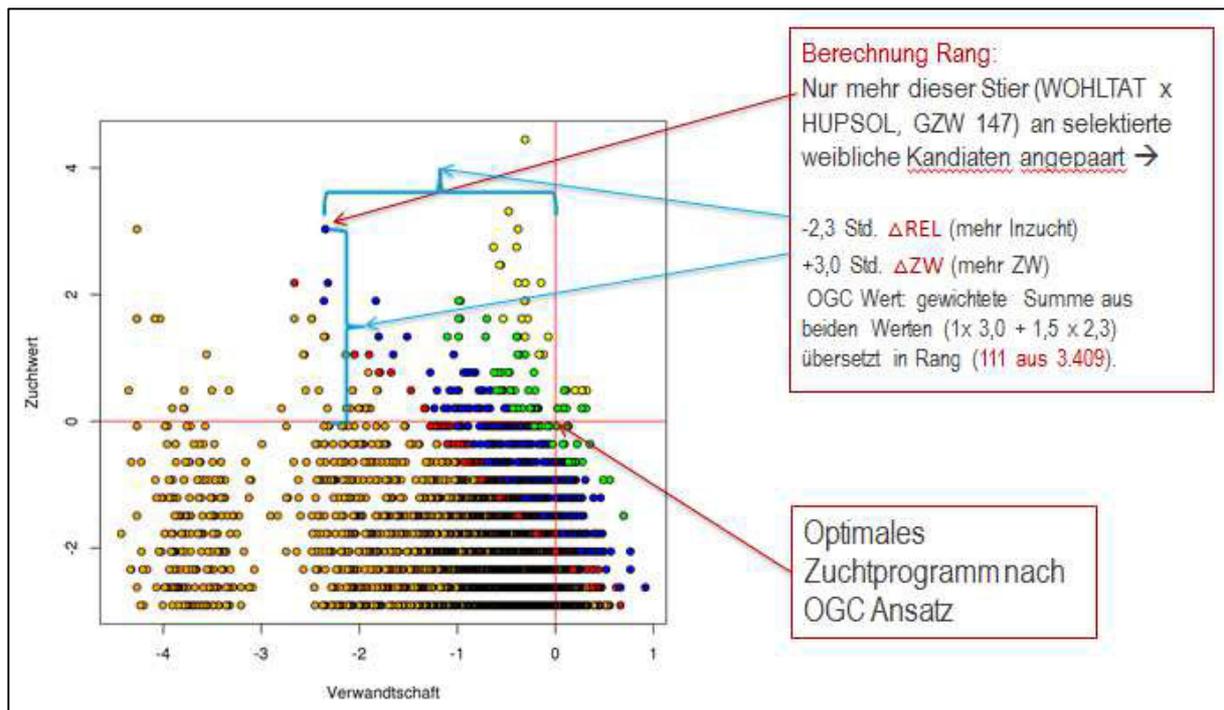


Abbildung 8.4: Approximiertes Verfahren zur Berechnung eines Ranges nach Optimum Contributions

8.4.5 Auswahl der geeigneten Software

8.4.5.1 PedAnalysis:

Wellmann et al. (2012) haben ein Programm entwickelt, das auf der Programmiersprache R (www.r-project.org) beruht. Dieses Programm nimmt besonders auf Situationen Rücksicht, in denen eine Fremdrasseneinkreuzung vorliegt. Grundsätzlich besteht bei OC Ansätzen das Problem, dass innerhalb von Reinzuchtprogrammen eingekreuzte Tiere meist eine unterdurchschnittliche Verwandtschaft mit der aktiven Zuchtpopulation aufweisen. Dies kann in Verbindung mit überdurchschnittlichen Zuchtwerten dazu führen, dass in der OC Optimierung Tiere mit hohem Fremdrassenanteil überproportional bevorzugt werden. Daher hätte sich dieses Programm besonders für die Rassen Pinzgauer und Fleckvieh angeboten.

Praktische Tests haben jedoch gezeigt, dass das Programm in der aktuellen Version eine zu geringe Stabilität aufweist, um für Routineanwendungen in Betracht zu kommen.

8.4.5.2 GENECONT:

Meuwissen (2002) hat das Programm GENECONT entwickelt, bei welchem die Genbeiträge optimiert werden können unter der Vorgabe einer definierten Restriktion auf die Inzuchtsteigerung pro Generation. Während das Programm gut für kleine Populationen geeignet ist, gibt es Limitationen, wenn große Populationen analysiert werden.

Aufgrund der Notwendigkeit OC in Routineanwendungen in großen Rinderpopulationen wie Fleckvieh und Braunvieh zu implementieren, kam daher das Programm für weiterführende Analysen nicht in Betracht.

8.4.5.3 EVA:

EVA (Berg et al. 2006) ist ein Programm das über einen ‚genetischen Algorithmus‘ (Michalewicz, 1998) die Funktion

$$H = w_{gain}c'\hat{a} + w_{rel}c'Ac'$$

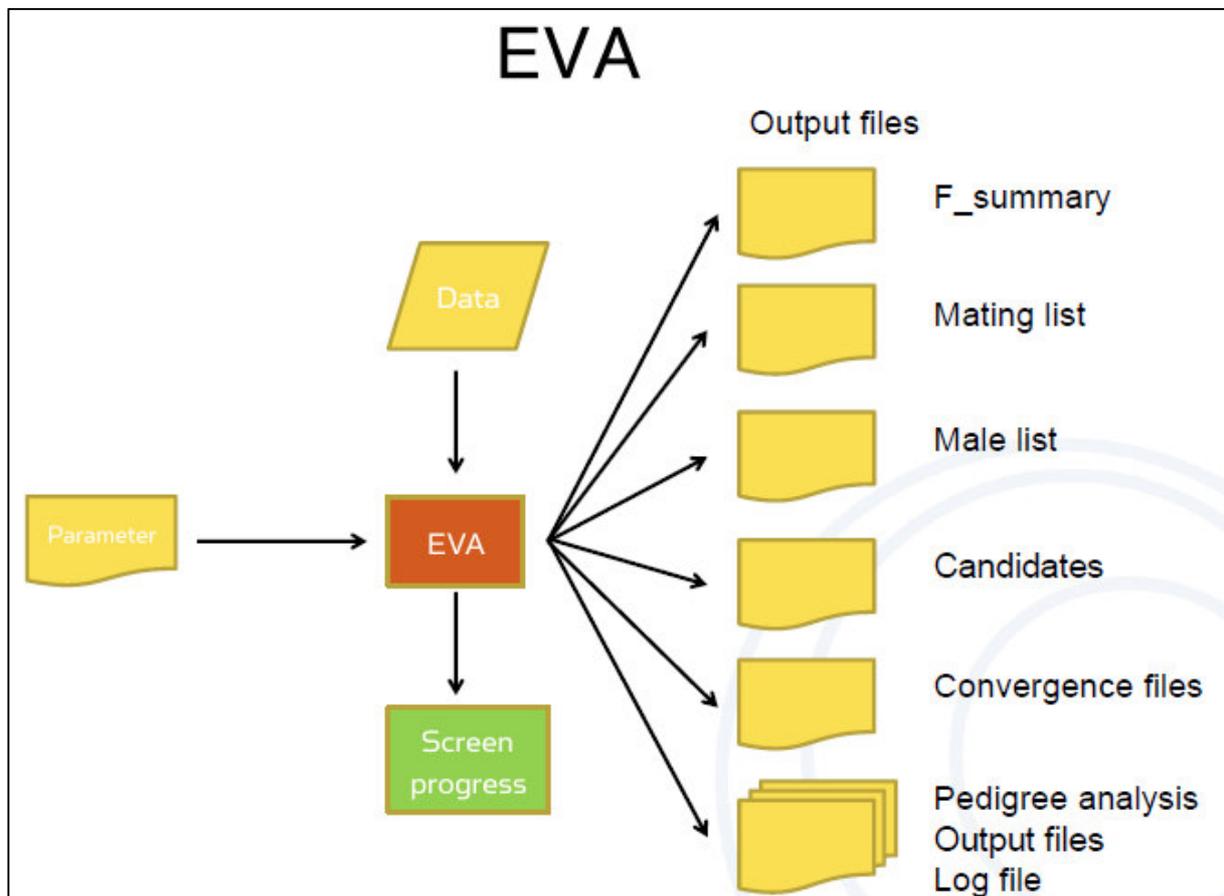
über ein iteratives Verfahren optimiert.

Dieses Programm wurde aufgrund folgender Eigenschaften für die weiterführenden Analysen ausgewählt:

- Zulässiger Datenumfang: die Analyse von relativ großen Pedigree Dateien konnte bewältigt werden (N bis 45.000 in Version EVA 2.0)
- Vertretbare Rechenzeiten (rund eine Stunde pro Parametersetting bei der maximalen Größe der Pedigreedatei von 45.000)
- Stabilität: in den hier durchgeführten Analysen konnten keine Programmabstürze die nicht durch die Struktur der Daten oder die Eingabeparameter erklärt werden konnten, beobachtet werden
- Einfache Möglichkeit der Einbeziehung von Genomdaten

Die Struktur des Programmes sind in der Abbildung 8.4 vereinfacht dargestellt.

Abbildung 8.4: Programm EVA: Daten, Parameter und Ausgabedateien



Eingabedaten:

Grundlage der Analysen ist ein rekursiv aufgebautes Pedigree, das neben Tier, Vater, Mutter, Informationen zum Geschlecht, Geburtsdatum, zur maximalen Anzahl zulässiger Paarungen, und dem Zuchtwert enthält.

Im Programm wird für alle Tiere im Pedigree eine additiv genetische Verwandtschaftsmatrix aufgebaut und den weiteren Analysen unterzogen. Alternativ dazu kann jedoch auch eine Verwandtschaftsmatrix (z.B. genombasierte Verwandtschaftsmatrix) als Datei vom Programm eingelesen werden.

Eine wichtige Limitation in der hier verwendeten Programmversion EVA 2.0 ist, dass in der Pedigreedatei nicht mehr als rund 46.000 Tiere einbezogen werden können. In großen Populationen ist es daher nötig männliche Kandidaten, die potenziell für die Selektion am Selektionspfad der Stierväter in Frage kommen, stringent auszuwählen. Potenzielle weibliche Kandidaten können repräsentativ aus einer Population gezogen werden. Ausgehend von diesen Tieren wird dann das Pedigree rekursiv aufgebaut und dem Programm übergeben.

Da die Besamungsentscheidungen in der breiten Besamung (Selektionspfad der Kuhväter und Kuhmütter) sowohl für den Zuchtfortschritt als auch für die Inzuchtentwicklung von untergeordneter Bedeutung sind, wurden diese in der hier vorliegenden Studie nicht über OC optimiert.

Parameterdatei:

Neben anderen Parametern die hier nicht diskutiert werden, müssen die relativen Gewichte auf die Zuchtwert beziehungsweise die Inzuchtvermeidung festgelegt werden. Weiter Parameter sind die maximale Anzahl der Anpaarungen die ausgewählte männliche Tiere die für männliche Tiere zulässig ist, sowie Parameter die den Lösungsalgorithmus steuern.

8.4.6 Einbeziehung von Genominformation:

Da bei den Rassen Fleckvieh und Braunvieh nicht alle Tiere im Pedigree mit dem Illumina 50 K Chip genotypisiert sind, ist es erforderlich die Genotypeninformation aus den genotypisierten Tieren im Pedigree in die nicht genotypisierten Tiere „hineinzuimputieren“.

Legarra et al. (2009) und Misztal et al. (2009) haben ein Verfahren vorgeschlagen, welches auf Vorarbeiten von Gengler et al. (2007) aufbaut. Über die Verwandtschaftsmatrix wird die Genominformation aus den genotypisierten Tieren in deren nicht typisierte Vorfahren „hineinprojiziert“. Dieses Verfahren kann auch als „Genotypenimputation“ interpretiert werden. Die so erhaltene Verwandtschaftsmatrix wird als ‚H-Matrix‘ bezeichnet.

Die H Matrix wird aus der Kombination der Verwandtschaftsmatrix aller Tiere im Pedigree mit der IBS Matrix der genotypisierten Tiere aus dem Pedigree wie folgt berechnet

$$H = \begin{bmatrix} A_{11} + A_{12}A_{22}^{-1}(G - A_{22})A_{22}^{-1}A_{21} & A_{12}A_{22}^{-1}G \\ GA_{22}^{-1}A_{21} & G \end{bmatrix}$$

- A_{11} = konventionelle Verwandtschaft unter den nicht genotypisierten Tieren
- A_{12} A_{21} = konventionelle Verwandtschaft zwischen den nicht genotypisierten Tieren und den genotypisierten Tieren
- A_{22} = konventionelle Verwandtschaft innerhalb der genotypisierten Tiere
- G_{22} = genomische Verwandtschaft innerhalb der genotypisierten Tiere

In der Abbildung 8.5 sind die Korrelationen der Offdiagonalelemente (=Kovarianz zwischen Tieren) im Vergleich zur herkömmlichen Verwandtschaftsmatrix zwischen den Blöcken von Tieren rot (innerhalb genotypisierte Tiere), orange (genotypisierte Tiere zu nicht genotypisierte Tiere) und grün (innerhalb nicht genotypisierter Tiere) dargestellt. Erwartungsgemäß finden wir die stärksten Abweichungen innerhalb der genotypisierten Tiere. Es gibt aber durchaus auch Auswirkungen der Imputation auf die Verwandtschaften innerhalb der nicht genotypisierten Ahnen.

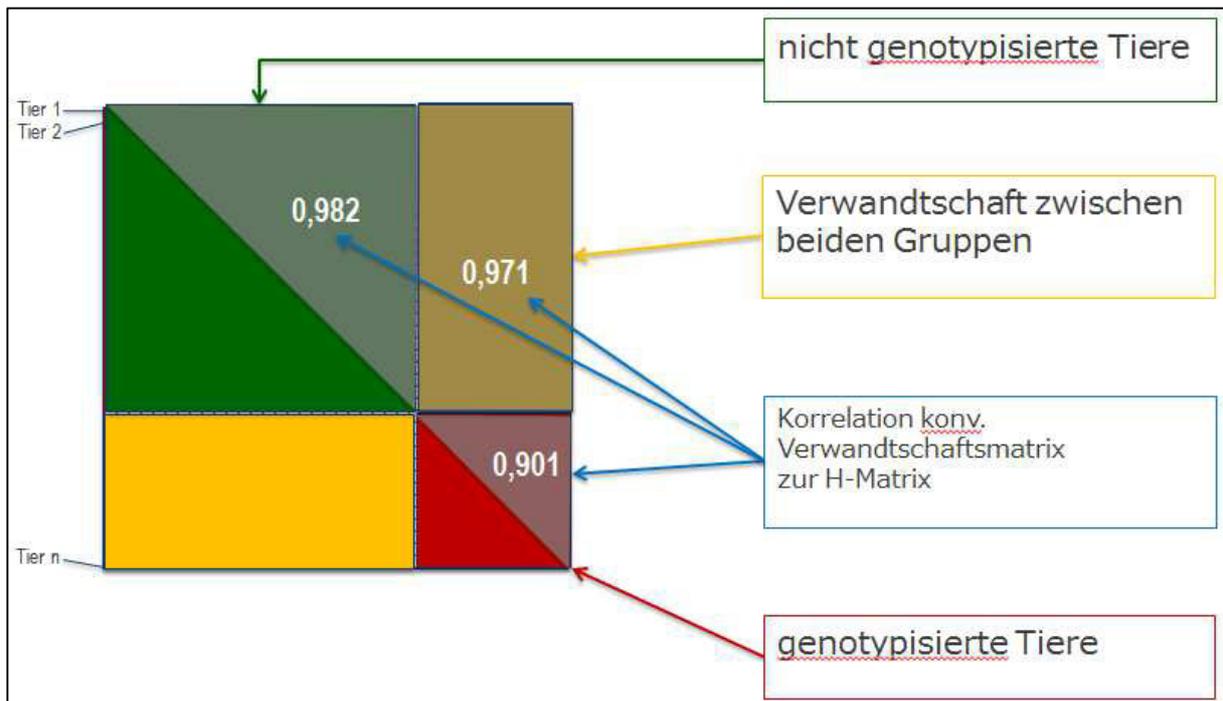


Abbildung 8.5: Korrelationen der Offdiagonalelemente bei Fleckvieh in der H-Matrix im Vergleich zur herkömmlichen Verwandtschaftsmatrix für verschiedene Tiergruppen.

8.5 Ergebnisse und Diskussion

Im Folgenden sind die Ergebnisse der Implementierungen des OC Ansatzes bei den Rassen Fleckvieh, Braunvieh, Pinzgauer und Grauvieh dargestellt.

Bei Fleckvieh und Braunvieh wurde aufgrund der Verfügbarkeit von genomischen Zuchtwerten der Selektionspfad der gezielten Paarung über die Selektion von genomischen Jungvererbern optimiert.

Bei Pinzgauer und Grauvieh wurde der Selektionspfad der gezielten Paarung in beiden Selektionsstufen (Selektion geprüfte Vererbern als Elitestiere und Selektion Teststierkandidaten als Teststiere) getrennt durchgeführt.

Die Auswertungen wurden auf Basis der ZWS Dezember 2014 durchgeführt. Die Auswertungen im Zusammenhang mit den approximativen Rängen nach OC wurden im April 2015 durchgeführt.

8.5.1 Ergebnisse bei Fleckvieh

8.5.1.1 Kriterien für die Auswahl von potenziellen Selektionskandidaten

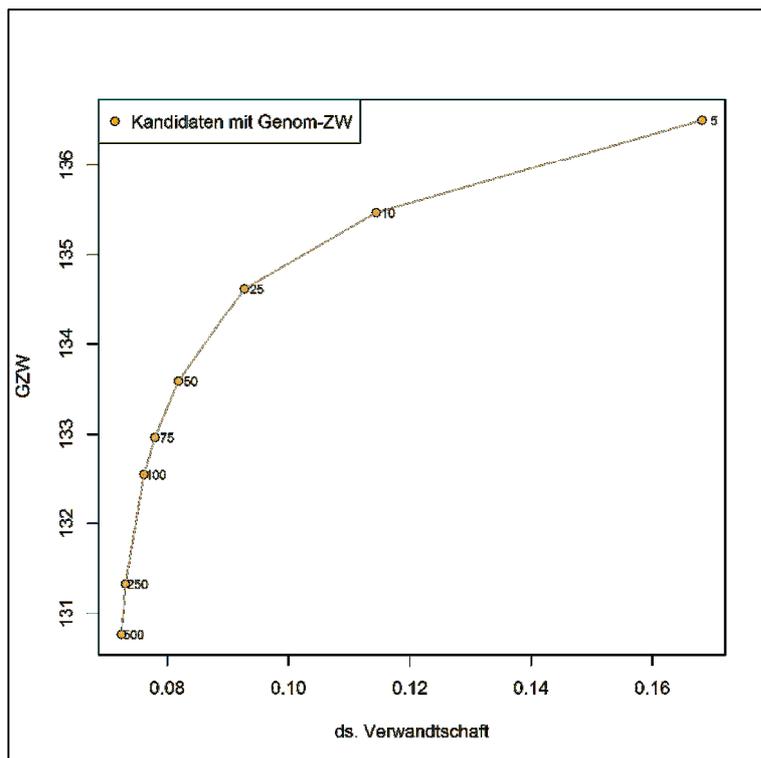
Kriterium	Einschränkung
Geburtsjahrgänge:	2011 bis 2014
GZW für weibliche bzw. männliche Tiere:	>125, >125
goZW Fundament:	>95
goZW Euter:	>105
Paarungen für Jahrgänge zulässig:	2011 bis 2013
Relatives Gewicht auf GZW:	1
Relatives Gewicht auf Inzuchtvermeidung:	-5, -10, -25, -75, -100, -250,-500

In der Tabelle 8.1 sind die wichtigsten Ahnen der nach den oben dargestellten Kriterien vorselektierten potenziellen Kandidaten aufgelistet. Der Genbeitrag bezieht sich auf die Gruppe der männlichen und weiblichen Selektionskandidaten.

Tabelle 8.1: Wichtigste Ahnen der potentiellen Kandidaten nach Genbeitrag bei Fleckvieh

Rang	Nummer	Name	Geburtsdatum	Genbeitrag
1	276000979317838	HAXL	12.03.1966	0,109
2	276000934492505	WINNIPEG	27.02.2000	0,105
3	276000813516428	WILLE	09.04.2006	0,104
4	276000912971290	ROMEN	11.12.1988	0,069
5	040000040568233	GS MALF	11.09.1988	0,069
6	276000912851233	HORWEIN	05.10.1986	0,067
7	276000809706945	HORROR	10.12.1979	0,061
8	276000911825633	RALBO	10.04.1988	0,057
9	040000168213272	GS RUMGO	16.12.2002	0,055
10	276000970388123	HAX	05.06.1959	0,055
11	276000978575227	ALAPIS	22.01.1951	0,055
12	276000914861999	WESPE	04.12.1992	0,054
13	276000911542005	ESTELLA	18.04.1995	0,053
14	276000811993149	LIESEL	21.06.2001	0,052
15	040000623710746	RUMBA	12.05.1995	0,048
16	040000842871443	MORELLO	13.10.1977	0,047
17	276000934586859	VANSTEIN	30.09.2000	0,044
18	276000918555090	RANDY	17.07.1994	0,041
19	756711620016730	REDAD	06.07.1973	0,041
20	276000925952548	RADI	08.12.1980	0,040

Abbildung 8.7: Zusammenhang zwischen dem durchschnittlichen Gesamtzuchtwert (GZW) und der durchschnittlichen Verwandtschaft der selektierten Kandidaten bei verschiedenen relativen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung (von -5 bis -500) bei Fleckvieh



In der Abbildung 8.7 sind die durchschnittlichen Gesamtzuchtwerte (genomisch) den durchschnittlichen Verwandtschaftskoeffizienten der selektierten Kandidaten aus OC Läufen mit unterschiedlichen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung dargestellt. Aus der Darstellung geht hervor, dass bei moderater Erhöhung des Gewichts auf Inzuchtvermeidung die durchschnittliche Verwandtschaft (=2 x der Inzuchtkoeffizient in der nächsten Generation) zwischen den Kandidaten stark reduziert kann werden und gleichzeitig relativ geringe Auswirkungen auf den Zuchtfortschritt zu erwarten sind. Wird das Gewicht auf die Inzuchtvermeidung von -50 auf -500 weiter erhöht, ist mit zunehmend starke dämpfenden Effekten auf den kurzfristigen Zuchtfortschritt zu rechnen. Andererseits kann hier nur mehr wenig Reduktion im Inzuchtanstieg erzielt werden.

In der Tabelle 8.2 sind die kumulierten Genbeiträge von Vätern der selektierten Kandidaten bei den jeweiligen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung aufgelistet. Der Wert von 18/6 beim Stier HUTERA bei einem Inzuchtgewicht von -50 sagt in dem Zusammenhang aus, dass OC empfiehlt insgesamt 18% der Besamungen in der gezielten Paarung mit HUTERA Söhnen durchzuführen. Dieser Besamungsanteil wurde auf 6 genomische Jungvererber aufgeteilt. In den Varianten mit fast ausschließlicher Selektion auf den GZW werden insgesamt 76% der Besamungen mit Söhnen von WILLE durchgeführt. Andererseits spielen Stiere wie HULKOR, PASSION, ZAUBER und RINGWANDEL bei Szenarien mit starkem Gewicht auf die Inzuchtvermeidung eine zunehmend wichtige Rolle. Wie erwartet werden bei den Szenarien mit starker Inzuchtvermeidung wesentlich mehr Stiere mit jeweils niedrigerem Besamungsanteil eingesetzt. Dies stellt in der Praxis eine Herausforderung dar, da eine gewisse Mindestanzahl von Besamungen in der gezielten Paarung nötig ist, um in der nächste Generation am Besamungsmarkt konkurrenzfähige genomische Jungvererber selektieren zu können.

Tabelle 8.2: Genbeiträge der Väter von selektierten Kandidaten bei verschiedenen relativen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung (von -5 bis -500) bei Fleckvieh (verkürzt)

	Relatives Gewicht auf Inzuchtvermeidung															
	-5		-10		-25		-50		-75		-100		-250		-500	
	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere						
HUTERA	6	2	13	7	20	7	18	6	15	9	14	10	11	11	10	11
HUMPERT	7	2	11	3	17	5	15	6	13	9	13	8	10	9	9	11
VANADIN	3	1	10	3	15	3	12	4	9	5	8	6	3	5	2	3
MUNGO	7	1	16	1	16	1	11	1	8	1	6	1	3	1	1	1
REUMUT	0	0	0	2	3	4	8	7	8	7	8	6	6	5	5	5
WILDWEST	1	1	5	2	7	2	6	2	3	2	2	1	0	0	0	0
HULKOR	0	0	0	0	0	1	4	1	5	1	5	1	5	1	5	1
PASSION	0	0	0	0	1	1	3	1	4	2	4	3	4	2	4	3
INDOSSAR	0	0	0	0	0	1	3	1	4	1	4	1	4	1	4	2
RESOLUT	0	0	0	0	0	1	3	1	4	1	4	1	4	1	4	1
ISOSTAR	0	0	0	0	1	1	3	1	3	1	3	1	3	2	3	2
IWINN	0	0	1	2	1	2	2	2	1	2	1	2	0	0	0	0
EVEREST	0	1	2	2	3	2	2	2	1	1	0	0	0	1	0	1
WELTENBURG	0	0	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	2	1
WILLE	76	1	40	4	12	2	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
ROINER	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0
RUMGOLD	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0
ENDURO	0	0	0	0	0	0	1	1	3	1	3	1	3	1	3	1
ISENGARD	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	2	1	2	2
WILLENBERG	0	0	0	0	0	0	1	1	2	1	2	1	2	1	1	1
RUPTAL	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0
ZAUBER	0	0	0	0	0	0	0	1	1	3	2	3	4	4	5	5
RINGWANDL	0	0	0	0	0	0	0	1	3	1	4	1	5	1	6	1
OREGANO	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	2	1	3	1	3	1
MACH MAL	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	2	1	3	1	2	1
VORWERK	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0
VLAX	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1
SILVERSTAR	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	2	3	3	5	4	5
GS INROS	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2	1	3	1	3	1
WARBERG	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	1	3	1
GIRADELI	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	1	1	1

In der Tabelle 8.3 sind die kumulierten Genbeiträge von Muttersvätern der selektierten Kandidaten bei den jeweiligen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung aufgelistet. Der Wert von 13/1 beim Stier ROUND UP bei einem Inzuchtgewicht von -50 sagt in dem Zusammenhang aus, dass OC empfiehlt insgesamt 13% der Besamungen in der gezielten Paarung mit genomischen Jungererberern mit ROUND UP als Muttersvater durchzuführen. Dieser Besamungsanteil wurde auf 2 genomische Jungvererber aufgeteilt. In den Varianten mit fast ausschließlicher Selektion auf den GZW werden insgesamt 76% der Besamungen

mit Enkeln von GS RUMGO durchgeführt. Andererseits spielen Stiere die auf der Mutterseite auf IMPOSIUM und EISA zurückgehen, bei Szenarien mit starkem Gewicht auf die Inzuchtvermeidung eine zunehmend wichtige Rolle.

Tabelle 8.3: Genbeiträge der Muttersväter von selektierten Kandidaten bei verschiedenen relativen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung (von -5 bis -500) bei Fleckvieh (verkürzt).

	Relatives Gewicht auf Inzuchtvermeidung															
	-5		-10		-25		-50		-75		-100		-250		-500	
	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere
ROUND UP	7	1	17	2	17	2	13	2	9	3	8	4	4	3	2	2
GEBALOT	1	1	5	4	9	4	12	5	12	5	11	7	8	6	7	7
ERMUT	6	1	8	1	13	1	9	1	7	1	5	2	2	1	0	1
INHOF	3	1	6	1	10	1	7	1	5	2	4	2	1	2	0	1
RUREIF	3	1	5	2	10	1	7	1	5	1	4	1	1	1	0	1
WINNIPEG	0	1	3	3	5	3	5	3	3	3	2	1	0	0	0	0
WATERBERG	0	0	2	1	3	2	4	2	4	3	5	3	4	2	3	2
VANSTEIN	3	1	7	3	8	2	4	2	2	2	1	1	0	0	0	0
ILION	0	0	2	1	3	1	4	1	3	1	4	2	4	4	5	3
SEGO	0	0	0	0	0	1	4	1	5	1	5	1	5	1	5	1
GS RUMGO	76	1	41	6	13	3	3	4	2	3	1	2	0	0	0	0
IMPOSIUM	0	0	0	0	1	2	3	4	7	6	9	7	10	7	10	5
ZAHNER	0	0	0	0	0	1	3	2	4	2	4	2	4	2	3	3
RUREX	0	0	0	0	0	1	3	1	4	1	4	1	4	1	4	3
ROMEL	0	0	0	0	0	1	3	1	4	1	4	1	4	1	3	1
RESOLUT	0	0	0	2	2	2	2	2	0	1	0	1	0	0	0	1
GS RAU	0	1	2	2	3	1	2	2	1	2	0	1	1	2	2	2
MANITOBA	0	0	1	2	2	2	2	1	1	1	1	1	0	0	0	0
RETRAKT	0	0	0	0	0	1	2	1	3	1	3	1	3	2	3	2
HOMORRY	0	0	0	1	0	1	2	1	1	1	1	1	0	0	0	0
EISA	0	0	0	0	0	0	1	2	4	2	6	2	8	2	8	2
WAL	0	0	0	1	0	1	1	1	2	2	1	2	2	2	2	2
RICKI	0	0	0	0	0	1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1
SANDDORN	0	0	0	0	0	1	1	1	2	1	2	1	1	1	1	1
HUMID	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0
LEWAT	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0
DINO	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	2	1	3	1	3	1
ETTAL	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	2
MARTL-DE	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1
MAL	0	0	0	1	0	1	0	0	1	2	1	2	2	1	1	1
MERCATOR	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2	1	3	1	3	1
WALROM	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	1	3	1
WEINOLD	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	2	3	2	3
MANDELA	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	2
REBELL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1
ISTER	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
WIGGAL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1

8.5.1.2 Approximativer Rang nach OC

In der Tabelle 8.4 ist eine anonymisierte Aufstellung der TOP 20 nach OC Rang unter allen genotypisierten Kandidaten bei Fleckvieh aufgelistet. (Datengrundlage genomische ZWS April 2015). Das relative Inzuchtgewicht in EVA wurde mit -75 fixiert. Die relativen Gewichte auf ΔZW und ΔREL betragen 1 bzw. 1,5.

Obwohl die absolute Spitze der Rangtabelle von Stieren mit extrem hohen GZW dominiert wird, gibt es Kandidaten wie etwa OC Rang Nummer 16 (HUMPERT x PILUM x WEINOXL), die über unkonventionelle Pedigrees etwas schwächere GZW kompensieren können. Bei dieser Aufstellung ist zu beachten, dass das hier gewählte Inzuchtgewicht ΔREL von 1,5 noch mit den Entscheidungsträgern in der Arbeitsgemeinschaft österreichischer Fleckviehzüchter fixiert werden muss.

Tabelle 8.4: Top 20 bei Rang nach OC innerhalb der genotypisierten Kandidaten bei Fleckvieh (anonymisierte Liste)

Vater	Muttersvater	MMV	GZW	RANG GZW	RANG REL	RANG
WATT	REUMUT	MADO	152	1	1027	1
WELTENBURG	VANSTEIN	SAMSON	148	2	1416	2
WITAM	RALMESBACH	RAINER	147	4	1194	3
WATT	GS RAVE	ZAHNER	146	7	1244	4
WATT	REUMUT	GEBALOT	144	11	697	5
WELTENBURG	VANSTEIN	ROMEL	146	6	1778	6
WATT	REUMUT	MADO	144	14	1028	7
ROYAL	VANSTEIN	WEINOLD	145	9	1612	8
WITAM	RALMESBACH	RAINER	144	10	1195	9
WITAM	IMPOSIUM	REMUS	145	8	1649	10
IWINN	HOMORRY	ITARRY	143	16	1029	11
SALDANA	GS HERSTEIN	WINNIPEG	143	20	1043	12
VANADIN	INHOF	WAL	141	36	529	13
IROLA	HUMPERT	IMPOSIUM	142	32	977	14
WILDSTERN	REUMUT	ZAHNER	142	27	1116	15
HUMPERT	PILUM	WEINOXL	138	110	71	16
HURLY	REUMUT	ZAHNER	138	101	94	17
ZASPIN	HUTOED	GS RAU	138	89	97	18
HUTERA	RUREIF	WAL	140	51	629	19
WATT	REUMUT	MADO	141	46	1030	20

Um eine bessere Vorstellung von den züchterischen Auswirkungen des approximierten OC Verfahrens zu bekommen, wurden die mittleren OC Ränge von genomischen Jungvererbern innerhalb der Väter berechnet. Die Tabelle 8.5 stellt die jeweils 20 extremsten Stierväter nach den Eigenschaften „inzuchtreduzierend“ bzw. „zuchtwertsteigernd“ dar. In beiden

Toplisten scheinen durchwegs Stierväter auf, die in der Praxis für das jeweilige Vererbungsprofil bekannt sind.

Tabelle 8.5: Rangierung der Stierväter nach mittleren Rängen aus OC bei ihren Söhnen. Links sind Stierväter aufgelistet, deren Söhne inzucht-dämpfend wirken. Rechts sind Stierväter aufgelistet, deren Söhne besonders hohe Zuchtwerte aufweisen

Väter von Kandidaten mit Outcross Qualitäten			Väter von Kandidaten mit höchsten Zuchtwerten		
Rang	NAME	Anzahl Söhne	Rang	NAME	Anzahl Söhne
1	ZASPIN	25	1	GS WOHLTAT	102
2	PASSION	17	2	WATT	56
3	DRYLAND	39	3	MASSIMILIANO	12
4	GEPARD	16	4	SHAQIRI	13
5	SILVERSTAR	29	5	WELTENBURG	100
6	SCOTT	23	6	WIKINGER	13
7	HUTERA	149	7	WILDSTERN	19
8	HUMPERT	62	8	WITAM	37
9	ZAUBER	68	9	DELL	25
10	ISOSTAR	11	10	GS VOGT	77
11	ZAPFHAHN	14	11	GS WALCH	26
12	SALDANA	39	12	HURRICAN	128
13	VANADIN	90	13	REMMEL	13
14	VON WELT	14	14	SALDANA	39
15	MASSIMILIANO	12	15	VANADIN	90
16	GS VABENE	11	16	WILLE	233
17	MACH MAL	12	17	WILLENBERG	24
18	DELL	25	18	ZAPFHAHN	14
19	ROYAL	35	19	VORWERK	16
20	ROSSKUR	27	20	WABAN	32

8.5.2 Ergebnisse bei Braunvieh

8.5.2.1 Kriterien für die Auswahl von potenziellen Selektionskandidaten

Kriterium	Einschränkung
Geburtsjahrgänge:	2011 bis 2014
GZW für weibliche bzw. männliche Tiere:	>120, >115
goZW Fundament:	>95
goZW Euter:	>105
Paarungen für Jahrgänge zulässig:	2011 bis 2013
Relatives Gewicht auf GZW:	1
Relatives Gewicht auf Inzuchtvermeidung:	-5, -10, -25, -75, -100, -250, -500

In der Tabelle 8.6 sind die wichtigsten Ahnen der nach den oben dargestellten Kriterien vorselektierten potenziellen Kandidaten aufgelistet. Der Genbeitrag bezieht sich auf die Gruppe der männlichen und weiblichen Selektionskandidaten.

Tabelle 8.6: Wichtigste Ahnen der potentiellen Kandidaten nach Genbeitrag bei Braunvieh

Rang	Nummer	Name	Geburtsdatum	Genbeitrag
1	840000000176173	SIMON	20.11.1979	0,122
2	276000935830301	HURAY	20.09.2002	0,115
3	840000000148551	ELEGANT	11.01.1966	0,112
4	276000808024689	HUSSLI	08.04.1994	0,097
5	840000000143612	STRETCH	15.07.1962	0,073
6	840000000125640	LADDIE	04.02.1956	0,071
7	840000000163153	STR.IMPROVER	02.05.1972	0,071
8	840000000181329	EMORY	11.10.1984	0,068
9	840000000118913	LARRY	20.08.1953	0,067
10	040000812100272	GS HUXOY	04.12.2004	0,064
11	840000000191215	PRESIDENT ET	15.09.1995	0,064
12	276000910075535	VINOS	16.03.1987	0,063
13	276000930481301	LAURA	07.01.1999	0,062
14	840000000184138	ENSIGN ET	25.06.1987	0,062
15	840000000534868	SORREL	09.11.1968	0,061
16	840000000195618	VIGOR	02.06.2001	0,059
17	840000000144692	JASON	26.12.1963	0,057
18	840000000427630	WHITE CLOUD	22.12.1961	0,056
19	840000000028594	JANE'S ROYAL	01.01.1935	0,056
20	840000000106902	LEE'S HILL M	16.07.1950	0,052

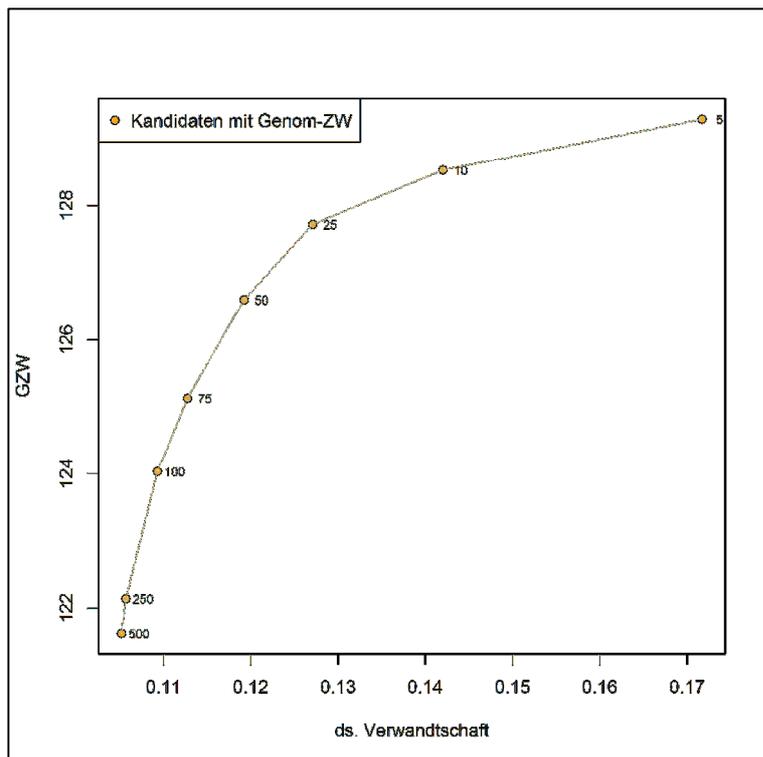


Abbildung 8.8: Zusammenhang zwischen dem durchschnittlichen Gesamtzuchtwert (GZW) und der durchschnittlichen Verwandtschaft der selektierten Kandidaten bei verschiedenen relativen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung (von -5 bis -500) bei Braunvieh.

In der Abbildung 8.8 sind die durchschnittlichen Gesamtzuchtwerte (genomisch) den durchschnittlichen Verwandtschaftskoeffizienten der selektierten Kandidaten aus OC Läufen mit unterschiedlichen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung dargestellt. Aus der Darstellung geht hervor, dass bei moderater Erhöhung des Gewichts auf Inzuchtvermeidung die durchschnittliche Verwandtschaft (=2 x der Inzuchtkoeffizient in der nächsten Generation) zwischen den Kandidaten stark reduziert kann werden und gleichzeitig relativ geringe Auswirkungen auf den Zuchtfortschritt zu erwarten sind. Wird das Gewicht auf die Inzuchtvermeidung von -75 auf -500 erhöht, ist mit zunehmend starken Effekten auf den kurzfristigen Zuchtfortschritt zu rechnen. Andererseits kann hier nur mehr wenig Reduktion im Inzuchtanstieg erzielt werden.

In der Tabelle 8.7 sind die kumulierten Genbeiträge von Vätern der selektierten Kandidaten bei den jeweiligen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung aufgelistet. Der Wert von 15/4 beim Stier EASTOG bei einem Inzuchtgewicht von -50 sagt in dem Zusammenhang aus, dass OC empfiehlt insgesamt 15% der Besamungen in der gezielten Paarung mit EASTOG Söhnen durchzuführen. Dieser Besamungsanteil wurde auf 4 genomische Jungvererber aufgeteilt. In den Varianten mit fast ausschließlicher Selektion auf den GZW werden insgesamt 61% der Besamungen mit Söhnen von GS HUXOY durchgeführt. Andererseits spielen Stiere wie AG POPCORN, EATON, und VINCENT bei Szenarien mit starkem Gewicht auf die Inzuchtvermeidung eine zunehmend wichtige Rolle. Wie erwartet werden bei den Szenarien mit starker Inzuchtvermeidung wesentlich mehr Stiere mit jeweils niedrigerem Besamungsanteil eingesetzt.

Tabelle 8.7: Genbeiträge der Väter von selektierten Kandidaten bei verschiedenen relativen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung (von -5 bis -500) bei Braunvieh (verkürzt).

	Relatives Gewicht auf Inzuchtvermeidung															
	-5		-10		-25		-50		-75		-100		-250		-500	
	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere
EASTROG	13	4	16	5	19	4	15	4	13	6	11	5	8	5	6	4
AG EUDEGO	7	3	11	4	13	5	12	5	10	4	8	4	5	4	4	2
JUBLEM	0	1	2	1	9	1	12	1	11	1	11	1	8	1	7	1
HUSOLD	7	4	16	3	8	4	7	2	8	2	9	1	10	1	10	1
GS HUXOY	61	1	33	2	14	3	7	2	4	2	2	2	0	0	0	0
AG POLIS	0	0	1	1	6	1	7	1	6	1	5	1	2	1	1	1
HEGALL	1	1	3	2	5	2	6	1	5	1	4	1	1	1	0	1
HARLEY	3	2	4	4	6	3	5	3	3	2	2	2	0	0	0	0
VERSACE	4	1	7	1	8	1	5	1	3	1	2	2	2	1	2	1
VINTAGE	3	1	2	1	4	1	4	1	2	2	1	2	0	1	0	0
AG VANPARI	0	0	0	1	1	2	3	4	2	2	2	2	1	1	0	0
AG PUCK	0	0	0	1	2	1	3	2	3	2	2	2	1	2	1	2
AG VOLVO	0	0	1	2	1	3	2	4	1	1	1	1	0	0	0	0
PAYBOY	0	0	1	2	1	2	2	3	3	4	3	6	4	6	4	5
ANIBAL	0	0	0	1	1	1	2	1	1	1	1	1	0	0	0	0
ALIBABA	0	0	0	0	0	0	1	2	1	2	1	2	1	1	0	1
AG VOICE	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0
AG VAPIANO	0	0	0	0	0	0	1	1	2	3	2	2	2	2	2	2
AG POPCORN	0	0	0	0	0	0	1	1	4	1	6	1	7	1	8	1
HUSSANT	0	0	0	0	0	0	1	1	3	1	3	1	3	2	4	2
FERNANDO	0	0	0	0	0	0	1	1	2	1	3	2	4	2	4	2
AG JESTHER	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0
JAGUAR	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0
ETTAL	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2	2	2	3	3	3	2
VINCENT	0	0	0	0	0	0	0	1	3	1	4	1	5	1	5	1
EATON	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	4	2	7	2	8	2
JULIUS	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	2	1	3	1	3	1
AG ESSAY	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1
BROOKINGS	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	2	2	2	2	2
VASSLI	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	1	2	1	2	1
PADUA	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
ECOS	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1
ESCADA	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1
GLENMARK	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	3	1	3	1
JUMPY	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
MORIS	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	3	2	4	2

In der Tabelle 8.7 sind die kumulierten Genbeiträge von Muttersvätern der selektierten Kandidaten bei den jeweiligen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung aufgelistet. Der Wert von 27/9 beim Stier HURAY bei einem Inzuchtgewicht von -50 sagt in dem Zusammenhang aus, dass OC empfiehlt insgesamt 27% der Besamungen in der gezielten Paarung mit genomischen Jungererbern mit HURAY als Muttersvater durchzuführen. Dieser Besamungsanteil wurde auf 2 genomische Jungvererber aufgeteilt. In den Varianten mit fast ausschließlicher Selektion auf den GZW werden insgesamt 81% der Besamungen mit Enkeln von HURAY durchgeführt. Andererseits spielen Stiere die auf der Mutterseite auf HAXOTTI und ZASMAN oder HUCOS zurückgehen, bei Szenarien mit starkem Gewicht auf die Inzuchtvermeidung eine zunehmend wichtige Rolle.

Tabelle 8.8: Genbeiträge der Muttersväter von selektierten Kandidaten bei verschiedenen relativen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung (von -5 bis -500) bei Braunvieh (verkürzt)

	Relatives Gewicht auf Inzuchtvermeidung															
	-5		-10		-25		-50		-75		-100		-250		-500	
	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere
HURAY	81	8	58	14	43	13	27	9	17	7	10	6	5	1	3	1
ZEUS	0	1	3	2	10	2	14	3	13	3	12	3	8	2	7	2
VASIR	0	1	3	4	8	4	9	5	8	5	8	6	6	5	5	3
ETPAT	0	0	1	1	6	1	9	5	12	5	13	5	12	6	11	6
JUHUS	2	2	4	2	5	3	7	4	5	4	3	3	1	2	2	1
PRONTO	4	1	7	1	8	1	5	1	3	1	1	1	0	0	0	0
PROSSLI	6	1	15	2	8	2	4	2	2	2	0	1	0	0	0	0
JUBLEND	3	1	3	1	4	1	4	1	3	1	2	1	0	0	0	0
GS HUXOY	2	1	4	1	4	1	4	1	2	1	1	1	0	1	0	0
HAXOTTI	0	0	0	0	0	0	4	1	7	1	9	1	10	1	10	1
HUSJET	0	0	0	1	2	1	3	1	2	1	2	1	0	0	0	0
WAGOR	0	0	0	1	1	1	2	1	1	1	1	1	0	0	0	0
JULENG	0	0	0	1	0	0	2	1	2	1	1	1	1	1	0	0
EGIZ	0	0	0	0	0	1	1	2	1	3	2	3	3	3	4	2
VINNER	0	0	0	0	0	1	1	2	3	2	4	2	3	1	3	1
PRESET	0	0	0	1	0	1	1	2	2	2	2	2	2	2	1	1
EAGLE	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0
ZASMAN	0	0	0	0	0	0	1	1	4	1	6	1	7	1	8	1
MODEST	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1
HUSIR	0	0	0	0	0	1	0	1	2	1	3	1	2	1	2	1
HUCOS	0	0	0	0	0	0	0	1	2	3	4	3	6	7	7	7
ELLECTION	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	3	2	5	3
NOFAK	0	0	0	0	0	0	0	1	3	1	4	1	5	1	5	1
HIGHLAND	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1
MOIADO	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	2	0	2
NESTA	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0
PAYSSLI	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
JUBEV	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GERMANE	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2	1	3	1	3	1
VINBREI	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	3	1	3	1
EMERIG	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1
JOEL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1

8.5.2.2 Einbeziehung von Genominformation

Wie in 8.4.4 beschrieben, wurde für alle Tiere (N=28.089) im rekursiv aufgebauten Pedigree eine H Matrix aufgestellt (Tabelle 8.9). Von den 28.089 Tieren lagen für insgesamt 1.530 Tiere valide Genotypen für den Illumina 50 K SNP Chip vor.

Die gesamte Matrix wies einen Speicherbedarf von 11,6 Gigabyte auf. Für die H Matrix für die Rasse Fleckvieh (N= 45.000) wäre demnach ein Speicherbedarf von rund 30 Gigabyte erforderlich. Die Erstellung, die Ausgabe und das Einlesen dieser Datei in EVA ist mit erheblichen Rechenzeiten verbunden.

Aufgrund der Tatsache, dass die Verwandtschaftskoeffizienten der nicht genotypisierten Ahnen mit den genotypisierten Selektionskandidaten mit 0,971 korreliert sind, sind vergleichsweise geringe Auswirkungen auf die OC Lösungen zu erwarten. Die Inzuchtkoeffizienten der H Matrix weisen eine leicht erhöhte Streuung innerhalb der genotypisierten Tiere auf. Innerhalb der nicht genotypisierten Stiere ist der Unterschied jedoch sehr gering.

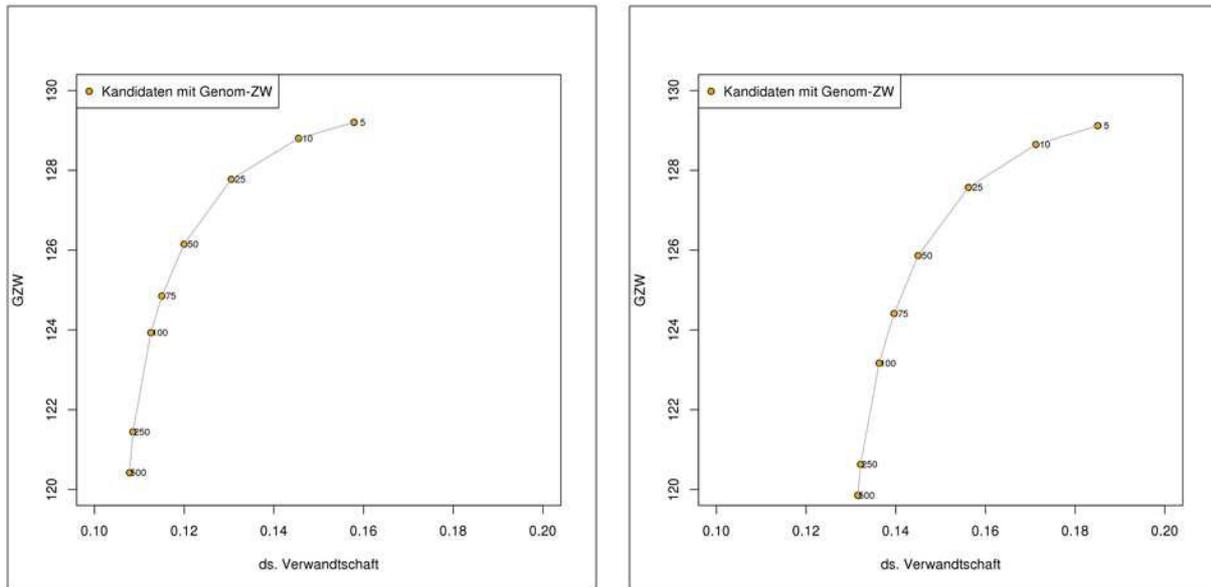
Tabelle 8.9: Beschreibende Statistik der H Matrix im Vergleich zur konventionellen Verwandtschaftsmatrix (NRM) bei der Rasse Braunvieh

		nicht genotypisiert (N=26.559)		genotypisiert (N=1.530)	
		NRM	H	NRM	H
nicht genotypiert	NRM	0,022*	0,982 ⁺	-	0,971 ⁺
	H	-	0,027*	-	-
genotypisiert	NRM	-	-	0,023*	0,901 ⁺
	H	-	-	-	0,031*

*) Standardabweichungen der Diagonalelemente innerhalb einer Matrix (H oder NRM).

†) Korrelationen zwischen den Offdiagonalelemente der H Matrix und NRM Matrix

Abbildung 8.9: Zusammenhang zwischen dem durchschnittlichen Gesamtzuchtwert (GZW) und der durchschnittlichen konventionellen Verwandtschaft (links) bzw. genomischen Verwandtschaft (rechts) bei den selektierten Kandidaten bei verschiedenen relativen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung (von -5 bis -500) bei Braunvieh



In der Abbildung 8.9 sind die durchschnittlichen Gesamtzuchtwerte den durchschnittlichen konventionellen (links) bzw. genombasierten (rechts) Verwandtschaftskoeffizienten der selektierten Kandidaten aus OC Läufen mit unterschiedlichen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung gegenübergestellt. Auffällig ist, dass über genombasierte Ansätze das Niveau der durchschnittlichen Verwandtschaften durchgängig über alle Szenarien konstant um etwa 2 % erhöht ist. Im relativen Vergleich der Szenarien ergeben sich allerdings nur geringe Unterschiede. Die genombasierte Verwandtschaft schätzt also geringfügig höhere Verwandtschaft bzw. zukünftige Inzucht. Da die selektierten Stiere sowie die zugehörigen Einsatzhäufigkeiten innerhalb der Szenarien relativ ähnlich waren (Ergebnisse hier nicht dargestellt), könnte sich diese Beobachtung durch eine unterschiedliche Skalierung der genomischen Verwandtschaft im Gegensatz zur pedigreebasierten Verwandtschaft erklären lassen. Die beiden Matrizen referenzieren also nicht zu 100% auf die gleiche Basispopulation.

Aufgrund der geringen Unterschiede in den beiden betrachteten OC Schemata, verbunden mit dem hohen Aufwand an Computerressourcen (Speicher und CPU Rechenzeit) der für die Berücksichtigung der genombasierten Verwandtschaft erforderlich wäre, erscheint derzeit eine Berücksichtigung der H Matrix im OC Verfahren als nicht gerechtfertigt. Die routinemäßige Einführung einer Single Step ZWS könnte jedoch den erforderlichen rechentechnischen Zusatzaufwand in einigen Jahren stark reduzieren, da die H Matrix bei den meisten derzeit diskutierten Implementierungen die Grundlage dieses Schätzsystems ist.

8.5.3 Ergebnisse bei Pinzgauer

8.5.3.1 Kriterien für die Auswahl von potenziellen Selektionskandidaten

Kriterium	Einschränkung
Geburtsjahrgänge:	2006 bis 2014 (Teststiere 2010-2014)
GZW für weibliche bzw. männliche Tiere:	>110, >108
goZW Fundament:	>100
goZW Euter:	>100
Paarungen für Jahrgänge zulässig:	2006 bis 2013
Relatives Gewicht auf GZW:	1
Relatives Gewicht auf Inzuchtvermeidung:	-5, -10, -25, -75, -100, -250, -500

In der Tabelle 8.10 sind die wichtigsten Ahnen der nach den oben dargestellten Kriterien vorselektierten potenziellen Kandidaten aufgelistet. Der Genbeitrag bezieht sich auf die Gruppe der männlichen und weiblichen Selektionskandidaten.

Tabelle 8.10: Wichtigste Ahnen der potentiellen Kandidaten nach Genbeitrag bei Pinzgauer

Rang	Nummer	Name	Geburtsdatum	Genbeitrag
1	040000476354547	RAT	23.12.2001	0,198
2	040000538704357	MASCHA	29.12.1989	0,131
3	040000074300857	ADRIAN	23.01.1967	0,125
4	040000126343434	RANK	27.12.1998	0,102
5	040000732645357	WALDIN	04.02.1997	0,099
6	040000467000957	LUTZ	07.04.1986	0,087
7	040000233915157	ASTON	23.03.1970	0,086
8	040000441500957	MET	07.11.1984	0,084
9	040000600950357	MALTUS	29.04.1993	0,075
10	040000057800857	ARN	25.07.1958	0,071
11	040000687054257	RONALD	02.11.1995	0,070
12	040000458828357	WALDIN	12.04.1985	0,067
13	040000549201809	LUST	02.01.2006	0,059
14	040000002942348	LUCKI	12.01.1964	0,057
15	040000277900657	KOMET	23.11.1973	0,057
16	040000618998957	SALZBURG	21.05.1994	0,051
17	040000430519857	WALDIN	13.10.1983	0,050
18	124000000311569	BRAND RED	07.10.1967	0,050
19	040000463500657	GENERAL	29.10.1985	0,048
20	040000002828448	LOTSE	22.09.1960	0,047

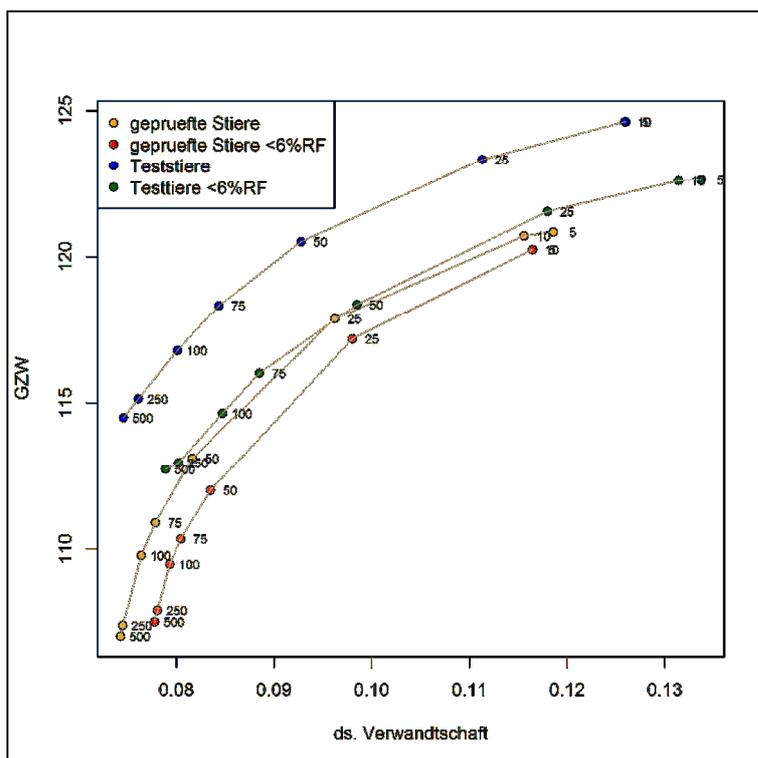
In der Abbildung 8.10 sind die durchschnittlichen Gesamtzuchtwerte den durchschnittlichen Verwandtschaftskoeffizienten der selektierten Kandidaten aus OC Läufen mit unterschiedlichen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung gegenübergestellt.

Die Szenarien der Selektion von geprüften Stiere für die gezielte Paarung bzw. die Selektion der Teststierkandidaten als Teststiere sind getrennt dargestellt.

Interessant ist die Beobachtung, dass das genetische Niveau der Teststierkandidaten bei der Selektion aus Kandidaten bis zu 25% RF Fremdblutanteil zu einem deutlich höheren genetischen Niveau führt im Vergleich zu den Szenarien bei denen eine Restriktion auf maximal 5% RF Fremdblutanteil angelegt wurde. Wie erwartet liegt das genetische Niveau der selektierten Teststierkandidaten wiederum deutlich höher als jenes der geprüften Vererber.

Im Vergleich zum Fleckvieh und Braunvieh ist der Kurvenverlauf bei den verschiedenen betrachteten Szenarien deutlich flacher. Hohe Gewichte auf die Inzuchtvermeidung scheinen demnach weniger drastische Effekt auf den erreichbaren Zuchtfortschritt zu haben. Dies könnte mit de,r im Vergleich zu Fleckvieh und Braunvieh, geringeren Selektionsintensität zusammenhängen.

Abbildung 8.10: Zusammenhang zwischen dem durchschnittlichen Gesamtzuchtwert (GZW) und der durchschnittlichen Verwandtschaft der selektierten Kandidaten bei verschiedenen relativen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung (von -5 bis -500) bei Pinzgauer



8.5.3.2 Geprüfte Stiere

In der Tabelle 8.11 sind die kumulierten Genbeiträge von Vätern der selektierten geprüften Vererbern (max. 25% RF Blutanteil) bei den jeweiligen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung aufgelistet. In den Varianten mit fast ausschließlicher Selektion auf den GZW werden insgesamt je 13% der Besamungen mit Söhnen von RITZ, RITTER bzw. LODER durchgeführt.

Andererseits spielen Stiere wie MEDUS und SPERBER bei Szenarien mit starkem Gewicht auf die Inzuchtvermeidung eine zunehmend wichtige Rolle. Wie erwartet werden bei den Szenarien mit starker Inzuchtvermeidung wesentlich mehr Stiere mit jeweils niedrigerem Besamungsanteil eingesetzt.

Tabelle 8.11: Genbeiträge der Väter von selektierten geprüften Stieren mit Beschränkung des RF Fremdgenanteil auf max. 25% bei verschiedenen relativen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung (von -5 bis -500) bei Pinzgauer

	Relatives Gewicht auf Inzuchtvermeidung															
	-5		-10		-25		-50		-75		-100		-250		-500	
	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere
RITZ	13	1	13	1	13	2	12	2	11	2	10	2	8	2	8	2
MOKKA	0	0	2	1	10	1	12	1	10	1	10	1	7	1	6	1
STRATUS	0	0	2	1	12	1	12	1	10	1	10	1	7	1	6	1
RITTER	13	1	13	1	13	1	11	1	8	1	7	1	2	1	2	1
KARTON	0	0	0	1	5	1	9	1	9	1	9	1	9	1	8	1
LODER	13	1	13	1	11	1	6	1	2	1	1	1	0	0	0	0
SPERBER	0	0	0	0	2	1	6	1	9	1	9	1	10	1	11	1
SIEGER	0	0	0	1	4	1	6	1	5	1	5	1	4	1	4	1
FALCO	0	0	0	0	0	1	5	1	7	1	8	1	10	1	10	1
WIFF	0	0	0	0	1	1	4	2	6	2	7	2	10	2	10	2
GARY	0	0	0	0	2	1	3	1	3	1	2	1	2	1	2	1
LORENZO	0	0	0	0	0	1	2	1	4	1	5	1	7	1	7	1
LEKTOR	0	0	0	1	0	1	2	1	2	1	3	1	3	1	3	1
MEDUS	0	0	0	0	0	0	2	1	6	1	8	1	12	1	12	1
GIMPL	0	0	0	0	0	0	2	1	3	1	3	1	4	1	4	1
KANT	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
LOTTO	0	0	0	0	2	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0
MALTUS	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0
RASANT	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	2	1	2	1	2	1
LUREX	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	2	1
RONUS	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0
SALTER	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0
LUX	13	1	11	1	4	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
NERZ	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	2	1
RAT	27	2	26	2	10	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RANK	13	1	13	1	9	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
LUTZ	7	1	5	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GOETZ	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1
NUSIL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1

In der Tabelle 8.12 sind die kumulierten Genbeiträge von Vätern der selektierten geprüften Vererber (max. 5% RF Blutanteil) bei den jeweiligen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung aufgelistet. In den Varianten mit fast ausschließlicher Selektion auf den GZW werden

insgesamt je 13% der Besamungen mit Söhnen von RITZ, STRATUS bzw. LODER durchgeführt. Andererseits spielen Stiere wie MEDUS, WIFF und GIMPL bei Szenarien mit starkem Gewicht auf die Inzuchtvermeidung eine zunehmend wichtige Rolle.

Tabelle 8.12: Genbeiträge der Väter von selektierten geprüften Stieren mit Beschränkung auf max. 5% Fremdgenanteil bei verschiedenen relativen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung (von -5 bis -500) bei Pinzgauer.

	Relatives Gewicht auf Inzuchtvermeidung															
	-5		-10		-25		-50		-75		-100		-250		-500	
	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere
RITZ	13	1	13	1	15	2	14	2	13	2	12	2	9	2	8	2
STRATUS	13	1	13	1	13	1	13	1	13	1	12	1	11	1	10	1
KARTON	0	0	0	0	10	1	12	1	12	1	12	1	12	1	12	1
WIFF	0	0	0	0	3	2	10	2	12	2	13	2	14	2	16	2
LODER	13	1	13	1	13	1	9	1	5	1	3	1	1	1	0	1
MEDUS	0	0	0	0	0	0	7	1	10	1	12	1	13	1	13	1
GARY	0	0	0	0	5	1	6	1	5	1	4	1	4	1	4	1
LOTTO	5	1	5	1	5	1	5	1	4	1	4	1	3	1	2	1
GIMPL	0	0	0	0	2	1	5	1	6	1	6	1	7	1	8	1
KANT	0	0	0	0	3	1	4	1	4	1	4	1	2	1	3	1
RONUS	2	1	2	1	4	1	3	1	2	1	2	1	2	1	1	1
RASANT	0	0	0	0	0	1	3	1	3	1	4	1	5	1	6	1
LUREX	0	0	0	0	0	1	3	1	4	1	4	1	5	1	5	1
SALTER	0	0	0	0	2	1	3	1	3	1	2	1	2	1	2	1
NUSIL	0	0	0	0	0	0	2	1	2	1	2	1	3	1	3	1
RAT	27	2	27	2	12	2	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
GOETZ	0	0	0	0	0	0	1	1	2	1	3	1	4	1	4	1
NERZ	0	0	0	0	0	0	1	1	2	1	2	1	4	1	4	1
LUTZ	13	1	13	1	4	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
RANK	13	1	13	1	10	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
MALTUS	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0

In der Tabelle 8.13 sind die kumulierten Genbeiträge von Muttersvätern der selektierten geprüften Stiere (max. 25% Fremdblutanteil) bei den jeweiligen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung aufgelistet.

Tabelle 8.13: Genbeiträge der Muttersväter von selektierten geprüften Stieren bei maximal 25% Fremdblutanteil bei verschiedenen relativen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung (von -5 bis -500) bei Pinzgauer

	Relatives Gewicht auf Inzuchtvermeidung															
	-5		-10		-25		-50		-75		-100		-250		-500	
	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere
ALI	0	0	2	1	12	1	12	1	10	1	10	1	7	1	6	1
LOREDO	0	0	2	1	10	1	12	1	10	1	10	1	7	1	6	1
MANDARIN	27	2	27	2	20	2	11	1	8	1	7	1	2	1	2	1
SAILER	13	1	13	1	13	1	11	1	10	1	8	1	5	1	5	1
STOISS	0	0	0	1	5	1	9	1	9	1	9	1	9	1	8	1
MONTE	0	0	0	1	4	2	8	2	9	2	10	2	11	2	11	2
GNEIS	13	1	13	1	11	1	6	1	2	1	1	1	0	0	0	0
WINKER	0	0	0	0	2	1	6	1	9	1	9	1	10	1	11	1
LUCKI	0	0	0	0	0	1	5	1	7	1	8	1	10	1	10	1
STRATUS	0	0	0	0	1	1	3	1	3	1	3	1	4	1	4	1
LUTZ	0	0	0	0	2	1	3	1	3	1	2	1	2	1	2	1
BIBER	0	0	0	1	0	1	2	1	2	1	3	1	3	1	3	1
MULTI	0	0	0	0	0	0	2	1	6	1	8	1	12	1	12	1
MAMUT	0	0	0	0	0	0	2	1	3	1	4	1	6	1	6	1
MATADOR	0	0	0	0	0	0	2	1	3	1	3	1	4	1	4	1
MALTUS	0	0	0	0	2	1	1	1	0	2	0	1	0	1	0	1
MARTENKO	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
MUSTANG	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0
METIST	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	2	1	2	1	2	1
MEISSEL	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	2	1
LORENZO	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0
MONTUS	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0
ADRIAN	13	1	11	1	4	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
RANGER RED	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	1	4	1	3	1
RONALD	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	2	1
MASCHA	13	1	13	1	9	2	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1
TOBI	13	1	13	1	3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SIEGER	7	1	5	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

In der Tabelle 8.14 sind die kumulierten Genbeiträge von Muttersvätern der selektierten geprüften Stiere (max. 5% Fremdblutanteil) bei den jeweiligen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung aufgelistet.

Tabelle 8.14: Genbeiträge der Muttersväter von selektierten geprüften Stieren mit Beschränkung auf max. 5% Fremdgenanteil bei verschiedenen relativen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung (von -5 bis -500) bei Pinzgauer

	Relatives Gewicht auf Inzuchtvermeidung															
	-5		-10		-25		-50		-75		-100		-250		-500	
	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere
ALI	13	1	13	1	13	1	13	1	13	1	12	1	11	1	10	1
SAILER	13	1	13	1	13	1	13	1	12	1	12	1	9	1	8	1
STOISS	0	0	0	0	10	1	12	1	12	1	12	1	12	1	12	1
GNEIS	13	1	13	1	13	1	9	1	5	1	3	1	1	1	0	1
MALTUS	5	1	5	1	5	1	7	2	6	2	6	2	5	2	5	2
MULTI	0	0	0	0	0	0	7	1	10	1	12	1	13	1	13	1
STRATUS	0	0	0	0	2	1	6	1	6	1	6	1	6	1	7	1
LUTZ	0	0	0	0	5	1	6	1	5	1	4	1	4	1	4	1
MAMUT	0	0	0	0	1	1	5	1	6	1	7	1	8	1	9	1
MATADOR	0	0	0	0	2	1	5	1	6	1	6	1	7	1	8	1
MARTENKO	0	0	0	0	3	1	4	1	4	1	4	1	2	1	3	1
LORENZO	2	1	2	1	4	1	3	1	2	1	2	1	2	1	1	1
METIST	0	0	0	0	0	1	3	1	3	1	4	1	5	1	6	1
MEISSEL	0	0	0	0	0	1	3	1	4	1	4	1	5	1	5	1
MONTUS	0	0	0	0	2	1	3	1	3	1	2	1	2	1	2	1
MASCHA	13	1	13	1	11	2	2	2	2	2	3	2	4	2	4	2
MANDARIN	13	1	13	1	9	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
RONALD	0	0	0	0	0	0	1	1	2	1	2	1	4	1	4	1
SIEGER	13	1	13	1	4	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TOBI	13	1	13	1	4	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
GENERAL	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0

8.5.3.3 Teststiere

In der Tabelle 8.15 sind die kumulierten Genbeiträge von Vätern der selektierten Teststiere (max. 25% RF Blutanteil) bei den jeweiligen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung aufgelistet. In den Varianten mit fast ausschließlicher Selektion auf den GZW werden insgesamt 87% der Besamungen mit Söhnen von RAT durchgeführt. Dies lässt sich dadurch erklären, dass RAT und dessen Söhne aufgrund der herausragenden Zuchtwerte eine extreme Ausnahmestellung einnehmen. Aus züchterischer Sicht erscheint ein neuerlicher Einsatz von Teststieren von RAT aber als nicht sinnvoll. Daher würde die Selektion von Rat Söhnen als Teststierkandidaten in praktischen Anwendungen im Programm EVA mit einer Restriktion belegt werden (siehe 8.4.3.3, Eingabeparameter).

Andererseits spielen Stiere wie RINGO, STRAWANZER und GIRAS bei Szenarien mit starkem Gewicht auf die Inzuchtvermeidung eine zunehmend wichtige Rolle. Wie erwartet werden bei den Szenarien mit starker Inzuchtvermeidung wesentlich mehr Stiere mit jeweils niedrigerem Besamungsanteil eingesetzt.

Tabelle 8.15: Genbeiträge der Väter von selektierten Teststieren (max 25% Fremdgenanteil) bei verschiedenen relativen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung (von -5 bis -500) bei Pinzgauer

	Relatives Gewicht auf Inzuchtvermeidung															
	-5		-10		-25		-50		-75		-100		-250		-500	
	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere
RAT	87	8	87	8	79	9	40	9	20	11	10	8	0	0	0	0
RAMORAT	13	1	13	1	13	2	14	5	12	7	10	7	6	3	4	2
LUST	0	0	0	0	3	2	11	2	10	5	9	6	5	5	4	3
MUNGO	0	0	0	0	1	2	10	8	9	6	7	7	2	4	1	5
RINGO	0	0	0	0	0	1	4	9	7	11	10	11	15	9	14	8
RUFUS	0	0	0	0	1	5	3	9	6	8	4	8	7	6	8	5
LUCHS	0	0	0	0	1	2	2	7	3	7	3	11	3	8	3	4
ROLL	0	0	0	0	0	1	2	6	2	6	4	14	4	15	3	11
REIF	0	0	0	0	0	2	2	5	2	4	1	2	3	1	3	2
LORD	0	0	0	0	1	1	2	2	2	5	3	2	6	2	5	1
LOSER	0	0	0	0	0	0	1	7	2	10	2	8	2	9	2	2
RICK	0	0	0	0	0	0	1	6	2	6	4	14	3	11	2	9
RAMOS	0	0	0	0	1	3	1	5	3	7	3	5	5	6	2	6
WICHT	0	0	0	0	0	1	1	4	2	4	3	5	3	5	7	4
STRAWANZER	0	0	0	0	0	0	1	4	3	5	5	6	6	5	8	5
MALDEN	0	0	0	0	0	0	1	4	1	5	2	11	3	8	4	9
MOREDO	0	0	0	0	0	0	1	3	2	5	3	4	3	5	5	6
KANDIS	0	0	0	0	0	0	1	2	2	3	2	5	6	3	5	3
REITER	0	0	0	0	0	0	1	1	0	2	1	5	1	5	1	5
RIST	0	0	0	0	0	0	0	2	2	3	1	3	1	3	0	2
LENTA	0	0	0	0	0	0	0	2	1	2	1	2	1	2	1	2
GEISLER	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	2	1
GIRAS	0	0	0	0	0	0	0	1	2	5	3	5	4	5	7	5
KHAN	0	0	0	0	0	0	0	1	1	3	2	3	4	3	5	3
SULTAN	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	2	1
LURN	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	2	1	2
MONKY	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
STRAMON	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0
RASTER	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	2	1
GAMON	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	0	2	0	2
GIRON	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	1	1	0	1
LOTTO	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1
RITTER	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0
NERO	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	1	0	2

Tabelle 8.16: Genbeiträge der Väter von selektierten Teststieren mit Beschränkung auf max. 5% Fremdgenanteil bei verschiedenen relativen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung (von -5 bis -500) bei Pinzgauer

	Relatives Gewicht auf Inzuchtvermeidung															
	-5		-10		-25		-50		-75		-100		-250		-500	
	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere
RAT	73	6	66	6	49	9	26	12	12	15	7	12	1	2	1	2
LOSER	0	0	7	2	21	4	21	10	15	14	14	14	8	17	8	8
MUNGO	13	1	13	1	14	5	16	14	14	18	11	15	11	5	10	3
RAMORAT	13	1	13	1	13	1	9	10	7	17	7	21	5	19	4	4
RINGO	0	0	0	0	1	2	9	9	15	9	16	9	24	9	26	6
REIF	0	0	0	0	1	4	6	19	7	13	7	26	3	15	1	4
LUST	0	0	0	0	0	1	3	12	3	13	3	13	3	12	2	6
STRAWANZER	0	0	0	0	0	0	3	3	6	3	7	3	12	3	15	3
ROLL	0	0	0	0	0	0	2	10	5	10	6	13	9	12	10	3
LORD	0	0	0	0	0	0	2	6	4	6	4	5	8	5	7	5
LUCHS	0	0	0	0	0	0	1	3	2	7	2	7	1	9	0	1
KHAN	0	0	0	0	0	0	1	1	3	1	2	1	6	1	10	1
KANDIS	0	0	0	0	0	0	0	2	2	6	3	6	3	6	1	4
GAMON	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	2	2	2	2	5	1
LODER	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	2	1	2	0	0
RIST	0	0	0	0	0	0	0	1	1	3	2	3	1	3	0	1
WITT	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	2	0	2
MALDEN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	4	1	5	0	1
MAX	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0
NERO	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	1	2	0	1
LURN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1
RAMON	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
RASTER	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
REITER	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
SAFRAN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	1	0	2

Tabelle 8.17: Genbeiträge der Muttersväter von selektierten Teststieren (max. 25% Fremdgenanteil) bei verschiedenen relativen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung (von -5 bis -500) bei Pinzgauer

	Relatives Gewicht auf Inzuchtvermeidung															
	-5		-10		-25		-50		-75		-100		-250		-500	
	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere
BISTON	40	3	40	3	38	4	36	5	27	5	18	5	6	4	3	3
LOTUS	27	2	27	2	26	4	22	5	15	5	12	6	4	4	3	3
GERON	13	1	13	1	13	1	8	1	4	1	2	1	0	0	0	1
BISON	0	0	0	0	1	1	5	7	6	6	6	7	16	5	14	5
MANDARIN	16	2	16	2	14	3	5	2	2	3	1	2	0	1	0	0
MEROLD	0	0	0	0	0	1	2	5	3	6	4	8	5	8	5	7
STRATUS	0	0	0	0	0	1	2	4	3	8	4	7	6	6	6	3
MARTUS	0	0	0	0	0	1	2	2	3	5	8	5	11	5	13	5
RAT	0	0	0	0	0	1	1	9	1	6	1	5	0	2	0	1
GNEIS	4	1	4	1	4	2	1	4	4	7	4	7	4	6	4	6
FABIO	0	0	0	0	1	3	1	3	2	4	2	4	3	3	1	3
MARMOR	0	0	0	0	0	1	1	3	2	3	2	3	2	3	3	3
GIMPL	0	0	0	0	0	0	1	3	1	6	2	7	2	5	2	5
RITZ	0	0	0	0	0	0	1	3	1	3	2	5	1	4	1	2
CLAUS	0	0	0	0	1	1	1	2	2	2	2	2	2	2	2	1
ROLL	0	0	0	0	0	1	1	2	1	2	1	2	0	1	0	1
MORTON	0	0	0	0	0	0	1	2	2	3	3	3	4	4	6	3
FRITZ	0	0	0	0	0	0	1	2	1	2	0	2	0	1	0	2
KARDAN	0	0	0	0	1	1	1	1	2	1	2	1	6	1	5	1
TOLEDO RED	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	3	1	3	1
GEROLD	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
MADOR	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	3	1	2	1	2
LORD	0	0	0	0	0	1	0	2	0	1	0	2	0	1	0	1
MALTUS	0	0	0	0	0	1	0	2	0	1	0	1	0	1	0	0
SATURN	0	0	0	0	0	0	0	2	1	3	2	4	2	3	4	3
LECKI	0	0	0	0	0	0	0	2	1	3	0	4	1	3	0	1
LOTTO	0	0	0	0	0	0	0	2	1	2	1	2	1	3	1	3
GLITZER	0	0	0	0	0	0	0	2	1	2	0	2	0	1	0	0
WIFF	0	0	0	0	0	0	0	2	0	1	1	4	2	4	1	2
TITAN	0	0	0	0	0	1	0	1	2	3	3	6	2	4	4	4
BINDER	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	2	1	1	1
LAWUNDA	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0
SAFIR	0	0	0	0	0	0	0	1	0	3	0	0	0	0	0	0

Tabelle 8.18: Genbeiträge der Muttersväter von selektierten Teststieren mit Beschränkung auf max. 5% Fremdgenanteil bei verschiedenen relativen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung (von -5 bis -500) bei Pinzgauer (verkürzt)

	Relatives Gewicht auf Inzuchtvermeidung															
	-5		-10		-25		-50		-75		-100		-250		-500	
	kum.	Anzahl	kum.	Anzahl	kum.	Anzahl	kum.	Anzahl	kum.	Anzahl	kum.	Anzahl	kum.	Anzahl	kum.	Anzahl
RAT	27	2	34	4	48	10	39	22	22	20	12	18	4	14	0	3
GNEIS	13	1	13	1	13	1	13	3	10	5	10	6	8	6	9	2
SAFIR	13	1	13	1	8	1	5	6	4	5	3	5	4	5	3	4
RITZ	0	0	0	0	0	2	5	5	6	6	7	6	10	5	10	3
STAR	13	1	13	1	12	1	5	1	2	1	0	1	0	0	0	0
LUCHS	13	1	13	1	11	1	3	3	0	1	0	0	0	0	0	0
TITAN	0	0	0	0	0	0	2	4	3	8	5	10	7	7	8	3
LITZLHOF	13	1	9	1	4	1	2	3	1	2	0	2	0	1	0	0
RINGO	0	0	0	0	1	1	2	2	2	2	3	2	1	2	0	0
GLÆCKNER	0	0	0	0	1	1	2	1	3	1	5	1	7	1	7	1
LUREX	0	0	0	0	0	1	2	1	2	1	3	1	5	2	4	1
FIDELIO	0	0	0	0	0	1	1	7	2	5	1	4	1	5	0	1
WIFF	0	0	0	0	0	1	1	3	3	3	3	7	5	3	4	1
LECKI	0	0	0	0	0	1	1	3	0	1	1	4	0	2	0	0
STRATUS	0	0	0	0	0	0	1	3	3	5	3	4	4	3	4	1
KHAN	0	0	0	0	0	0	1	3	1	4	0	1	0	1	0	0
FABIAN	0	0	0	0	0	0	1	3	2	3	1	2	1	2	2	1
WICK	0	0	0	0	0	0	1	3	2	3	2	3	1	2	1	1
GIMPL	0	0	0	0	0	0	1	2	1	3	2	4	1	3	1	3
GERL	0	0	0	0	0	0	1	2	3	2	2	2	4	1	4	1
MORTON	0	0	0	0	0	0	1	2	2	2	1	2	1	2	2	1
ROLL	0	0	0	0	0	0	1	2	1	1	1	4	0	2	0	0
WISENT	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	1	0	1	0	0
LUST	8	1	4	1	0	0	1	1	3	2	3	2	6	1	10	2
MICHI	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	1	2	1	2	1	1
LORD	0	0	0	0	0	0	1	1	2	2	2	2	1	2	0	1
RESTER	0	0	0	0	0	0	1	1	2	1	3	1	4	1	8	1
GILMOR	0	0	0	0	0	0	1	1	2	1	2	1	4	1	5	1
GLITZER	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	3	3	1	2	1
LODER	0	0	0	0	0	1	0	2	1	3	0	1	0	1	0	0
STRAWANZER	0	0	0	0	0	0	0	2	1	2	1	3	1	3	0	1
NERO	0	0	0	0	0	0	0	2	0	1	0	1	0	0	0	0
TUBA	0	0	0	0	0	0	0	1	1	5	2	5	3	7	2	2
LOSER	0	0	0	0	0	0	0	1	0	4	1	3	0	0	0	0
WANK	0	0	0	0	0	0	0	1	1	3	0	1	0	1	0	1
GIRON	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	0	1	1	2	0	2
SATURN	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	2	2	2	1	5	1
FAMOS	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	1	1	2	2
MARTENKO	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	1	1	1	2	1
MARDER	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
KANIS	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	2	0	2	0	0
LAGRO	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0	1	0	0

8.5.4 Ergebnisse bei Grauvieh

8.5.4.1 Kriterien für die Auswahl von potenziellen Selektionskandidaten

Kriterium	Einschränkung
Geburtsjahrgänge:	2006 bis 2014 (Teststiere 2010-2014)
GZW für weibliche bzw. männliche Tiere:	>110, >108
goZW Fundament:	>100
goZW Euter:	>100
Paarungen für Jahrgänge zulässig:	2011 bis 2013
Relatives Gewicht auf GZW:	1
Relatives Gewicht auf Inzuchtvermeidung:	-5, -10, -25, -75, -100, -250, -500

In der Tabelle 8.19 sind die wichtigsten Ahnen der nach den oben dargestellten Kriterien ausgewählten potenziellen Kandidaten aufgelistet. Der Genbeitrag bezieht sich auf die Gruppe der männlichen und weiblichen Selektionskandidaten.

Tabelle 8.19: Wichtigste Ahnen der potentiellen Kandidaten nach Genbeitrag bei Grauvieh

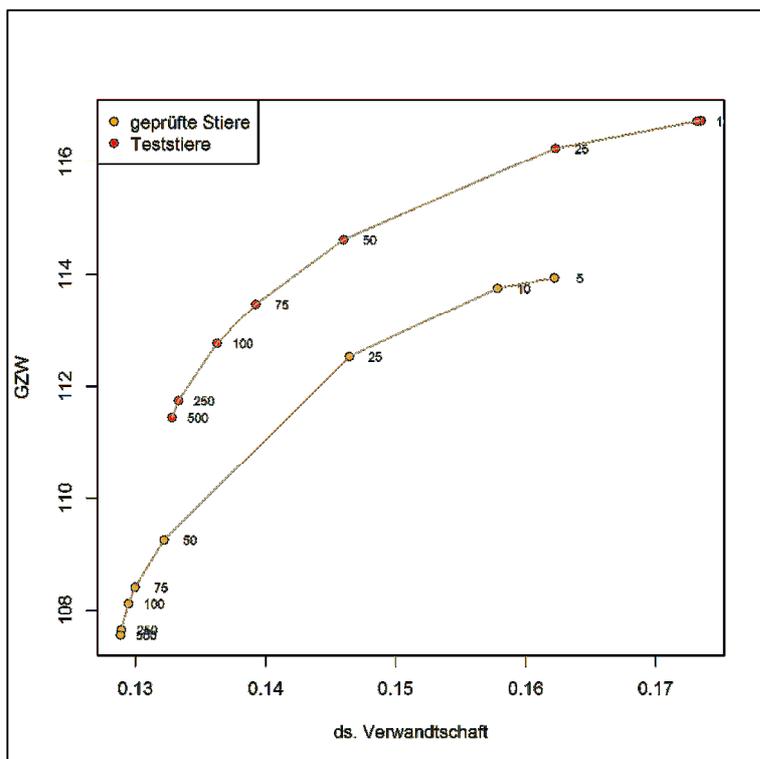
Rang	Nummer	Name	Geburtsdatum	Genbeitrag
1	040000083967876	DOGAN	27.09.1983	0,162
2	040000391926142	DICHULO	18.09.2000	0,141
3	040000216676976	DOLDUS	01.11.1996	0,118
4	040000216547376	ELVIERA	26.03.1996	0,113
5	040000042708776	DEGEN	22.01.1968	0,109
6	040000057193776	GUSTI	10.11.1972	0,105
7	040000064439876	DICHTER	12.10.1975	0,104
8	380021000007595	EMIL	05.11.1981	0,102
9	040000202952476	STELO	06.11.1991	0,099
10	040000092861976	ELDORA	01.11.1987	0,096
11	040000204300876	DIECHO	07.07.1993	0,093
12	040000201053376	DIZEM	24.09.1993	0,085
13	040000031555976	BLITZ	19.08.1960	0,081
14	040000453313707	FEZEM	23.10.2005	0,081
15	040000186042247	DINELO	13.10.2001	0,08
16	040000079454976	SCHMUCKI	20.11.1981	0,079
17	040000030110876	AAR	31.10.1961	0,079
18	040000027400476	DOLLAR	26.11.1958	0,075
19	040000058060876	ENTFUEHRER	10.12.1971	0,069
20	040000204033745	SEKOS	28.11.2000	0,067

In der Abbildung 8.19 sind die durchschnittlichen Gesamtzuchtwerte den durchschnittlichen Verwandtschaftskoeffizienten der selektierten Kandidaten aus OC Läufen mit unterschiedlichen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung dargestellt.

Es sind jeweils die Szenarien der Selektion der geprüften Stiere für die gezielte Paarung bzw. die Selektion der Teststierkandidaten als Teststiere getrennt dargestellt.

Wie erwartet liegt das genetische Niveau der selektierten Teststierkandidaten wiederum deutlich höher als jenes der geprüften Vererber. Im Vergleich zum Fleckvieh und Braunvieh ist der Kurvenverlauf bei den verschiedenen betrachteten Szenarien deutlich flacher. Hohe Gewichte auf die Inzuchtvermeidung scheinen demnach weniger drastische Effekt auf den erreichbaren Zuchtfortschritt zu haben. Dies könnte mit der im Vergleich zu Fleckvieh und Braunvieh geringeren Selektionsintensität zusammenhängen.

Abbildung 8.11: Zusammenhang zwischen dem durchschnittlichen Gesamtzuchtwert (GZW) und der durchschnittlichen Verwandtschaft der selektierten Kandidaten bei verschiedenen relativen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung (von -5 bis -500) bei Grauvieh



8.5.4.2 Geprüfte Stiere

In der Tabelle 8.20 sind die kumulierten Genbeiträge von Vätern der selektierten geprüften Vererbern bei den jeweiligen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung aufgelistet. In den Varianten mit fast ausschließlicher Selektion auf den GZW werden insgesamt je 16% der Besamungen mit Söhnen von DIONUS durchgeführt. Andererseits spielen Stiere wie ARTER und ECOSIL und NERLO bei Szenarien mit starkem Gewicht auf die Inzuchtvermeidung eine zunehmend wichtige Rolle. Wie erwartet werden bei den Szenarien mit starker Inzuchtvermeidung wesentlich mehr Stiere mit jeweils niedrigerem Besamungsanteil eingesetzt.

Tabelle 8.20: Genbeiträge der Väter von selektierten geprüften Stieren bei verschiedenen relativen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung (von -5 bis -500) bei Grauvieh

	Relatives Gewicht auf Inzuchtvermeidung															
	-5		-10		-25		-50		-75		-100		-250		-500	
	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere
STELO	14	1	17	2	12	1	14	1	14	1	14	1	13	1	13	1
CADO	0	0	0	0	4	1	14	1	14	1	14	1	14	1	14	1
ECOSIL	0	0	0	0	0	1	14	1	14	1	14	1	14	1	14	1
EMIL	0	0	0	0	13	1	14	1	14	1	14	1	14	1	14	1
DIONUS	16	2	16	2	14	1	10	1	7	2	5	2	1	1	1	1
NERVEX	0	0	0	0	3	1	9	1	10	1	9	1	8	1	8	1
DOLDUS	3	1	9	1	9	1	8	2	9	2	8	2	8	1	9	1
DENEUS	0	0	0	0	6	1	7	1	7	1	7	1	5	1	4	1
DINAT	14	1	14	1	14	1	4	1	0	1	0	0	0	0	0	0
NICEM	14	1	14	1	9	1	3	1	1	2	1	1	1	1	1	1
DIECHO	14	1	14	1	14	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
DIRIO	14	1	13	1	2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
ARTER	0	0	0	0	0	0	1	1	6	3	8	3	11	3	12	3
NERLO	0	0	0	0	0	0	0	1	4	1	5	1	7	1	8	1
DOGAN	10	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DEVIS	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	2	1
DOLF	0	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

In der Tabelle 8.21 sind die kumulierten Genbeiträge von Muttersvätern der selektierten geprüften Stiere bei den jeweiligen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung aufgelistet. In den Varianten mit fast ausschließlicher Selektion auf den GZW werden insgesamt 43% der Besamungen mit Enkeln von STELO durchgeführt. Andererseits spielen Stiere die auf der Mutterseite auf BERTL, DINOS, DIRKO, LARGER und NERVEX zurückgehen, bei Szenarien mit starkem Gewicht auf die Inzuchtvermeidung eine zunehmend wichtige Rolle.

Tabelle 8.21: Genbeiträge der Muttersväter von selektierten geprüften Stieren bei verschiedenen relativen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung (von -5 bis -500) bei Grauvieh

	Relatives Gewicht auf Inzuchtvermeidung															
	-5		-10		-25		-50		-75		-100		-250		-500	
	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere
ARTER	18	2	23	2	23	2	16	2	10	2	6	2	0	0	0	0
BERTL	0	0	0	0	13	1	14	1	14	1	14	1	14	1	14	1
DINOS	0	0	0	0	4	1	14	1	14	1	14	1	14	1	14	1
DIRKO	0	0	0	0	0	1	14	1	14	1	14	1	14	1	14	1
LARGER	0	0	3	1	12	1	14	1	14	1	14	1	13	1	13	1
DEZEM	0	0	0	0	3	1	9	1	10	1	9	1	8	1	8	1
STELO	43	3	42	3	25	3	7	3	1	3	1	2	3	2	4	2
ELEFANT	0	0	0	0	6	1	7	1	7	1	7	1	5	1	4	1
NERVEX	0	0	0	0	0	0	2	1	5	1	6	1	8	1	9	1
DIZEM	29	2	29	2	14	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
DOGAN	0	0	0	0	0	0	1	1	3	1	3	1	2	1	2	1
DOLDUS	1	1	2	1	0	0	0	1	4	1	5	1	7	1	8	1
STARUS	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	2	6	2	7	2
DENEUS	0	0	0	0	0	0	0	0	3	1	4	1	4	1	5	1
ECHO	10	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
EMIL	0	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

8.5.4.3 Teststiere

In der Tabelle 8.21 sind die kumulierten Genbeiträge von Vätern der selektierten Teststiere bei den jeweiligen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung aufgelistet. In den Varianten mit fast ausschließlicher Selektion auf den GZW werden 100% der Besamungen mit Söhnen von DICHULO durchgeführt. Es ist klar dass solch ein Zuchtprogramm aufgrund der Inzuchtentwicklung völlig inakzeptabel wäre.

Stiere wie STERUS und GEBRO spielen bei Szenarien mit starkem Gewicht auf die Inzuchtvermeidung eine zunehmend wichtige Rolle. Wie erwartet werden bei den Szenarien mit starker Inzuchtvermeidung wesentlich mehr Stiere mit jeweils niedrigerem Besamungsanteil eingesetzt.

Tabelle 8.22: Genbeiträge der Väter von selektierten Teststieren bei verschiedenen relativen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung (von -5 bis -500) bei Grauvieh

	Relatives Gewicht auf Inzuchtvermeidung															
	-5		-10		-25		-50		-75		-100		-250		-500	
	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere
DICHULO	100	8	99	9	77	14	36	10	18	8	9	6	1	1	0	0
DINELO	0	0	1	1	18	15	21	10	17	10	12	10	4	7	2	5
NICLUS	0	0	0	0	2	3	10	8	12	9	12	9	13	6	13	7
DIMOS	0	0	0	0	1	2	9	9	11	11	12	10	13	9	12	8
DIOKUS	0	0	0	0	2	3	7	5	10	7	11	6	12	6	13	5
SERGER	0	0	0	0	0	1	4	4	9	5	11	5	14	5	13	4
SEMUT	0	0	0	0	0	0	4	1	7	1	6	1	8	1	8	1
FESTO	0	0	0	0	0	0	3	3	4	5	6	5	6	4	5	2
DIWALD	0	0	0	0	0	1	2	1	3	1	3	2	3	2	2	2
STERUS	0	0	0	0	0	0	2	1	5	2	9	2	12	2	14	2
DEVIS	0	0	0	0	0	0	1	2	1	2	1	2	0	1	0	1
CADINOS	0	0	0	0	0	0	0	0	2	4	4	5	8	5	9	5
GEBRO	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2	4	2	5	2
FADER	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	1	2	1
FEZEM	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
BARKUS	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1
DOLDUS	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1
DIOMUS	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
NUSELO	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2	0	1

Tabelle 8.23: Genbeiträge der Muttersväter von selektierten Teststieren bei verschiedenen relativen Gewichten auf die Inzuchtvermeidung (von -5 bis -500) bei Grauvieh

	Relatives Gewicht auf Inzuchtvermeidung															
	-5		-10		-25		-50		-75		-100		-250		-500	
	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere	kum. Genb.	Anzahl Stiere
DOLDUS	53	4	53	5	45	10	23	12	14	10	9	13	4	6	2	4
NINUSO	0	0	0	0	8	5	17	8	21	9	20	8	18	8	17	8
STARUS	14	1	14	1	14	1	10	1	6	2	4	2	2	2	4	1
GEMUS	0	0	1	1	9	4	9	2	6	3	3	4	1	2	1	1
SEKOS	32	3	32	3	20	5	7	3	1	4	0	1	0	0	0	0
ARTODO	0	0	0	0	1	1	5	1	7	4	8	4	7	3	6	3
DONOLD	0	0	0	0	0	0	4	1	7	1	6	1	8	1	8	1
DICHULO	0	0	0	0	1	3	3	4	4	4	7	5	8	4	7	4
DIONUS	0	0	0	0	1	3	3	4	1	4	2	4	2	2	2	2
DINOS	0	0	0	0	0	1	3	3	4	4	4	2	4	2	2	2
STELO	0	0	0	0	1	1	3	2	2	2	1	2	0	1	0	0
DEVIS	0	0	0	0	0	0	2	2	6	3	10	3	14	3	15	3
DIRIO	0	0	0	0	0	0	2	2	3	2	4	3	6	2	5	2
STERUS	0	0	0	0	0	1	2	1	3	2	3	2	2	2	2	2
BOLZEN	0	0	0	0	0	1	2	1	3	1	3	1	1	1	0	0
NONOS	0	0	0	0	0	0	2	1	3	1	3	1	2	1	1	1
DINKOS	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0
FESTO	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0
ARTENO	0	0	0	0	0	0	1	1	3	1	4	1	5	1	5	1
DIOKUS	0	0	0	0	0	0	1	1	2	1	1	1	0	1	0	0
NERLO	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	2	1	2	1
ARTER	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	1	1	2
DIOBER	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
SEBASO	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	3	1	5	1	6	1
FANGUS	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	3	1	4	1
SERGER	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	4	2
DINAT	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	3	1
DISSU	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1
DINELO	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2	1	2	0	1
NOFER	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	2	2	2
NORIS	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1
CAPAN	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0

8.5.5 Implementierung im Zuchtprogramm

8.5.5.1 Genomische Zuchtprogramme

Bei den Rassen Fleckvieh und Braunvieh müssten EVA Läufe zur Optimierung der Genbeiträge bei jeder genomischen Zuchtwertschätzung, also 12 Mal pro Jahr durchgeführt werden.

Im Zuchtprogramm könnte die Information Eingang finden

- bei der Identifikation interessanter Kälber zur Genotypisierung
- bei der monatlichen genomischen Zuchtwertschätzung, (genomischer Zucht, Rang nach OC, Erbfehlerstati)
- beim Einsatz von genomischen Jungvererbern in der gezielten Paarung im Sinne eines IST – SOLL Vergleichs der Besamungszahlen

8.5.5.2 Konventionelle Zuchtprogramme

Bei den Rassen Pinzgauer und Grauvieh müssten EVA Läufe zur Optimierung der Genbeiträge wohl bei jeder konventionellen Zuchtwertschätzung, also 3 Mal pro Jahr durchgeführt werden.

Im Zuchtprogramm könnte die Information Eingang finden

- bei der Selektion interessanter Kälber als Teststiere
- bei der Selektion von geprüften Stieren als Stierväter
- beim Einsatz von geprüften Stieren als Stierväter in der gezielten Paarung im Sinne eines IST – SOLL Vergleichs der Besamungszahlen

8.6 Meilensteine – spezielle Fragestellungen

- Literaturstudium zu den verschiedenen Verfahren der Berücksichtigung der OC in Zuchtprogramm. Literaturstudium zur Berücksichtigung von Genominformation beim Inzuchtmanagement
- Test verschiedener Software um OC in der Routine zu implementieren. Auswahl des geeignetsten Programmes EVA für die weiteren Arbeiten
- Integration von Genomdaten in einen OC Ansatz über die H Matrix
- Entwicklung eines approximativen Verfahrens zur Berechnung eines Rangs nach OC für alle Tiere einer Selektionsgruppe
- Ausarbeitung und Implementierung der Berücksichtigung von OC in genomischen Zuchtprogrammen (Fleckvieh und Braunvieh) und konventionellen Zuchtprogrammen (Pinzgauer und Grauvieh)
- Validerung der Berücksichtigung von Genominformation in einem OC Ansatz im Vergleich zu konventioneller Verwandteninformation bei der Rasse Braunvieh

- Validerung der der Berechnung eines approximativen Rangs nach OC bei der Rasse Fleckvieh
- Vorstellung der OC Implementierung mit den Rassen - ARGEs und Diskussion von Verbesserungen inklusiver konkreter Planungen zur Implementierung in die Routine.

8.7 Publikationen

Fegg T. 2014: Modellierung alternativer Zuchtprogramme zur Optimierung des langfristigen Zuchtfortschrittes bei der Rasse Pinzgauer, Wien. Masterarbeit, 2014.

9 Arbeitspaket 5: Projektmanagement und partizipative Entwicklung

Ziel des Projektes war es, in enger Abstimmung mit der Praxis die Anforderungen der Landwirte und Organisationen zu erheben und die verschiedenen Bereiche im Zuchtablauf nach modernsten wissenschaftlichen Methoden und Techniken weiter zu entwickeln. Neben der engen Zusammenarbeit mit den österreichischen Zuchtorganisationen wurde eine Zusammenarbeit mit den deutschen Partnern in der gemeinsamen Zuchtwertschätzung gesucht. Die Ergebnisse wurden im Zuchtwertschätz-Team und dem Beratenden Ausschuss Zuchtwertschätzung für Deutschland-Österreich vorgestellt und diskutiert.

Zu Projektbeginn wurde mit den Vertretern der Fleckvieh-Zuchtorganisationen im November 2011 ein 2-tägiges Seminar abgehalten, wo die Anforderungen, Rahmenbedingungen und Erwartungen an das Projekt OptiGene diskutiert und konkrete Fragestellungen für die Zuchtplanungsrechnungen festgelegt wurden. Im Dezember 2011 wurden diese Aspekte mit den Braunvieh-Vertretern abgeklärt. Über das Projekt wurde laufend in verschiedenen Ausschüssen der ZAR (Genetik, Zuchtverband,..) oder Sitzungen des Lenkungsausschusses der AGÖF, bei Vorstandsitzung der verschiedenen Organisationen oder Mitgliederversammlungen berichtet.

Die Ausarbeitung eines Online-Fragebogens zur Befragung der Zuchtbetriebe der Rassen Braunvieh, Fleckvieh, Grauvieh und Pinzgauer wurde in Zusammenarbeit mit den Zuchtorganisation der betroffenen Rassen in den Monaten Februar und März 2012 durchgeführt. Die Züchterbefragung wurde mit Hilfe des Online-Tools „SurveyMonkey“ von 15. März 2012 bis 8. August 2012 durchgeführt. Die Bewerbung der Züchterbefragung wurde mit Unterstützung der Zuchtorganisationen durchgeführt. Die Züchterbefragung wurde auch bei Fleckvieh in Deutschland und Tschechien und Braunvieh in Deutschland durchgeführt.

Im Bereich des Arbeitspaketes 2 (Gesamtzuchtwert) wurden die Ergebnisse hinsichtlich der Berücksichtigung von direkten Gesundheitsmerkmalen im Gesamtzuchtwert im Ausschuss für Genetik der ZAR und im Zuchtwertschätz-Team der gemeinsamen Zuchtwertschätzung Österreich/Deutschland vorgestellt und diskutiert und schließlich im Beratenden Ausschuss Zuchtwertschätzung DEU/AUT im Juni 2013 die Einführung beschlossen. Seit August 2013 sind Gesundheits-Zuchtwerte bei den Rassen Fleckvieh und Braunvieh in der Routine im Gesamtzuchtwert integriert.

Für die Weiterentwicklung des Gesamtzuchtwertes wurde für die Rassen Fleckvieh und Braunvieh eine länderübergreifende Arbeitsgruppe (Deutschland/Österreich) eingerichtet. Ergebnisse zu den wirtschaftlichen Gewichten, den genetischen Parametern und Modellrechnungen zu unterschiedlichen Gewichtungen aus dem Projekt OptiGene bilden die Grundlagen für diese Weiterentwicklungen.

Die Ergebnisse aus den Zuchtplanungsrechnungen und Analysen zur Inzuchtentwicklung und dem Anpaarungsmanagement etc. wurden bei allen Rassen mit den Verantwortlichen der

Zuchtorganisationen diskutiert und die Zuchtprogramme überarbeitet bzw. wurden neue genomische Zuchtprogramme ausgearbeitet.

Öffentlichkeitsarbeit:

Über Ergebnisse aus dem Projekt wurde laufend in den Fachzeitschriften, beim ZAR-Seminar und weiteren Tagungen in Österreich berichtet. Ergebnisse aus der Züchterumfrage, Analysen aus dem Stoffwechselbereich, Modellrechnungen zur Genotypisierung von Kühen und Ergebnisse aus Simulationsstudien zu Selektionsindices wurden beim Europäischen Tierzuchtkongress präsentiert. Verschiedene Publikationen in renommierten wissenschaftlichen Journalen wurden durchgeführt (siehe Anlage).

Im Zuge der Bildungsprojekte der Rinderzucht AUSTRIA wurden Ergebnisse aus dem Projekte bei Fortbildungsveranstaltungen der Funktionäre und Lehrer vorgestellt. Ergebnisse aus dem Projekt sind auch bereits ins Züchterhandbuch (<https://zar.at/Downloads/Handbuecher.html>) eingeflossen.

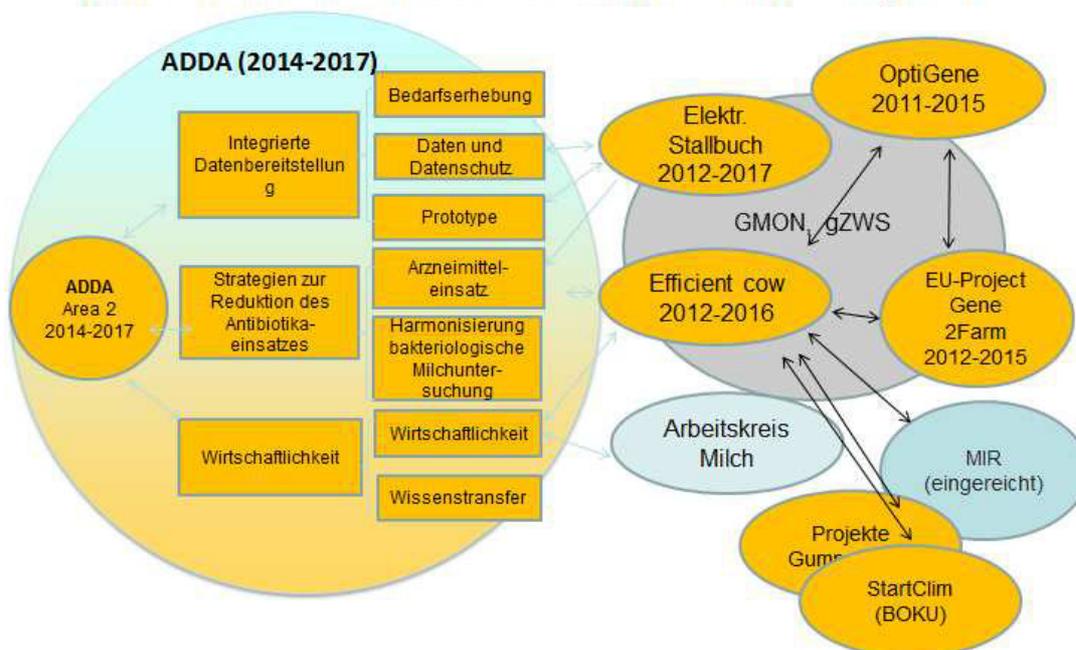
10 Nationale und internationale Vernetzung von Projekten und Aktivitäten

10.1 Nationale Zusammenarbeit

Synergien mit aktuellen Projekten der Rinderzucht AUSTRIA bzw. der ZuchtData werden gesucht. Das Projekt OptiGene baut auf den Vorarbeiten der Projekt „Gesundheitsmonitoring Rind“ und „Entwicklung einer genomischen Zuchtwertschätzung für Fleckvieh“ auf. Im Genombereich gibt es Synergien zum EU-Projekt „Gene2Farm“ über dem Projektpartner ZuchtData. Weitere aktuell laufende Projekte sind „Efficient Cow“ und „ADDA (Advancement of Dairying in AUSTRIA)“ oder „StartClim“ (Projektleitung PD Dr. Birgit Fürst-Waltl).

Abbildung 10.1: Übersicht über aktuelle Projekte mit Beteiligung der Rinderzucht AUSTRIA/ZuchtData und die Verknüpfung mit „Efficient Cow“

Schnittstellen von ADDA-Area2 mit anderen lfd. Projekten



10.2 Internationale Zusammenarbeit

Auf internationaler Ebene wurde im Rahmen des Projektes OptiGene mit den Kollegen aus Deutschland im Zuchtwertschätzteam der gemeinsamen länderübergreifenden Zuchtwertschätzung zusammengearbeitet. Prof. Vincent Ducrocq von der französischen Forschungsanstalt INRA (Institut nationale de la recherche agronomique) brachte seine wissenschaftliche Expertise wurde im Bereich methodischer Entwicklung Gesamtzuchtwert ins Projekt ein. Im Bereich der Erhebung zu den Anliegen der Landwirte, Fragen der Phänotypen und Genotypisierungen und Methoden der Zuchtplanung gibt es Synergien mit

dem EU-Projekt „Gene2Farm“. Mit der Universität Aarhus und VikingGenetics wurden zuchtplanerische Fragen gemeinsam erforscht. Zu Fragen der funktionalen Merkmale besteht über die ICAR Arbeitsgruppe Funktionale Merkmale ein rege wissenschaftliche Zusammenarbeit. Aus den beiliegenden Publikationen sind genauere Informationen zu entnehmen.

11 Publikationen – Gesamtübersicht

11.1 Wissenschaftliche Artikel und publizierte Vorträge

Publikationen

Ederer S., Egger-Danner C., Zollitsch W. und Fuerst-Waltl B. (2014): Metabolic disorders and their relationships to milk production traits in Austrian Fleckvieh. In: ICAR (International Committee for Animal Recording), http://www.icar.org/Documents/Berlin_2014/PPTs/Presented/Fuerst_Waltl.pdf

Egger-Danner C. (2013): Leistungsgrenzen beim Rind in Abhängigkeit von Züchtung und Management. Wintertagung 2013, Aigen im Ennstal, 24. und 25. Jänner 2013. ISBN: 978-3-902559-89-0.

Egger-Danner C. (2013): Zucht auf Fitness und Robustheit. Tierzuchtsymposium 2013: Tiere züchten - High Tech und Verantwortung. Grub, München (DEU), 6.12.2013.

Egger-Danner C. und Willam A. (2012): Zuchtprogramme und genomische Selektion: Fokus Tiergesundheit. In: 3-Länder-/ZAR-Seminar, <http://www.zar.at/download/Seminar2012.pdf>

Egger-Danner C., Cole J.B., Pryce J.E., Gengler N., Heringstad B., Bradley A. und Stock, K.F. (2014): Invited review: overview of new traits and phenotyping strategies in dairy cattle with a focus on functional traits. *Animal* 12:1-17. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25387784>.

Egger-Danner C., Cole J.B., Pryce J.E., Gengler N., Heringstad B., Bradley A. und Stock, K.F. (2013): Which phenotypes will be available in the near future. Invited paper at the Joint Session EAAP and Interbull in Nantes, August, 2013. http://interbull2.slu.se/www/v1/images/stories/nantes/JOINT-PDF/S10_3_Egger-Danner.pdf

Egger-Danner C., Fuerst C. und Schwarzenbacher H. (2012): Die robuste Fleckviehkuh – Zucht auf Fitness und Gesundheit. 19. Weltfleckviehkongress, Landshut, DEU, 22.9.2012.

Egger-Danner C., Fuerst-Waltl B., Fuerst C. (2012): Gesundheitsmonitoring Rind – Gesundheits-Zuchtwerte für Braunvieh in Österreich und Deutschland / Health monitoring in cattle – Breeding values for direct health traits in Brown Swiss in Austria and Germany. [Bruna 2012 - 9. Weltkongress der Braunviehzüchter, St. Gallen, DEC 6-8, 2012]

Egger-Danner C., Fuerst-Waltl B., Obritzhauser W., Fuerst C., Schwarzenbacher H., Grassauer B., Mayerhofer M., Koeck A. (2012): Recording of direct health traits in Austria – Experience report with emphasis on aspects of availability for breeding purposes. *J. Dairy Sci.* 95:2765–2777.

Egger-Danner C., Fürst C., Schwarzenbacher H. und Fürst-Waltl B. (2015): Neue Herausforderungen in der Zucht – welche aktuellen Maßnahmen setzt die RINDERZUCHT AUSTRIA? In: Höhere Bundeslehr- und Forschungsanstalt für Landwirtschaft Raumberg-Gumpenstein, 42. Viehwirtschaftliche Fachtagung, 13-22 <http://www.raumberg-gumpenstein.at>. ISBN: 978-3-902849-18-2.

Egger-Danner C., Hansen O.K., Stock K., Pryce J.E., Cole J. B., Gengler N. und Heringstad, B. (2013): Challenges and benefits of health data recording in the context of food chain quality, management and breeding. ICAR Technical Series No 17. ISBN: 92-95014-13-8.

Egger-Danner C., Schwarzenbacher H. und Willam A. (2014): Short communication: Genotyping of cows to speed up availability of GEBV for direct health traits in Austrian Fleckvieh (Simmental) cattle – genetic and economic aspects. J. Dairy Sci. 97, 4552-4556.

Egger-Danner C., Schwarzenbacher H., Fuerst C. und Willam A. (2014): Analysis of breeding strategies against genetic disorders in Austrian Fleckvieh cattle In Proceedings of the 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production: 17.08-22.08. 2014, Vancouver, Canada.

Egger-Danner C., Schwarzenbacher H., Fürst C. und Willam A. (2015): Management von Erbfehlern im Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA: Ergebnisse von Modellrechnungen. Züchtungskunde 87 (3): 201-214.

Egger-Danner C., Willam A., Fuerst C., Schwarzenbacher H. und Fuerst-Waltl B. (2012): Effect of breeding strategies using genomic information on fitness and health. J. Dairy Sci. 95: 4600-4609.

Egger-Danner, C. (2015): Züchterische Verbesserung der Klauengesundheit – Internationale Entwicklungen und aktueller Stand in Österreich: Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, Salzburg, 12. März 2015. In: Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter, Gesunde Klauen und gute Fundamente. <http://www.zar.at/download/Seminar2014.pdf>.

Fegg T. (2014): Modellierung alternativer Zuchtprogramme zur Optimierung des langfristigen Zuchtfortschrittes bei der Rasse Pinzgauer, Wien. Masterarbeit, 2014.

Fuerst C. und Egger-Danner C. (2014): Inclusion of direct health traits in the total merit index of Fleckvieh and Brown Swiss cattle in Austria and Germany. ICAR 39th Biennial Session, Berlin, Germany May 19-23.

Fuerst C., Koeck A., Egger-Danner C. und Fuerst-Waltl B. (2011): Routine genetic evaluation for direct health traits in Austria and Germany. Interbull Bulletin 44: 210-215.

Fuerst C., Pfeiffer C., Schwarzenbacher H., Steininger F. und Fuerst-Waltl B. (2014): Comparison of different methods to calculate a total merit index - results of a simulation study. In Proceedings of the 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production: 17.08 - 22.08. 2014, Vancouver, Canada.

Fuerst-Waltl B., Fuerst C. und Egger-Danner C. (2012): Claw health data in the routine health monitoring of Austrian Fleckvieh cattle. In: Wageningen Academic Publishers, Book of Abstracts of the 63rd Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, 49.

Fuerst-Waltl B., Egger-Danner C., Zollitsch W. und Fuerst-Waltl B. (2014): Metabolic disorders and their relationships to milk production traits in Austrian Fleckvieh. http://www.icar.org/Documents/Berlin_2014/PPTs/Presented/Fuerst_Waltl.pdf

Fuerst-Waltl B., Manzenreiter H., Egger-Danner C. und Zollitsch W. (2013): Are milk content traits adequate ketosis indicators? [64th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science (EAAP) , Nantes, AUG 26-30, 2013] In: Wageningen Academic Publishers (Ed.), Book of Abstracts of the 64th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, 524, ISBN: 978-90-8686-228-3, ISSN: 1382-6077

Fuerst-Waltl B., Schwarzenbacher H. und Fuerst C. (2013): Genetic relationship under different management systems and their consequences for dairy cattle breeding. *Agriculturae Conspectus Scientificus* 78:183-186.

Fürst C. (2013): Brauchen wir unterschiedliche Zuchtziele und Zuchtprogramme? Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, Salzburg, 21. März 2013. In: Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter, Die beste Kuh für's Gras. Anforderungen an die Zucht bei unterschiedlichen Betriebsintensitäten, 3-11, <http://www.zar.at/download/Seminar2013.pdf>.

Fürst C., Dodenhoff J., Egger-Danner C., Emmerling R., Hamann H., Krogmeier D. und Schwarzenbacher H. (2015): Zuchtwertschätzung beim Rind – Grundlagen, Methoden und Interpretationen. <http://www.zar.at/download/ZWS/ZWS.pdf>.

Fürst C., Egger-Danner C., Hamann H., Herold P. und Götz K.U. (2013): Einbeziehung von direkten Gesundheitsmerkmalen in den Gesamtzuchtwert bei Fleckvieh und Braunvieh. Vortragstagung der DGfZ und GfT am 4./5. September 2013 in Göttingen.

Fürst-Waltl B. und Fürst C. (2012): Das vergessene Merkmal: Aufzuchtverluste. In: Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter, 3-Länder-Seminar Deutschland-Schweiz-Österreich 2012, 48-53. <http://www.zar.at/download/Seminar2012.pdf>.

Fürst-Waltl B. und Fürst, C. (2013): Genetische Hintergründe von Merkmalsbeziehungen unter verschiedenen Umweltbedingungen. Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, Salzburg, 21. März 2013. In: Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter, Die beste Kuh für's Gras. Anforderungen an die Zucht bei unterschiedlichen Betriebsintensitäten, 3-11, <http://www.zar.at/download/Seminar2013.pdf>

Fürst-Waltl B., Fürst C. und Egger-Danner C. (2015): Gutes Fundament und gesunde Klauen - wie viel sagt die Nachzuchtbeschreibung über die Klauengesundheit aus? In: Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter, Gesunde Klauen und gute Fundamente. Einflussfaktoren und Verbesserungsmaßnahmen, 45-53.

Fürst-Waltl B., Fürst C., Obritzhauser W. und Egger-Danner C. (2015): Berücksichtigung direkter Gesundheitsmerkmale im Gesamtzuchtzuchtwert. In: Deutsche Gesellschaft für Züchtungskunde e.V., DGfZ Schriftenreihe Heft 66; 7. Rinder-Workshop Uelzen, 103-112; ISSN 0949-8842.

Hamann H., Götze S., Gollè-Leidreiter F., Herold P., Fürst C. und Egger-Danner C. (2013): Gesundheitsmerkmale bei Rindern in Baden-Württemberg: Erfassung und Entwicklung einer Zuchtwertschätzung. Vortragstagung der DGfZ und GfT am 4./5. September 2013 in Göttingen.

Huber, E. (2013): Analyse von Gesundheitsmerkmalen beim österreichischen Braunvieh. Masterarbeit, Universität für Bodenkultur Wien, pp 66.

Kaltenbrunner, T. (2012): Erfassung von Gesundheitsmerkmalen bei der Rasse Holstein. Masterarbeit, Universität für Bodenkultur Wien, pp 49

Krogmeier D., Egger-Danner C., Fürst C., Götze S., Hamann H. und Zeiler E. (2013): Die Nutzung von Diagnosedaten in der Zucht auf Gesundheitsmerkmale in Österreich und Deutschland. Europäischer Fleckviehkongress, Ptuj, Slowenien, 19.9. 2013.

Manzenreiter H., Fürst-Waltl B., Egger-Danner C. und Zollitsch W. (2013): Zur Eignung des Gehalts an Milchinhaltstoffen als Ketoseindikator. [40. Viehwirtschaftliche Fachtagung, Irdning, 18.-19.4.2013] In: LFZ Raumberg-Gumpenstein des BMLFUW, 40. Viehwirtschaftliche Fachtagung - Ökonomik, Proteinversorgung, Grundfutterqualität, Grundfutterkonservierung, Mutterkuhhaltung, Forschungsergebnisse LFZ, S. 9-19 ISBM: 978-3-902559-93-7

Manzenreiter, H. (2012): Milchinhaltstoffe als Indikatoren zur Erkennung von Ketose. Masterarbeit, Universität für Bodenkultur Wien, pp 89.

Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B., Ducrocq V. and Fuerst C. (2014): Approximate multivariate genetic evaluation of functional longevity and type traits in Austrian Fleckvieh cattle. In Proceedings of the 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production: 17.08 - 22.08. 2014, Vancouver, Canada.

Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B., Ducrocq V. und Fuerst C. (2014): Genetic parameters of functional longevity using a multivariate approach in Austrian Fleckvieh cattle. In Proceedings of the 65th Annual Meeting of the European Association for Animal Production: 25.-29.08.2014, Copenhagen, Denmark.

Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B., Schwarzenbacher H., Steininger F. und Fuerst C. (2014): A stochastic simulation study for the comparison of different methods to calculate a total merit index. Acta Agraria Kaposváriensis 18:40-46.

Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B., Schwarzenbacher H., Steininger F. und Fuerst C. (2015): A comparison of methods to calculate a total merit index using stochastic simulation. Genetics Selection Evolution 47:36.

Schwarzenbacher H. (2014): Erbfehlersuche I: Verwendung von genomweiten genetischen Markern (SNP-Chips). Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, Salzburg, 6. März 2014

In: ZAR - Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter (Hrsg.), Erbfehler in der Rinderzucht - Erkennung und erfolgreiches Management, S. 27-31.

Schwarzenbacher H. und Fürst C. (2013): Züchten wir die richtigen Kühe für extensive Betriebe? Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, Salzburg, 21. März 2013. In: Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter, Die beste Kuh für's Gras. Anforderungen an die Zucht bei unterschiedlichen Betriebsintensitäten, 3-11, <http://www.zar.at/download/Seminar2013.pdf>

Schwarzenbacher H., Fuerst C., Fuerst-Waltl B. und Dolezal, M. (2012): A genome-wide search for harmful recessive haplotypes in Brown Swiss and Fleckvieh cattle. 63rd Annual Meeting of the Association of European Animal Production, 27. August 2012. Bratislava, Slovakia. http://www.eaap.org/Previous_Annual_Meetings/2012Bratislava/Papers/Published/22_Schwarzenbacher.pdf.

Steininger F., Fuerst-Waltl B., Pfeiffer C., Fuerst C., Schwarzenbacher H. und Egger-Danner, C. (2012): Participatory development of breeding goals in Austrian dairy cattle. Acta Agriculturae Slovenica, Supplement 3, 143-147; ISBN: 978-961-6379-19-9; ISSN 1854-4800.

Steininger F., Fuerst-Waltl B., Pfeiffer C., Fuerst C., Schwarzenbacher H. und Egger-Danner, C. (2013): Future needs and challenges in dairy cattle breeding - based on a survey with Austrian Farmers. In: Wageningen Academic Publishers (Ed.) 133, ISBN: 978-90-8686-228-3, ISSN: 1382-6077, Book of Abstracts of the 64th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, 133, ISBN: 978-90-8686-228-3, ISSN: 1382-6077.

Steininger F., Fürst-Waltl B. und Egger-Danner C. (2013): Welche Anforderungen stellen die Züchter an die Kühe? [Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, Salzburg, MAR 21, 2013] In: Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter, Die beste Kuh für's Gras. Anforderungen an die Zucht bei unterschiedlichen Betriebsintensitäten, 3-11, <http://www.zar.at/download/Seminar2013.pdf>.

Steininger, F., Willam A., Fuerst, C., Schwarzenbacher, H., Egger-Danner, C. (2014): Genomisches Zuchtprogramm für Braunvieh Austria – Möglichkeiten zur Verbesserung von Fitness und Gesundheit. Genomic breeding program in Austrian Brown Swiss – possibilities to improve fitness and health. [Europakongress der Braunviehzüchter, Kempten/Allgäu (DEU), 28.-30.03.2014] In: Arbeitsgemeinschaft Deutsches Braunvieh, Kongressband / Congress Edition vom Europakongress der Braunviehzüchter, 34-38

Thomassen J.R., Egger-Danner C., Willam A., Guldbbrandtsen B., Lund M.S. und Sørensen A. C. (2014): Genomic selection strategies in a small dairy cattle population evaluated for genetic gain and profit. J. Dairy Sci. 2014: 97 (1) 458-470.

Eingereicht

Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B., Ducrocq V. und Fuerst C. (2015): Genetic relationships between functional longevity and direct health traits in Austrian Fleckvieh cattle. *Journal of Dairy Science* (Status: accepted minor revision).

Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B. und Fuerst C. (2015): Development of an approximate multitrait two-step approach for the joint genetic evaluation of Austria and Germany. *Agriculture* (eingereicht).

Thomasen JR., Willam A., Egger-Danner C. und Sørensen AC. (2015): Reproductive technologies combine well with genomic selection in dairy cattle breeding programs. *J. Dairy Sci.* (eingereicht).

Eingereicht und angenommen

Fuerst-Waltl B., Fuerst C., Obritzhauser W. und Egger-Danner C. (2015): Direct health traits and rearing losses in the total merit index of Fleckvieh cattle. 66th Annual Meeting of the European Association for Animal Production in Warsaw, Poland, 31.8.-4.9.2015.

Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B. and Fuerst C. (2015). Genetic associations between functional longevity and health traits in Austrian Fleckvieh cattle. 66th Annual Meeting of the European Association for Animal Production in Warsaw, Poland, 31.8.-4.9.2015.

Publikationen in Bearbeitung

Pfeiffer C., Fuerst C., Schwarzenbacher H. und Fuerst-Waltl B. (2015): Genotype by environment interaction in Austrian Fleckvieh cattle in organic and conventional production systems and their consequences for breeding objectives. *Livestock Science*.

Fuerst-Waltl, B.; Fuerst, C.; Obritzhauser, W. und Egger-Danner, C. (2015): Weighting of direct health traits in the total merit index. *J. Dairy Sci.*

Auszeichnungen

Featured articles of the month of J. Dairy Science and Animal:

Egger-Danner C., Fuerst-Waltl B., Obritzhauser W., Fuerst C., Schwarzenbacher H., Grassauer B., Mayerhofer M. und Koeck A. (2012): Recording of direct health traits in Austria – Experience report with emphasis on aspects of availability for breeding purposes. *J. Dairy Sci.* 95:2765–2777.

Egger-Danner C., Cole J.B., Pryce J.E., Gengler N., Heringstad B., Bradley A. und Stock, K.F. (2014): Invited review: overview of new traits and phenotyping strategies in dairy cattle with a focus on functional traits. *Animal* 12:1-17. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25387784>.

Best Poster Award der 'Genetic Commission':

Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B., Ducrocq V. und Fuerst C. (2014): Genetic parameters of functional longevity using a multivariate approach in Austrian Fleckvieh cattle. In Proceedings of the 65th Annual Meeting of the European Association for Animal Production: 25.08.-29.08.2014, Copenhagen, Denmark.

11.2 Fachartikel und nicht publizierte Vorträge

Fachartikel

Egger-Danner C. (2012): Neues genomisches Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA 2012. Was wird anders, was bringt es? Mitteilungen der Arbeitsgemeinschaft österreichischer Fleckviehzüchter, 1/2013.

Egger-Danner C. (2014): Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA – Aktuelles zur Umsetzung des neuen genomischen Zuchtprogrammes. Mitteilungen der Arbeitsgemeinschaft österreichischer Fleckviehzüchter, 1/2014.

Egger-Danner C. (2015): Forschungsschwerpunkt Rinderzucht – woran wird in Österreich derzeit geforscht? Rinderzucht Braunvieh, 2/2015.

Egger-Danner C. (2015): Im Fokus - Zuchtprogramm „Fleckvieh AUSTRIA“. Mitteilungen der Arbeitsgemeinschaft österreichischer Fleckviehzüchter, 1/2015.

Egger-Danner C. (2015): Zuchtprogramm aktuell: Der Jungstiereinsatz als Beschleuniger des Zuchtfortschrittes. Rinderzucht Salzburg, 2/2015.

Egger-Danner, C. (2014): Neue Merkmale in der Zucht und Leistungsprüfung. Blick ins Land.

Fürst C. und Egger-Danner C. (2013): FRW und EGW - Gesundheitsmerkmale jetzt im Gesamtzuchtwert! Mitteilungen der Arbeitsgemeinschaft österreichischer Fleckviehzüchter, 3/2013.

Fürst C. und Egger-Danner C. (2013): FRW und EGW - Gesundheitsmerkmale jetzt im Gesamtzuchtwert! Rinderzucht Fleckvieh, 3/2013.

Fürst C. und Egger-Danner C. (2013): Gesundheitszuchtwerte jetzt offiziell! Rinderzucht Braunvieh, 3/2013

Fürst-Waltl B. (2013): Aufzuchtverluste: Mögliche neue Merkmale in der Rinderzucht. Pinzgauer aktuell, 2, 14-15

Fürst-Waltl B. (2013): Vom Kalb zur Kuh: Aufzuchtverluste - interessant für die Zucht? Rinderprofi - das Magazin für Moderne Rinderhaltung, Februar 2013, 11-13

Steininger F. (2013): Wohin soll's gehen? Welches Ziel verfolgen die Fleckviehzüchter (Teil 1-4). Fleckvieh Austria 1-4/2013

Steininger F. (2013): Zuchtziel der Pinzgauer-Züchter in Österreich. Pinzgauer-Züchter legen hohen Wert auf Milchleistung und Fitness. Pinzgauer Aktuell. Juni 2013

Steininger F. (2015): Perspektiven für Pinzgauer AUSTRIA. Pinzgauer Aktuell. Juni 2015

Steininger F., Egger-Danner C. und Willam, A. (2013): „Braunvieh AUSTRIA 2012“. Wie wirken sich die Möglichkeiten der Genomischen Selektion auf die Österreichische Braunviehzucht aus? Braunvieh, 2/2013.

Nicht publizierte Vorträge

Egger-Danner C. (2013): Das neue Zuchtprogramm „Fleckvieh AUSTRIA“. Generalversammlung der AGÖF. 26.4.2013 in Flachau, Sbg.

Egger-Danner C. (2013): Leistungsgrenzen beim Rind in Abhängigkeit von Züchtung und Management. St. Andräer Agrarwoche, 31.1.2013.

Egger-Danner C. (2013): Zuchtprogramm „Fleckvieh AUSTRIA“ – alles neu? Bundesfleckviehschau und internationales Fleckviehforum, Mayerhofen im Zillertal am 6. April 2013.

Egger-Danner C. (2014): Neue Methoden in der Rinderzucht – Änderung der Zuchtprogramme aufgrund der genomischen Selektion. Lehrerfortbildung in Oberalm, Sbg am 12.12/2014.

Egger-Danner C., Steininger F., Willam A., Fuerst-Waltl B., Fuerst C., Schwarzenbacher H. und Pfeiffer, C. (2012): Optimierung der langfristigen züchterischen Entwicklung der österreichischen Rinderrassen unter besonderer Berücksichtigung der Gesundheit und der genomischen Selektion. Tierwissenschaftliches Seminar, 17.12.2012, Hohenheim

Fuerst C. (2013): Advances in selection for direct health traits and longevity in Austria. Pinzgauer World Congress, 5. 9. 2013, Pretoria, Südafrika.

Fuerst-Waltl B. (2013): Losses of replacement animals: Possible new traits in cattle breeding? Pinzgauer World Congress, 5. 9. 2013, Pretoria, Südafrika.

Fürst C., Fürst-Waltl B. (2015): Ökonomische Gewichtung von Fleisch im Vergleich zu anderen Merkmalskomplexen. Fachgespräch Fleckvieh stark im Fleisch, 31.03.2015, Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Grub, Deutschland

Fürst-Waltl B. (2011): Züchterumfrage im Rahmen von OptiGene. Workshop "Zuchtplanung und Optimierung der Zuchtprogramme für Fleckvieh" der Arbeitsgemeinschaft Österreichischer Fleckviehzüchter (AGÖF), Nov 17-18, 2011, Hotel Wienerwaldhof, Tullnerbach/NÖ.

Schwarzenbacher H. (2015): Abschluss des Projekts OptiGene: Gerüstet für die Zukunft! Vollversammlung Fleckvieh der Arbeitsgemeinschaft Österreichischer Fleckviehzüchter (AGÖF) am 30. 04. 2015 in Zeilern/Niederösterreich.

Steininger F. (2013): OptiGene Züchterbefragung. Ergebnisse der Züchterbefragung im Rahmen des Projektes OptiGene, Mitgliederversammlung der ASR, 09. Juli 2013, Seligweiler bei Würzburg.

Steininger F. (2013): Welches Zuchtziel verfolgen die Pinzgauer Züchter. Ergebnisse der Züchterbefragung im Rahmen des Projektes OptiGene, Vollversammlung der ARGE Pinzgauer, 15. Mai 2013, LFS Bruck.

Steininger F. (2013): Wohin soll's gehen? Welches Ziel verfolgen die Fleckviehzüchter (Teil 1-4). Fleckvieh Austria 1-4/2013.

Steininger F. (2013): Zuchtziel der Pinzgauer-Züchter in Österreich. Pinzgauer-Züchter legen hohen Wert auf Milchleistung und Fitness. Pinzgauer Aktuell. Juni 2013.

Willam A. (2012): Wie viel Zuchtfortschritt ist möglich? Was kann Zuchtplanung? ARGE-Braunvieh-Seminar – Präsentation Ergebnisse Zuchtplanung, 13.+14. Dezember 2012, Salzburg.

Willam A. (2013): Wie viel Zuchtfortschritt ist möglich? Was kann Zuchtplanung? Seminar „Zuchtprogramm Holstein Austria“ 21. und 22. Oktober 2013, Salzburg.

Willam A. und Egger-Danner C. (2013): Genomische Selektion mit Berücksichtigung direkter Gesundheitsmerkmale beim Fleckvieh. Seminar am Institut für Tierzucht und Tierhaltung der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel , 26.6.2013, Kiel.

12 Fortbildung, Kurse, Seminare, Sitzungen

2015

Zuchtwertschätzteam Visionary Meeting, 23.-24.06.2015 in Niederaltaich, Deutschland. Themen: Zuchtziel, GZW-Berechnung (Egger-Danner, Fürst, Schwarzenbacher)

Rassenübergreifende Sitzung der RZO-Unterausschüsse, 03.06.2015 in Sattledt. Neuer Gesamtzuchtwert bei Fleckvieh und Braunvieh – aktueller Stand (Fürst).

Vollversammlung AGÖF, 30.04.2015 in Zeillern (Schwarzenbacher)

Fleckvieh-Forum, 30.04.2015 in Neustadt/Aisch, Deutschland. Das neue Zuchtziel beim Fleckvieh - aktuelle Anmerkungen (Fürst)

Workshop "Zuchtplanung und Optimierung der Zuchtprogramme für Pinzgauer" mit ARGE Pinzgauer, 28.04.2015 in Maishofen (Egger-Danner, Schwarzenbacher, Steininger, Willam)

Workshop "Zuchtplanung und Optimierung der Zuchtprogramme für Grauvieh" mit dem Tiroler Grauviehzuchtverband, 27.04.2015 in Innsbruck (Egger-Danner, Schwarzenbacher, Steininger, Willam)

Arbeitsgruppe Zuchtziel, 13.04.2015 in München (Fürst)

Lenkungsausschuss AGÖF, 10.04.2015 in Sattledt (Fürst, Schwarzenbacher)

Fachgespräch Fleckvieh stark im Fleisch, 31.03.2015 in der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft in Poing-Grub, Deutschland (Fürst)

42. Viehwirtschaftliche Fachtagung, 25.-26.03.2015 in Raumberg-Gumpenstein (Egger-Danner)

Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, 12.3.2015 in Salzburg. Gesunde Klauen und gute Fundamente. Einflussfaktoren und Verbesserungsmaßnahmen (Egger-Danner, Fürst, Fürst-Waltl, Schwarzenbacher, Steininger)

Ausschuss für Genetik der ZAR, 11.03.2015 in Salzburg. Abstimmung mit ARGE Grauvieh und Pinzgauer bezüglich OptiGene-Seminare

7. Rinder-Workshop, 17.-18.02.2015 in Uelzen, Deutschland (Fürst-Waltl)

2014

Lehrerfortbildung, 12.12.2014 in Oberalm, Salzburg. Neue Methoden in der Rinderzucht - Änderung der Zuchtprogramme aufgrund der genomischen Selektion (Egger-Danner)

Lenkungsausschuss AGÖF, 05.12.2014 in Sattledt (Egger-Danner, Schwarzenbacher)

MiX99-Workshop, 03.-04.12.2014 in Tuusula, Finnland (Egger-Danner, Fürst, Schwarzenbacher)

Arbeitsgruppe Zuchtziel, 18.11.2014 in Salzburg (Egger-Danner, Fürst, Fürst-Waltl)

Zuchtwertschätzteam, 06.11.2014 in Salzburg. Vortrag: Ergebnisse Parameterschätzung (Fürst, Schwarzenbacher)

Animal Science Days, 16.-19.09.2014 in Keszthely, Ungarn. Vortrag: A stochastic simulation study for the comparison of different methods to calculate a total merit index (Pfeiffer)

65th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science (EAAP), 25.-29.8.2014 in Kopenhagen, Dänemark (Fürst-Waltl, Pfeiffer)

10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 17.-22.08.2014 in Vancouver, Kanada (Egger-Danner, Fürst, Fürst-Waltl, Pfeiffer, Schwarzenbacher, Willam)

Arbeitsgruppe Zuchtziel, 06.08.2014 in München (Egger-Danner, Fürst, Fürst-Waltl)

Zuchtwertschätzteam, 23.06.2014 in Salzburg. Vortrag: Erste Ergebnisse Parameterschätzung mit deregressierten Zuchtwerten (Fürst, Schwarzenbacher, Egger-Danner, Pfeiffer)

39th ICAR Session- Interbull Meeting, 19.-23.5.2014 in Berlin, Deutschland (Egger-Danner, Fürst-Waltl)

Europakongress der Braunviehzüchter, 28.-30.03.2014 in Kempten/Allgäu, Deutschland. Vortrag: Genomisches Zuchtprogramm für BRAUNVIEH AUSTRIA - Möglichkeiten zur Verbesserung von Fitness und Gesundheit (Steininger)

Arbeitstreffen mit Kollegen aus Dänemark bezüglich Auswertungen mit ADAM, 17.-19.03.2014 in Wien

Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, 06.03.2014 in Salzburg. Erbfehler in der Rinderzucht - Erkennung und erfolgreiches Management (Egger-Danner, Fürst-Waltl, Fürst, Schwarzenbacher)

2013

Kurs - Workshop EVA, 04.-08.11.2013 in Villnius, Litauen. Optimal Contribution Selection mit der EVA Software (Egger-Danner, Schwarzenbacher, Steininger)

Zuchtplanungsseminar Holstein Friesian, 21.-22.10.2013 in Wals bei Salzburg (Willam, Pfeiffer, Steininger, Egger-Danner)

21st International Symposium Animal Science Days, 18.-20.09.2013 in Padua, Italien (Fürst-Waltl)

Pinzgauer World Congress, 05.09.2013 in Pretoria, Südafrika (Fürst, Fürst-Waltl)

64th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science (EAAP), 26.-30.08.2013 in Nantes, Frankreich (Egger-Danner, Fürst-Waltl, Pfeiffer, Steininger, Willam)

Interbull Open Meeting, 24.-25.08.2013 in Nantes, Frankreich (Egger-Danner, Fürst-Waltl)

Workshop zum stochastischen Simulationsprogramm ADAM, 19.-21.07.2013 in Viborg, Dänemark (Pfeiffer, Schwarzenbacher, Steininger)

Vollversammlung der ASR, 09.07.2013 in Deutschland. Präsentation der Ergebnisse der Züchterbefragung (Steininger)

Besuch an der Aarhus University, Department of Molecular Biology and Genetics, 19.-21.06.2013 in Tjele, Dänemark. Einführung in die Simulationssoftware ADAM (Pfeiffer, Schwarzenbacher, Steininger)

ICAR Technical Meeting, 29.-31.05.2013 in Aarhus, Dänemark (Egger-Danner)

Vollversammlung der ARGE Pinzgauer, 15.05.2013 in Bruck an der Glocknerstraße. Präsentation der Ergebnisse der Züchterbefragung (Steininger)

Einführung in die Software R, 26.04 und 24.05.2013 in Universität für Bodenkultur, Wien (Fürst, Fürst-Waltl, Pfeiffer)

AGÖF-Vollversammlung, 26.04.2013 in Flachau (Egger-Danner)

Besuch bei Prof. Vincent Ducrocq, Institut de Génétique Animale et Biologie Intégrative INRA, 12.04.-22.04.2013 in Jouy-en-Josas, Frankreich. Einführung in die Computersoftware Genedit (Pfeiffer)

Fleckvieh-Forum im Rahmen der Bundesfleckviehschau, 06.04.2013 in Mayrhofen (Egger-Danner)

Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, 21.03.2013 in Salzburg. Die beste Kuh für's Gras (Egger-Danner, Fürst, Fürst-Waltl, Schwarzenbacher, Steininger)

Ausschuss für Genetik der ZAR, 20.03.2013 in Salzburg. Bericht über Ergebnisse und Stand der Umsetzung OptiGene

2011/2012

Tierwissenschaftliches Seminar, 17.12.2012 in Hohenheim, Deutschland (Egger-Danner)

Workshop "Zuchtplanung und Optimierung der Zuchtprogramme für Braunvieh" der Arbeitsgemeinschaft Österreichischer Braunviehzüchter, 13.-14.12.2012 in Wals bei Salzburg (Egger-Danner, Fürst, Fürst-Waltl, Schwarzenbacher, Steininger, Willam)

9. Weltkongress der Braunviehzüchter, 06.-08.12.2012 in St. Gallen, Schweiz (Egger-Danner, Schwarzenbacher)

Lenkungsausschuss Fleckvieh, 06.12.2012 in Sattledt. Präsentation: Ergebnisse der Züchterbefragung (Steininger)

63. Pinzgauer Züchtertagung, 21.11.2012 in Maishofen (Fürst-Waltl)

20th International Symposium Animal Science Days, 19.-21.09.2012 in Kranjska Gora, Slowenien (Fürst-Waltl, Pfeiffer)

63rd Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, 27.-31.08.2012 in Bratislava, Slowakei (Egger-Danner, Fürst-Waltl, Schwarzenbacher, Willam)

AGÖF-Sitzung, 04.07.2012 in Wien. Ergebnispräsentation: FLECKVIEH AUSTRIA (Egger-Danner, Fürst, Fürst-Waltl, Schwarzenbacher, Willam)

Besuch an der Aarhus University, Department of Molecular Biology and Genetics, 19.-21.06.2012 in Tjele, Dänemark. Vereinbarung Zusammenarbeit Zuchtplanung (Willam, Egger-Danner)

3-Länder-Seminar Deutschland-Schweiz-Österreich, 23.-24.05.2012 in Salzburg (Egger-Danner, Fürst, Schwarzenbacher)

Vorstandssitzung der ARGE Braunvieh, 16.12.2011 In Salzburg (Steininger)

Workshop der AGÖF, "Zuchtplanung und Optimierung der Zuchtprogramme für Fleckvieh" 17.-18.11.2011 in Tullnerbach (Egger-Danner, Fürst, Fürst-Waltl, Schwarzenbacher, Steininger, Willam)

13 Literaturverzeichnis

- Amer P.R., Kaufmann A. und Künzi N. (1996): Breed choice and pricing system implications for farmers and political institutions from a Swiss cattle farm model. In: J.B. Dent, M.J. McGregor und A.R. Sibbald (eds.) *Livestock farming systems. Research, development, socio-economics and the land manager*. EAAP Publ. No. 79, Wageningen Academic Publishers, Wageningen, The Netherlands, pp 253-258.
- Berg P., Nielsen J. und Sorenson MK. (2006): EVA realized and predicted optimal genetic contributions. 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production 2006.
- Boelling D., Groen A.F., Sørensen P., Madsen P. und Jensen J. (2003): Genetic improvement of livestock for organic farming systems. *Livestock Production Science* 80:79-88.
- Buch LH. (2011): Genetic improvement of functional traits in dairy cattle breeding schemes with genomic selection. PhD Thesis, Aarhus University, Aarhus, Denmark.
- Calo L.L., McDowell R.E., VanVleck L.D. und Miller P.D. (1973): Genetic aspects of beef production among Holstein-Friesians Pedigree selected for milk production. *J. Anim. Sci.* 37:676-682.
- Calus M.P.L., de Haas Y., Pszczola M. und Veerkamp R.F. (2013): Predicted accuracy of and response to genomic selection for new traits in dairy cattle. *Animal* 7, 183-191.
- Daetwyler H.D., Villanueva B., Bijma P. und Woolliams JA. (2007): Inbreeding in genome wide selection. *J. Anim. Breed. Genet.* 124:369-76.
- de Roos A.P.W. (2011): Genomic selection in dairy cattle. Ph.D. thesis, Wageningen University, the Netherlands.
- Dempfle L., (1992): Berücksichtigung von Fruchtbarkeit und Eutergesundheit in der Rinderzucht. *Züchtungskunde* 64:447-457.
- Dijkhuizen A.A., Stelwagen, J. und Renkema, J.A. (1986): A stochastic model for the simulation of management decisions in dairy herds, with special reference to production, culling and income. *Prev. Vet. Med.* 4:273–289.
- Ducrocq V., Boichard D., Barbat A. und Larroque H. (2001): Implementation of an approximate multitrait BLUP evaluation to combine production traits and functional traits into a total merit index. In *Proceedings of the 52nd Annual Meeting of the European Association for Animal Production: 26.08. – 29.08.2001, Budapest, Ungarn*.
- Egger-Danner C. (2012a). Kennzahlenbericht. Projektbericht "Weiterentwicklungen im Rahmen des TGD-Programmes Gesundheitsmonitoring Rind". Jänner 2012. Bundesministerium für Gesundheit, Wien, Österreich.
- Egger-Danner C. und Willam A. (2011): Berücksichtigung von Gesundheitsmerkmalen im Zuchtziel und Zuchtprogramm. In: ZAR - Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter (Hrsg.), *Zucht auf Eutergesundheit beim Rind*, 47-59.

Egger-Danner C., Fuerst-Waltl B., Obritzhauser W., Fuerst C., Schwarzenbacher H., Grassauer B., Mayerhofer M. und Koeck A. (2012c): Recording of direct health traits in Austria – Experience report with emphasis on aspects of availability for breeding purposes. *J. Dairy Sci.* 95:2765-2777.

Egger-Danner C., Gierzinger E., Willam A. und Sölkner J. (2000): Zuchtplanung und Optimierung der Zuchtprogramme für die Rassen Fleckvieh und Braunvieh. Forschungsbericht im Auftrag des BMLFUW, Arbeitsgemeinschaft österreichischer Fleckviehzuchtverbände; Arbeitsgemeinschaft österreichischer Braunviehzüchter.

Egger-Danner C., Schwarzenbacher H. und Willam A. (2014): Short communication: Genotyping of cows to speed up availability of GEBV for direct health traits in Austrian Fleckvieh (Simmental) cattle – genetic and economic aspects. *J. Dairy Sci.* 97, 4552-4556.

Egger-Danner C., Willam A., Fuerst C., Schwarzenbacher H. und Fuerst-Waltl, B. (2012b): Effect of breeding strategies using genomic information on fitness and health. *J. Dairy Sci.* 95: 4600-4609.

Falconer D.S. und Mackay TFC. (1996): *Introduction to Quantitative Genetics*. London: Pearson Education Ltd., 1996.

Ferenčaković M., Hamzić E., Gredler B., Solberg TR., Klemetsdal G., Curik I. und Sölkner J., 2013. Estimates of autozygosity derived from runs of homozygosity: empirical evidence from selected cattle populations. *J. Anim. Breed. Genet.* 130(4): 286-293.

Fewson D. (1993): Definition of the breeding objective. In: *Design of livestock breeding programmes*, 53-58 [AGBU, University of New England, Armidale, NSW, Australien]

Fitzhugh H.A. (1976): Analysis of growth curves and strategies for altering their shape. *J. Anim. Sci.* 42:1036-1051.

Fogh A., Aamand G. P., Hjørtø L. und Lauritsen U. (2013): Recording of data and identification issues. ICAR-Technical Workshop 2013, Aarhus, Denmark.

Fuerst C. and Sölkner J. 1994. Additive and nonadditive genetic variances for milk yield, fertility, and lifetime performance traits of dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 77:1114–1125.

Fuerst C. und Egger-Danner C. (2014): Inclusion of direct health traits in the total merit index of Fleckvieh and Brown Swiss cattle in Austria and Germany. ICAR 39th Biennial Session, Berlin, Germany May 19-23.

Fuerst C., Koeck A., Egger-Danner C. und Fuerst-Waltl B. (2010): Phenotypic and genetic relationships between clinical mastitis and udder conformation traits in Austrian Fleckvieh cattle. Proc. 9th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Leipzig, Germany, August, 1.-6., 2010.

Fuerst C., Koeck A., Egger-Danner C. und Fuerst-Waltl B. (2011): Routine genetic evaluation for direct health traits in Austria and Germany. *Interbull Bulletin* 44: 210-215.

- Fuerst C., Koeck A., Egger-Danner C. und Fuerst-Waltl B. (2011): Routine genetic evaluation for direct health traits in Austria and Germany. *Interbull Bulletin* 44: 210-215.
- Fuerst C., Pfeiffer C., Schwarzenbacher H., Steininger F. und Fuerst-Waltl B. (2014): Comparison of different methods to calculate a total merit index - results of a simulation study. 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Vancouver, CAN.
- Fuerst-Waltl B., Baumung R., Fuerst C., Köck A., Obritzhauser W., Schwarzenbacher H., Sölkner J., Willam A., Winter P. und Egger-Danner C. (2010): Gesundheitsmonitoring Rind: Entwicklung einer Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale. Abschlussbericht 100250 BMLFUW-LE.1.3.2/0043-II/1/2007. http://www.dafne.at/dafne_plus_homepage/index.php?section=dafneplus&content=result&&come_from=homepage&project_id=2704.
- Fürst C. und Egger-Danner C. (2013): FRW und EGW - Gesundheitsmerkmale jetzt im Gesamtzuchtwert! Mitteilungen der Arbeitsgemeinschaft österreichischer Fleckviehzüchter, 3/2013.
- Fürst-Waltl B., Baumung B., Fuerst C., Köck A., Obritzhauser W., Schwarzenbacher H., Sölkner J., Willam A., Winter P. und Egger-Danner C. (2010): Gesundheitsmonitoring Rind: Entwicklung einer Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale. Abschlussbericht zum Forschungsprojekt 100250 BMLFUW-LE.1.3.2/0043-II/1/2007.
- Fürst-Waltl B., Fürst C., Obritzhauser W., Egger-Danner C. (2015): Berücksichtigung direkter Gesundheitsmerkmale im Gesamtzuchtwert. 7. Rinderworkshop. „Neue Herausforderungen für die Rinderzucht und -haltung“, Uelzen, Deutschland.
- Garrick D.J., Taylor J.F. and Fernando R.L. (2009). Deregressing estimated breeding values and weighting information for genomic regression analyses. *Genetic Selection Evolution* 41:55.
- Gengler N., Mayeres P. und Szydlowski M. (2007): A simple method to approximate gene content in large pedigree populations: Application to the myostatin gene in dual-purpose Belgian blue cattle. *Animal* 1:21–28.
- Geno (2012): <http://www.genoglobal.no/no/Home/Norwegian-Red-Characteristics/Total-merit-index>.
- Gilmour A.R., Gogel B.J., Cullis B.R. und Thompson R. (2009). ASReml User Guide Release 3.0. VSN International Ltd, Hemel Hemstead, UK.
- Gonzalez-Recio O., Coffey MP., Pryce JE. (2014): On the value of phenotypes in the genomic era. *J. Dairy Sci.* 97:7905-15.
- Grundy B., Villanueva B. und Woolliams JA. (1998): Dynamic selection procedures for constrained inbreeding and their consequences for pedigree development. *Genet. Res.* 72:159-68.
- Grundy B., Villanueva B. und Woolliams JA. (2000): Dynamic selection for maximizing response with constrained inbreeding in schemes with overlapping generations. *Anim Sci.* 70:373-82.

- Hamm L.-R., Heim M., Weiß J. und Dorfner G. (2014): Landwirtschaftliche Erzeugerpreise in Bayern. LfL Grub, Bayern.
- Hazel L.N. und Lush J.L. (1942). The efficiency of three methods of selection. *Journal of Heredity* 33: 393-399.
- Heringstad B. (2009): Use of health data for dairy cows – Experiences from Norway. Meeting in Freistadt, Austria, December 1, 2009. <http://cgi.zar.at/download/Newsletter/Bjorg.pdf>. Accessed November 10, 2011.
- Heringstad B., Klemetsdal G. und Steine T. (2007): Selection responses for disease resistance in two selection experiments with Norwegian red cows. *J. Dairy Sci.* 90: 2419-2426.
- Huang Y., Hickey JM., Cleveland MA. und Maltecca C. (2012). Assessment of alternative genotyping strategies to maximize imputation accuracy at minimal costs. *Genetics Selection Evolution* 44:25
- Interbull (2015). International Bull Evaluation Service. <http://www.interbull.org/ib/interbullactivities> (Zugriff am 26.05.2015).
- Jairath J., Dekkers J.C.M, Schaeffer L., Liu Z., Burnside E.B. und Kolstad B. (1998). Genetic evaluation for herd life in Canada. *J. Dairy Sci.* 81:550-562.
- Jimenez-Montero JA., Gonzalez-Rezio O. und Alenda R. (2012): Genotyping strategies for genomic selection in small dairy cattle populations. *Animal* 6:1216-24.
- Lassen J., Sørensen M.K., Madsen P. and Ducrocq V. (2007): An approximate multitrait model for genetic evaluation in dairy cattle with robust estimation of genetic trends. *Genetic Selection Evolution* 39:353-367.
- Legarra A., Aguilar I. und Mistal I. (2009): A relationship matrix including full pedigree and genomic information. *J. Dairy Sci.* 92(9):4656-63.
- Lidauer M., Matilainen K., Mäntysaari E., Pitkänen T., Taskinen M. und Strandén I. (2015): MiX99. General program for solving large mixed model equations with preconditioned conjugate gradient method. Release I/2015, Jokioinen, Finland.
- Lind, B., 2007. Ableitung der Wirtschaftlichkeitskoeffizienten und optimalen Indexgewichte des Gesamtzuchtwertes für die deutschen Milch- und Zweinutzungsrasen unter Berücksichtigung aktueller und erwarteter zukünftiger Rahmenbedingungen. Diss., Georg-August-Universität Göttingen, Deutschland.
- Lund MS., Guosheng SU., Janss L., Guldbrandtsen B. und Brondum RF. (2014): Genomic evaluation of cattle in a multi-breed context. *Livestock*, 166, 101-110.
- Mészáros G., Boison SA., Pérez O'Brien AM., Ferenčaković M., Curik I., Da Silva MV., Utsunomiya YT., Garcia JF. und Sölkner J. (2015): Genomic analysis for managing small and endangered populations: a case study in Tyrol Grey cattle. *Front Genet.* May 13; 6:173.

- Meszaros G., Sölkner J. and Ducrocq V. (2013): The Survival Kit: Software to analyze survival data including possibly correlated random effects. *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 110:503-510.
- Meuwissen THE. (1997): Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *J. Anim Sci.* 75:934-40.
- Meuwissen THE. und Sonesson AK. (1998): Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding: overlapping generations. *J. Anim Sci.* 76:2575-83.
- Meuwissen THE., (2002): GENCONT: An operational tool for controlling inbreeding in selection and conservation schemes. 7th WCGALP, August 19-23, 2002, Montpellier, France
- Michalewicz Z. (1996): *Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs*. Springer
- Miesenberger J. (1997): *Zuchtzieldefinition und Indexselektion für die österreichische Rinderzucht*. Dissertation an der Universität für Bodenkultur Wien, Österreich.
- Misztal I., Legarra A. und Aguilar I. (2009): Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree and genomic information. *J. Dairy Sci.* 92(9):4648-55.
- Mrode R.A. (2014): *Linear models for the prediction of animal breeding values*. 3. Auflage, Wallingford, CABI.
- Odegård J., Klemetsdal G. und Heringstad B. (2003): Genetic improvement of mastitis resistance: validation of somatic cell score and clinical mastitis as selection criteria. *J. Dairy Sci.* 86,4129-4136.
- Over R., Köhler M., Krieg K., Nussbaum H. und Wurth W. (2013): *Kalkulationsdaten Futterbau*. Excel-Sheet zusammengestellt durch die LEL (Landesanstalt für Entwicklung der Landwirtschaft und der ländlichen Räume Schwäbisch Gmünd) und LAZBW (Landwirtschaftliches Zentrum für Rinderhaltung, Grünlandwirtschaft, Milchwirtschaft, Wild und Fischerei Baden-Württemberg Aulendorf), Stand 18.11.2013.
- Pedersen L.D., Sørensen A.C., Henryon M., Ansari-Mahyari S. und Berg P. (2009): ADAM: A computer program to simulate selective breeding schemes for animals. *Livestock Science* 121:343:344.
- Phillipson J. und Lindhe B. (2003): Experiences of including reproduction and health traits in Scandinavian dairy cattle breeding programmes. *Livest. Prod. Sci.* 83:99-112.
- Press W.H., Flannery B.P., Teukolsky S.A. und Vetterling W.T. (1986): *Numerical Recipes: The art of scientific computing*. Cambridge University Press, Cambridge, UK.
- Pryce JE. und Berry DP. (2014): Genomic breeding values for novel traits such as feed efficiency through female only reference populations. ICAR Conference Berlin, 19-23 May 2014, Berlin, Germany.
- Pryce JE., Gredler B., Bolormaa S., Bowman PJ., Egger-Danner C., Fuerst C., Emmerling R., Sölkner J., Goddard ME. und Hayes BJ. (2011): Short communication: Genomic selection using a multi-breed, across-country reference population. *J. Dairy Sci.* 2011, 94: 2625-2630.

Pryce, J.E. und Daetwyler H.D. (2011). Designing dairy cattle breeding schemes under genomic selection: a review of international research. *Animal Production Science*, <http://dx.doi.org/10.1071/AN11098>.

Pszczola M, Strabel T, Mulder HA und Calus M. (2012): Reliability of direct genomic values for animals with different relationships within and to the reference population. *J. Dairy Sci.* 95, 389-400.

Reinsch N. (1993): Berechnung wirtschaftlicher Gewichtungsfaktoren für sekundäre Leistungsmerkmale beim Fleckvieh. Dissertation, TU München, Deutschland.

Rodríguez-Ramilo ST., Fernández J., Toro MA., Hernández D. und Villanueva B. (2015): Genome-wide estimates of coancestry, inbreeding and effective population size in the Spanish Holstein population. *PLoS One*. Apr 16;10(4).

Rößler R., Herold P., Weidele A. und Zárata A.V. (2013): Definition nutzerspezifischer Zuchtziele für Braunvieh und Hinterwälder Rind in Baden-Württemberg. *Züchtungskunde* 85: 173-187.

Sargolzaei M., Iwaisaki H. and Colleau J.J. (2006). CFC: A tool for monitoring genetic diversity. In *Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*: 13.08 - 18.08. 2006, Belo Horizonte, Brasil.

SAS (2008). *User's guide*. Cary, NC, USA: SAS Institute Inc.

Schaeffer L. (1994): Multiple-country comparison of dairy sires. *J. Dairy Sci.* 77:2671-2678.

Schaeffer L. (2001): Multiple trait international bull comparison. *Livestock Production Science* 69:145-153.

Schaeffer L.R. (2014): Is The Animal Model Obsolete? <http://lirpa.aps.uoguelph.ca/elares/sites/default/files/obsolete.pdf>

Steininger F., Fuerst-Waltl B., Pfeiffer C., Fuerst C., Schwarzenbacher H. und Egger-Danner, C. (2012): Participatory development of breeding goals in Austrian dairy cattle. *Acta Agriculturae Slovenica, Supplement 3*, 143-147.

Steininger F., Fürst-Waltl B. und Egger-Danner C. (2013): Welche Anforderungen stellen die Züchter an die Kühe? In: *Die beste Kuh für's Gras*. Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, Salzburg.

Strandén I., Lidauer M., Mäntysaari E.A. und Pösö J. (2000). Calculation of Interbull weighting factors for the Finnish test day model. *Interbull Bulletin* 26:78-79.

Sullivan P.G., Wilton J.W., Schaeffer L.R., Jansen G.J., Robinson J.A.B. und Allen O.B. (2005): Genetic evaluation strategies for multiple traits and countries. *Livestock Production Science* 92:195-205.

Tarrés J., Piedrafita J. and Ducrocq V. (2006): Validation of an approximate approach to compute genetic correlations between longevity and linear traits. *Genetics Selection Evolution* 38:65-85.

- Thomassen J.R., Egger-Danner C., Willam A., Guldbbrandtsen B., Lund M.S. und Sørensen A. C. (2014b): Genomic selection strategies in a small dairy cattle population evaluated for genetic gain and profit. *J. Dairy Sci.* 97 (1):458-470.
- Thomassen JR. und Sørensen AC. (2014): Strategies for Use of Reproductive Technologies in Genomic Dairy Cattle Breeding Programs. 10th WCGALP, August 17-22, 2014, Vancouver, Canada.
- Thomassen JR., Sorensen AC., Lund MS. und Guldbbrandtsen B. (2014a): Adding cows to the reference population makes a small dairy population competitive. *J. Dairy Sci.* 97:1-11.
- Thompson R. und Meyer K. (1986). A review of theoretical aspects in the estimation of breeding values for multitrait selection. *Animal Breeding and Genetics* 121:77-89.
- VanRaden P.M., Olson K.M., Null ., D.J. und Hutschinson J.L. (2011): Harmful recessive effects on fertility detected by absence of homozygous haplotypes. *J. Dairy Sci.* 94:6153-6161.
- VanRaden PM. (2008): Efficient methods to compute genomic predictions. *J. Dairy Sci* 91: 4414–4423.
- Veerkamp R.F., Beerda B. und von der Lende T. (2003): Effects of genetic selection for milk yield on energy balance, levels of hormones and metabolites in lactating cattle, and possible links to reduced fertility. *Livest. Prod. Sci.* 83:257-265.
- Wellmann R., Hartwig S. und Bennewitz J. (2012): Optimum contribution selection for conserved populations with historic migration. *Genet. Sel. Evol.* 44:34.
- Willam A., Egger-Danner C., Sölkner J. und Gierzinger E. (2002): Optimization of progeny testing schemes when functional traits play an important role in the total merit index. *Livest. Prod. Sci.* 77:217-225.
- Willam A., Nitter G., Bartenschlager H., Karras K., Niebel E. und Graser H.-U. (2008): ZPLAN - Manual for a PC-Program to Optimize Livestock Selection Schemes. Manual Version 2008 for Source Code "z10.for".
- Wood, P.D.P., 1967. Algebraic Model of the Lactation Curve in Cattle. *Nature (London)* 216:164-165.
- Wray NR. und Goddard ME. (1994): Increasing long-term response to selection. *Genet. Sel. Evol.* 26:431-51.
- Zavarez LB., Utsunomiya YT., Carmo AS., Neves HH., Carvalheiro R., Ferenčaković M., Pérez O'Brien AM., Curik I., Cole JB., Van Tassell CP., da Silva MV., Sonstegard TS., Sölkner J. und Garcia JF. (2015): Assessment of autozygosity in Nellore cows (*Bos indicus*) through high-density SNP genotypes. *Front Genet.* Jan 29;6:5.
- ZuchtData (2010): ZuchtData-Jahresbericht 2010. <http://www.zuchtdata.at/article/archive/25>.
- ZuchtData (2011): ZuchtData-Jahresbericht 2011. <http://www.zuchtdata.at/article/archive/25>.

- ZuchtData (2012): ZuchtData-Jahresbericht 2012. <http://www.zuchtdata.at/article/archive/25>.
- ZuchtData (2013): ZuchtData-Jahresbericht 2013. <http://www.zuchtdata.at/article/archive/25>.
- ZuchtData (2014): ZuchtData-Jahresbericht 2014. <http://www.zuchtdata.at/article/archive/25>.

14 Danksagung

Ein besonderer Dank gilt Vincent Ducrocq von der französischen Forschungsanstalt INRA (Institut nationale de la recherche agronomique) für seinen wissenschaftlichen Rat und die Ermöglichung eines Forschungsaufenthalts von DI Christina Pfeiffer am Institut Génétique Animale et Biologie Intégrative; Anders Christian Sørensen von der dänischen Universität Aarhus für die Unterstützung mit dem Simulationsprogramm ADAM; sowie den Kollegen der gemeinsamen Zuchtwertschätzung von der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft und vom LGL Kornwestheim für die Bereitstellung von diversen Daten für die einzelnen Zuchtwertschätzmerkmale. Weiters bedanken wir uns herzlich bei den dänischen Kollegen Anders Christian Sørensen von der dänischen Universität Aarhus und Jorn Thomasen von der Universität Aarhus und VikingGenetics für die sehr wertvolle Zusammenarbeit im Rahmen der Abklärung verschiedener Optimierungsstrategien bei den Zuchtprogrammen. Großer Dank gilt dem Bundesministerium für Land- und Forstwirtschaft, Umwelt und Wasserwirtschaft für die finanzielle Unterstützung des Projektes. Ein herzlicher Dank gilt auch den Kollegen und Kolleginnen der ZAR-Mitgliedsorganisationen und weiteren Partnerorganisationen für die wertvolle Unterstützung und nette Zusammenarbeit im Rahmen des Projektes „OptiGene“.

15 Anlagen

15.1 Tabellenanhang

Tabelle 6.21 Residuale Korrelationen zwischen Milch kg (Mkg) und Fett kg (Fkg), Eiweiß kg (Ekg), Nettotageszunahme (NTZ), Ausschachtung (AUS), Handelsklasse (HKL), Nutzungsdauer (ND), Persistenz (PERS), Fruchtbarkeitswert (FRW), Non-Return-Rate 56 Kalbin (NRR-Ka), Non-Return-Rate 56 Kuh (NRR-KUH), Verzögerungszeit Kalbin (VZ-Ka), Verzögerungszeit Kuh (VZ-KUH), Eutergesundheitswert (EGW), Zellzahl (ZZ), Mastitis (MA), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2)

Mkg	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2
Fkg	0,83	0,84	0,85	-	0,84	-
Ekg	0,91	0,92	0,93	-	0,90	-
NTZ	-0,01	-0,04	-0,05	-	-	-
AUS	0,02	-0,25	0,11	-	-	-
HKL	0,04	x	0,03	-	-	-
ND	0,11	-0,01	0,10	-	0,07	-
PERS	0,21	0,17	0,28	-	0,36	-
FRW	-	-	-0,04	-	0,03	-
NRR-Ka	0,05	0,04	0,04	-	0,04	-
NRR-KUH	0,04	0,02	0,02	-	0,00	-
VZ-Ka	0,03	0,03	0,04	-	0,05	-
VZ-KUH	0,15	0,15	0,13	-	0,13	-
EGW	-	-	0,34	-	-	-
ZZ	0,24	0,23	0,25	-	0,21	-
MA	0,06	-	0,04	-	0,05	-
DMG	0,18	0,32	0,27	-	-	-
MF	-0,01	-	0,01	-	-0,01	-
fFrüh	0,02	-	-0,02	-	0,05	-
Zysten	-0,02	-	-0,02	-	0,03	-

- es wurden keine residuellen Korrelationen geschätzt; x Algorithmus ist nicht konvergiert

Tabelle 6.22 Residuale Korrelationen zwischen Fett kg (Fkg) und Eiweiß kg (Ekg), Nettotageszunahme (NTZ), Ausschachtung (AUS), Handelsklasse (HKL), Nutzungsdauer (ND), Persistenz (PERS), Fruchtbarkeitswert (FRW), Non-Return-Rate 56 Kalbin (NRR-Ka), Non-Return-Rate 56 Kuh (NRR-KUH), Verzögerungszeit Kalbin (VZ-Ka), Verzögerungszeit Kuh (VZ-KUH), Eutergesundheitswert (EGW), Zellzahl (ZZ), Mastitis (MA), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2)

Fkg	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2
Ekg	0,85	0,86	0,88	0,85	0,82	0,83
NTZ	0,02	-0,07	-0,06	0,00	-	-
AUS	0,29	x	0,11	0,00	-	-
HKL	0,18	x	0,04	0,00	-	-
ND	0,02	-0,07	0,03	0,01	-0,03	-0,02
Pers	0,29	0,24	0,34	0,31	0,38	0,43
FRW	0,04	-	0,03	0,13	0,03	0,03
NRR-Ka	0,01	0,05	0,04	0,08	0,01	0,04
NRR-KUH	0,05	0,02	0,02	0,01	0,07	0,00
VZ-Ka	0,05	0,08	0,07	-0,03	0,15	0,06
VZ-KUH	0,18	0,20	0,19	0,18	0,16	0,16
EGW	-	-	0,31	0,33	-	0,17
ZZ	0,21	0,17	0,21	0,21	0,16	0,19
MA	0,06	-	0,03	0,08	0,03	0,01
DMG	0,15	0,28	0,25	0,15	0,13	0,11
MF	-0,01	-	0,01	-0,02	-0,01	-0,01
fFrüh	0,02	-	-0,02	0,04	0,04	0,02
Zysten	-0,04	-	-0,02	-0,02	0,01	0,00

- es wurden keine residuellen Korrelationen geschätzt; x Algorithmus ist nicht konvergiert

Tabelle 6.23 Residuale Korrelationen zwischen Eiweiß kg (Ekg) und Nettotageszunahme (NTZ), Ausschachtung (AUS), Handelsklasse (HKL), Nutzungsdauer (ND), Persistenz (PERS), Fruchtbarkeitswert (FRW), Non-Return-Rate 56 Kalbin (NRR-Ka), Non-Return-Rate 56 Kuh (NRR-KUH), Verzögerungszeit Kalbin (VZ-Ka), Verzögerungszeit Kuh (VZ-KUH), Eutergesundheitswert (EGW), Zellzahl (ZZ), Mastitis (MA), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2)

Ekg	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2
NTZ	-0,11	x	-0,11	0,00	-	-
AUS	0,00	x	0,10	0,00	-	-
HKL	0,09	x	0,04	0,00	-	-
ND	0,08	-0,02	0,08	0,06	0,01	0,01
PERS	0,30	0,34	0,41	0,35	0,35	0,34
FRW	-	-	0,08	0,18	0,07	0,03
NRR-Ka	0,04	0,04	0,02	0,01	0,03	0,03
NRR-KUH	0,03	0,01	0,01	-0,04	0,00	-0,01
VZ-Ka	0,06	0,09	0,07	0,03	0,07	0,06
VZ-KUH	0,19	0,20	0,18	0,16	0,15	0,16
EGW	-	-	0,37	0,37	-	0,15
ZZ	0,23	0,20	0,22	0,23	0,15	0,17
MA	0,06	-	0,04	0,08	0,03	0,01
DMG	0,14	0,27	0,20	0,13	0,10	0,10
MF	-0,02	-	0,00	0,00	-0,01	0,00
fFrüh	0,02	-	-0,01	0,04	0,05	0,00
Zysten	-0,03	-	-0,02	-0,02	0,03	0,00

- es wurden keine residuellen Korrelationen geschätzt; x Algorithmus ist nicht konvergiert

Tabelle 6.24 Residuale Korrelationen zwischen Nettotageszunahme (NTZ) und Ausschächtung (AUS), Handelsklasse (HKL), Nutzungsdauer (ND), Persistenz (PERS), Fruchtbarkeitswert (FRW), Non-Return-Rate 56 Kalbin (NRR-Ka), Non-Return-Rate 56 Kuh (NRR-KUH), Verzögerungszeit Kalbin (VZ-Ka), Verzögerungszeit Kuh (VZ-KUH), Eutergesundheitswert (EGW), Zellzahl (ZZ), Mastitis (MA), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2)

NTZ	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2
AUS	0,30	0,34	0,20	0,24	-	-
HKL	0,57	0,61	0,16	0,54	-	-
ND	0,00	0,00	0,00	0,00	-	-
PERS	x	0,11	0,04	0,00	-	-
FRW	-	-	-0,03	0,00	-	-
NRR-Ka	0,00	0,00	0,00	0,00	-	-
NRR-KUH	0,00	0,00	0,00	0,00	-	-
VZ-Ka	0,00	0,00	0,00	0,00	-	-
VZ-KUH	0,00	0,00	0,00	0,00	-	-
EGW	-	-	x	0,00	-	-
ZZ	0,00	-0,05	0,01	0,00	-	-
MA	0,00	-	x	x	-	-
DMG	0,00	-0,04	x	0,00	-	-
MF	0,00	-	x	0,00	-	-
fFrüh	0,00	-	0,00	-	-	-
Zysten	0,00	-	x	-	-	-

- es wurden keine residuale Korrelationen geschätzt; x Algorithmus ist nicht konvergiert

Tabelle 6.25 Residuale Korrelationen zwischen Ausschlichtung (AUS) und Handelsklasse (HKL), Nutzungsdauer (ND), Persistenz (PERS), Fruchtbarkeitswert (FRW), Non-Return-Rate 56 Kalbin (NRR-Ka), Non-Return-Rate 56 Kuh (NRR-KUH), Verzögerungszeit Kalbin (VZ-Ka), Verzögerungszeit Kuh (VZ-KUH), Eutergesundheitswert (EGW), Zellzahl (ZZ), Mastitis (MA), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2)

AUS	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2
HKL	0,13	0,60	0,08	0,14	-	
ND	0,00	0,29	0,00	0,00	-	
PERS	-0,05	-0,03	0,01	0,00	-	
FRW	-	-	-0,01	0,00	-	
NRR-Ka	0,00	0,07	0,00	0,00	-	
NRR-KUH	0,00	-0,27	0,00	0,00	-	
VZ-Ka	0,00	-0,05	0,00	0,00	-	
VZ-KUH	0,00	-0,20	0,00	0,00	-	
EGW	-	-	x	0,00	-	
ZZ	x	0,16	-0,05	0,00	-	
MA	0,00	-	-	0,08	-	
DMG	x	-0,08	0,06	0,00	-	
MF	0,00	-	0,00	0,00	-	
fFrüh	0,00	-	0,00	-	-	
Zysten	0,00	-	0,00	-	-	

- es wurden keine residuellen Korrelationen geschätzt; x Algorithmus ist nicht konvergiert

Tabelle 6.26 Residuale Korrelationen zwischen Handelsklasse (HKL) und Nutzungsdauer (ND), Persistenz (PERS), Fruchtbarkeitswert (FRW), Non-Return-Rate 56 Kalbin (NRR-Ka), Non-Return-Rate 56 Kuh (NRR-KUH), Verzögerungszeit Kalbin (VZ-Ka), Verzögerungszeit Kuh (VZ-KUH), Eutergesundheitswert (EGW), Zellzahl (ZZ), Mastitis (MA), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2)

HKL	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2
ND	0,00	0,00	0,00	0,00	-	-
PERS	0,00	0,18	0,05	0,00	-	-
FRW	-	-	0,02	0,00	-	-
NRR-Ka	0,00	0,00	0,00	0,00	-	-
NRR-KUH	0,00	0,00	0,00	0,00	-	-
VZ-Ka	0,00	0,00	0,00	0,00	-	-
VZ-KUH	0,00	0,00	0,00	0,00	-	-
EGW	-	-	x	0,00	-	-
ZZ	0,00	-0,06	-0,02	0,00	-	-
MA	0,00	-	0,00	-	-	-
DMG	0,00	X	0,05	0,00	-	-
MF	0,00	-	0,00	0,00	-	-
fFrüh	0,00	-	0,00	-	-	-
Zysten	0,00	-	0,00	-	-	-

- es wurden keine residualen Korrelationen geschätzt; x Algorithmus ist nicht konvergiert

Tabelle 6.27 Residuale Korrelationen zwischen Nutzungsdauer (ND) und Persistenz (PERS), Fruchtbarkeitswert (FRW), Non-Return-Rate 56 Kalbin (NRR-Ka), Non-Return-Rate 56 Kuh (NRR-KUH), Verzögerungszeit Kalbin (VZ-Ka), Verzögerungszeit Kuh (VZ-KUH), Eutergesundheitswert (EGW), Zellzahl (ZZ), Mastitis (MA), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2)

ND	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2
Pers	0,51	0,56	0,46	0,42	0,64	0,58
FRW	-	-	0,32	0,30	0,51	0,27
NRR-Ka	0,01	0,01	0,01	0,01	0,03	0,02
NRR-KUH	0,01	0,01	0,01	0,03	0,01	0,01
VZ-Ka	-0,01	-0,01	-0,01	-0,01	0,04	-0,01
VZ-KUH	-0,01	0,01	-0,01	-0,09	0,04	0,05
EGW	-	-	0,44	0,41	-	0,34
ZZ	0,14	0,12	0,12	0,12	0,16	0,11
MA	0,22	-	0,08	0,14	0,13	0,06
DMG	0,07	0,05	0,04	0,06	0,04	0,01
MF	0,02	-	0,01	0,02	0,01	0,04
fFrüh	0,03	-	0,01	0,02	0,02	0,02
Zysten	-0,01	-	-0,03	-0,02	0,01	0,02

- es wurden keine residuale Korrelationen geschätzt

Tabelle 6.28 Residuale Korrelationen zwischen Persistenz (PERS) und Fruchtbarkeitswert (FRW), Non-Return-Rate 56 Kalbin (NRR-Ka), Non-Return-Rate 56 Kuh (NRR-KUH), Verzögerungszeit Kalbin (VZ-Ka), Verzögerungszeit Kuh (VZ-KUH), Eutergesundheitswert (EGW), Zellzahl (ZZ), Mastitis (MA), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2)

Pers	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2
FRW	-	-	0,39	0,30	0,51	0,48
NRR-Ka	0,02	0,00	0,03	0,03	0,01	0,01
NRR-KUH	0,02	0,01	0,01	0,03	-0,01	0,03
VZ-Ka	0,02	-0,06	-0,02	-0,04	-0,03	0,03
VZ-KUH	0,04	-0,04	-0,05	-0,07	-0,01	0,01
EGW	-	-	0,58	0,41	-	0,55
ZZ	0,21	0,19	0,19	0,17	0,23	0,20
MA	0,11	-	0,04	0,08	0,09	0,02
DMG	0,02	0,02	0,10	0,06	0,09	0,00
MF	0,01	-	0,01	0,01	0,01	0,00
fFrüh	-0,02	-	-0,04	-0,02	0,00	0,03
Zysten	0,02	-	-0,02	-0,01	-0,01	0,00

- es wurden keine residuellen Korrelationen geschätzt

Tabelle 6.29 Residuale Korrelationen zwischen Fruchtbarkeitswert (FRW) und Non-Return-Rate 56 Kalbin (NRR-Ka), Non-Return-Rate 56 Kuh (NRR-KUH), Verzögerungszeit Kalbin (VZ-Ka), Verzögerungszeit Kuh (VZ-KUH), Eutergesundheitswert (EGW), Zellzahl (ZZ), Mastitis (MA), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2)

FRW	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2
NRR-Ka	-	-	0,04	0,17	-0,14	-0,15
NRR-KUH	-	-	0,07	0,24	-0,02	-0,02
VZ-Ka	-	-	0,44	-0,18	-0,36	-0,41
VZ-KUH	-	-	0,74	-0,62	-0,68	-0,73
EGW	-	-	0,43	0,24	-	0,29
ZZ	-	-	0,07	0,04	0,08	0,05
MA	-	-	0,03	0,03	0,02	0,02
DMG	-	-	0,04	0,06	0,06	0,02
MF	-	-	0,02	0,02	0,06	0,02
fFrüh	-	-	0,27	0,41	0,54	0,45
Zysten	-	-	0,20	0,38	0,28	0,30

- es wurden keine residualen Korrelationen geschätzt

Tabelle 6.30 Residuale Korrelationen zwischen Eutergesundheitswert (EGW) und Zellzahl (ZZ), Mastitis (MA), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2)

EGW	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2
ZZ	-	-	0,94	0,88	-	0,83
MA	-	-	0,16	0,19	-	0,14
DMG	-	-	0,02	0,06	-	0,03
MF	-	-	0,02	0,00	-	0,02
fFrüh	-	-	-0,01	0,01	-	0,02
Zysten	-	-	-0,02	-0,02	-	0,01

- es wurden keine residualen Korrelationen geschätzt

Tabelle 6.31 Residuale Korrelationen zwischen Zellzahl (ZZ) und Mastitis (MA), durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2)

ZZ	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2
MA	0,16	-	0,10	0,16	0,14	0,11
DMG	0,00		0,02	-0,01	0,00	0,02
MF	0,01	-	0,01	0,01	0,00	0,01
fFrüh	0,01	-	-0,01	0,01	0,01	0,02
Zysten	-0,02	-	-0,01	-0,02	0,00	0,01

- es wurden keine residualen Korrelationen geschätzt

Tabelle 6.32 Residuale Korrelationen zwischen Mastitis (MA) und durchschnittliches Minutengemelk (DMG), Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2)

MA	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2
DMG	0,01	-	-0,01	0,01	0,03	0,03
MF	0,02	-	0,01	0,01	0,00	0,01
fFrüh	0,03	-	0,02	0,02	0,03	0,05
Zysten	0,01	-	0,02	-0,01	0,00	0,05

- es wurden keine residualen Korrelationen geschätzt

Tabelle 6.33 Residuale Korrelationen zwischen durchschnittlichem Minutengemelk (DMG) und Milchfieber (MF), frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2)

DMG	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2
MF	0,01	-	0,02	0,01	0,00	0,01
fFrüh	0,01	-	0,01	0,01	0,02	0,00
Zysten	0,02	-	0,01	0,00	0,02	0,01

- es wurden keine residualen Korrelationen geschätzt

Tabelle 6.34 Residuale Korrelationen zwischen Milchfieber (MF) und frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2)

MF	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2
fFrüh	0,03	-	0,03	0,04	0,05	0,09
Zysten	-0,01	-	0,00	0,01	-0,01	0,02

- es wurden keine residualen Korrelationen geschätzt

Tabelle 6.35 Residuale Korrelationen zwischen frühe Fruchtbarkeitsstörungen (fFrüh) und Zysten (Zys) für die Datensätze Fleckvieh 1 (FV1), Fleckvieh 2 (FV2), Fleckvieh 3 (FV3), Fleckvieh 4 (FV4), Braunvieh 1 (BV1), Braunvieh 2 (BV2)

fFrüh	FV1	FV2	FV3	FV4	BV1	BV2
Zysten	0,01	-	0,03	-	0,02	0,01

- es wurden keine residualen Korrelationen geschätzt

15.2 Ausgewählte Publikationen aus den verschiedenen Arbeitspaketen

-  AP1_Anlage_1_Genetic relationship under different management systems and their consequences for dairy cattle breeding.pdf
-  AP1_Anlage_2_Berücksichtigung direkter Gesundheitsmerkmale im GZW.pdf
-  AP1_Anlage_3_Metabolic disorders and their relationships to milk production traits in Austrian Fleckvieh.pdf
-  AP1_Anlage_4_Participatory development of breeding goals in Austrian dairy cattle.pdf
-  AP1_Anlage_5_Zur Eignung des Gehalts an Milchinhaltstoffen als Ketoseindikator.pdf
-  AP2_Anlage_1_Comparison of different methods to calculate a total merit index - results of a simulation study.pdf
-  AP2_Anlage_2_A stochastic simulation study for the comparison of different methods to calculate a total merit index.pdf
-  AP2_Anlage_3_A comparison of methods to calculate a total merit index using stochastic simulation.pdf
-  AP2_Anlage_4_Approximate multivariate genetic evaluation of functional longevity and type traits in Austrian Fleckvieh cattle.pdf
-  AP2_Anlage_5_Development of an approximate multivariate two-step approach for the joint genetic evaluation of Austrian and German dairy cattle.pdf
-  AP2_Anlage_6_POSTER-Genetic parameters of functional longevity using a multivariate approach in Austrian Fleckvieh cattle.pdf
-  AP3_Anlage_1_Invited review - overview of new traits and phenotyping strategies in dairy cattle with a focus on functional traits.pdf
-  AP3_Anlage_2_Effect_of_breeding_strategies_using_genomic_information_on_fitness_and_health - Kopie.pdf
-  AP3_Anlage_3_Recording_of_direct_health_traits_in_Austria_Experience_report_with_emphasis_on_aspects_of_availability_for_breeding_purposes.pdf
-  AP3_Anlage_4_Genomic selection strategies in a small dairy cattle population evaluated for genetic gain and profit.pdf
-  AP3_Anlage_5_Genotyping_of_cows_to_speed_up_the_availability_of_novel_traits.pdf
-  AP3_Anlage_6_Management_von_Erbfehlern_im_Zuchtprogramm_Fleckvieh_Austria_Ergebnisse_von_Modellrechnungen.pdf
-  AP3_Anlage_7_Analyses of hereditary disorders in Austrian Fleckvieh cattle.pdf
-  AP3_Anlage_8_Steininger_Zuchtprogramm_BV_Austria_2012.pdf
-  AP3_Anlage_9_Steininger_BV_Europakongress.pdf