

**Zur Zuchtwertschätzung in der ostdeutschen Milchrindpopulation -
Parameterschätzung und Beschreibung heterogener Varianzen für
Milchleistungsmerkmale**

Engelmann G.¹, Göpfert R.¹, Wünsch U.¹, Schüler L.¹, Bergfeld U.²

¹ Institut für Tierzucht und Tierhaltung, Agrarwiss. Fakultät der Martin-Luther-Universität
Halle-Wittenberg, Adam-Kuckhoff-Straße 35, 06108 Halle/Saale

² Fachbereich Tierzucht, Fischerei und Grünland, Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft,
Am Park, 04886 Köllitsch

Einleitung

Zuverlässige Aussagen über die Struktur einer Population - Grundlage für eine effektive Selektion und Verpaarung - lassen sich nur bei sicherer Kenntnis der populationsgenetischen Parameter treffen. Nur auf der Basis exakt geschätzter Varianzkomponenten liefern die Verfahren der Zuchtwertschätzung nach der BLUP - Methode genaue Schätzergebnisse. Insbesondere das in der Bundesrepublik Deutschland angewandte Verfahren zur Zuchtwertschätzung für Milchleistungsmerkmale benötigt erwartungstreu geschätzte genetische Parameter. Dieses Mehrabschnitts-Tiermodell auf der Basis eines Mehrmerkmalsmodells berücksichtigt die fünf aufeinanderfolgenden Laktationsabschnitte der ersten bis dritten Laktation als korrelierte Merkmale (REINHARDT 1990). Die Einbeziehung mehrerer "wirklicher" Merkmale, z.B. Milch, Fett und Eiweiß unterbleibt, da bereits das gewählte Modell nur mit hohem Rechenaufwand zu bewältigen ist. Es stellt die zur Zeit genaueste, rechenbare BLUP-Methode dar und bietet eine Anzahl von Vorteilen, wie bei BRUNS (1989) beschrieben. Ungenau geschätzte Kovarianzkomponenten führen in einem solchen Mehrmerkmalsmodell zu teilweise ungenaueren Zuchtwerten als bei einer völligen Vernachlässigung der Merkmalsbeziehungen (SCHAEFFER 1984).

Eine weitere Problematik im Rahmen der Zuchtwertschätzung, welche eine genaue Populationsanalyse und die Beschreibung der genetischen als auch nichtgenetischen Parameter erfordert, ist die Beeinflussung der Genauigkeit der Zuchtwerte und der Rangierung der Zuchttiere durch das Auftreten heterogener Varianzen. Von entscheidender Bedeutung bei der Untersuchung inhomogener Varianzen ist eine geeignete Klassifizierung. Eine Stratifikation nach Herden oder Herden-Jahres-Saisonklassen ist wünschenswert, jedoch aufgrund der zu geringen Stufenbesetzungen in der Regel nicht möglich. Folgende andere Gruppierungsvarianten zur Untersuchung inhomogener Varianzen werden vorgeschlagen:

- *Herden- oder Herde x Saisonmittel*: HILL et. al. (1983); BROTHERSTONE, HILL (1986); WIGGANS, VAN RADEN (1991); VISSER et. al. (1991); BERGFELD (1992)
- *Varianz von Herde oder Herdensaison*: WINKELMANN, SCHAEFFER (1988); HILL et. al. (1983); DONG, MAO (1990); BERGFELD (1992)
- *Variationskoeffizient für Herde oder Herdensaison*: HILL et. al. (1983); LOFGREN et. al. (1985); PEARSON et. al. (1988); BERGFELD (1992)
- *Vater*: VAN VLECK (1968); CLAY et. al. (1979)

- *Zuchtregion*: KANDZI (1989); WADE, VAN VLECK (1989); SULLIVAN, SCHAEFFER (1991); BERGFELD, PANNICKE (1991); WIGGANS, VAN RADEN (1991)
- *Geschlecht x Rasseanteil*: GARRICK et. al. (1989)
- *Zuchtverband*: THOLEN (1990)

Eine Verbesserung der Zuchtwertschätzverfahren wird gegenwärtig auf der Ebene der phänotypischen Leistungen diskutiert. Dabei wird die Standardisierung der Leistungsabweichungen innerhalb Herde*Kalbejahr in Abhängigkeit von der Herdengröße und Herdenleistung vorgeschlagen.

Material und Methode

Als Datengrundlage für die Untersuchungen stehen die Milchleistungsergebnisse der Schwarzbuntzucht in den ostdeutschen Zuchtgebieten aus den Kalbejahren 1987 bis 1993 zur Verfügung. Dieser Datensatz umfaßt insgesamt 1 831 765 Leistungen für die Milch-, Fett- und Eiweißmenge innerhalb der fünf Abschnitte der ersten bis dritten Laktation. Ein Überblick über das Leistungsniveau der Gesamtpopulation ist Tabelle 1 zu entnehmen. Das Datenmaterial wurde auf Erstkalbealter, Alter bei der zweiten Kalbung und Zwischenkalbezeiten vorkorrigiert.

Tabelle 1: Überblick über das Leistungsniveau der untersuchten Milchrindpopulation

Merkmal	Abschnitt	n	Mittel	S	VK
Milch-kg	1	1460546	1700,22	374,17	22,01
	2	1279700	1395,42	352,82	25,28
	3	1139522	1032,69	360,01	34,86
	4	856413	4447,52	1025,19	23,05
	5	593935	4677,24	1072,03	22,92
Fett-kg	1	1460546	70,91	18,50	26,09
	2	1279700	59,61	16,46	27,61
	3	1139522	47,03	16,92	35,97
	4	856413	190,25	49,73	26,14
	5	593935	199,57	52,83	26,47
Eiweiß-kg	1	753529	58,03	12,43	21,42
	2	642727	52,47	12,45	23,72
	3	565604	41,38	13,95	33,71
	4	254387	174,12	37,79	21,71
	5	187118	181,38	38,65	21,31

(Abschnitt 1 = 1.-100.Melktag, Abschnitt 2 = 101.-200. Melktag, Abschnitt 3 = 201.-305. Melktag, Abschnitt 4 = 2. Laktation, Abschnitt 5 = 3. Laktation)

Für die beschriebene Population wurden die Varianz- und Kovarianzkomponenten geschätzt, wobei Mehrmerkmals-REML Algorithmen zur Anwendung kamen, um den Einfluß der Selektion zu minimieren und unverzerrte Schätzwerte zu erhalten. Es sollen hier die Ergebnisse für das Merkmal Milchmenge dargestellt werden. Das gleiche Modell wurde zur Schätzung der genetischen Parameter der einzelnen Regionen genutzt, für welche die genetische Variabilität beschrieben wird.

Ergebnisse und Diskussion

An der vorliegende Population wurde zunächst eine umfassende statistische Analyse durchgeführt und die fixen Effekte geschätzt. Die Schätzung der Varianzkomponenten konnte bedingt durch den Umfang der zur Verfügung stehenden Leistungsdaten nicht für alle fünf Leistungsabschnitte simultan erfolgen. Unter Nutzung des Programmpaketes zur Varianzkomponentenschätzung von E. Groeneveld wurde mit einem Mehrmerkmals-Tiermodell gearbeitet. Dabei wurden jeweils zwei Merkmale gleichzeitig berücksichtigt. Die vier Resultate der paarweisen Schätzungen wurden anschließend gepoolt. Die Ergebnisse für die Heritabilität und die genetischen und phänotypischen Korrelationen der bisher erfolgten Rechenläufe sind für die fünf Milchmengenabschnitte in Tabelle 2 dargestellt. Die genetischen Korrelationen wurden indirekt über die Varianzkomponenten der Summe zweier Merkmale - Summenverfahren nach SEARLE, ROUNSAVILLE (1974) - berechnet.

Tabelle 2: Heritabilitäten (Diagonale), genetische Korrelationen (oberhalb der Diagonalen) und phänotypische Korrelationen (unterhalb der Diagonalen) für die Milchmengenmerkmale der fünf Leistungsabschnitte

0,257	0,894	0,835	0,877	0,855
0,529	0,318	0,935	0,937	0,894
0,362	0,476	0,167	0,901	0,872
0,433	0,413	0,312	0,344	0,989
0,428	0,348	0,262	0,505	0,306

Die ermittelten Heritabilitäten sind mit den von BERGFELD (1991) geschätzten vergleichbar. Übereinstimmend zu den Ergebnissen von REENTS et. al. (1994) kann festgestellt werden, daß der zweite Abschnitt die höchste Heritabilität zeigt und beim dritten Abschnitt die deutlich niedrigsten Heritabilitäten gefunden wurden. Der Abfall der Heritabilität im dritten Abschnitt läßt sich mit der Nichtberücksichtigung der Anzahl Melktage begründen (REENTS et. al. 1994), er übersteigt jedoch in seinem Ausmaß vergleichbare Untersuchungsergebnisse.

Die genetischen Korrelationen liegen im stark positiven Bereich und nehmen Werte über 0,835 an. Diese niedrigste Korrelation besteht zwischen Abschnitten eins und drei der ersten Laktation und wurde durch REENTS et. al. (1994) mit der genetisch unabhängig determinierten Steuerung von Einsatzleistung und Persistenz begründet. Die höchste genetische Korrelation wurde zwischen der zweiten und dritten Laktation ermittelt und bestätigt Untersuchungen von VISSCHER (1991). Die berechneten phänotypischen Korrelationen liegen in dem aus anderen Arbeiten bekannten Bereich. Erwähnenswert erscheint lediglich die relativ hohe Korrelation zwischen Abschnitt eins und zwei.

Betrachtet man die Populationsparameter über die in Tabelle 2 dargestellten Ergebnisse hinaus für die einzelnen Regionen des vorliegenden Materials, werden sowohl bei der Heritabilität als auch bei den einzelnen Varianzkomponenten beträchtliche Schwankungen deutlich. Die Ergebnisse, der ebenfalls mit einem Mehrmerkmals-Tiermodell geschätzten Parameter, sind der Tabelle 3 zu entnehmen. So differieren die Heritabilitäten zwischen den Regionen um über 90 % und liegen im Bereich zwischen 0,20 und 0,38. Ein wesentlicher Grund für die Variabilität der Heritabilität sind die Unterschiede in der genetischen Varianz, da zwischen der Heritabilität und

der genetischen Varianz die höchste Korrelation gefunden wurde. Die Restvarianzen und insbesondere die phänotypischen Varianzen schwanken über die Regionen weniger stark.

Tabelle 3: Heritabilität, genetische, phänotypische und Restvarianz innerhalb der Regionen für das Merkmal Milchkilogramm 1. - 100. Laktationstag

Region	n	h^2	σ^2_p	σ^2_r	σ^2_g
1	62394	0,227	92837	71763	21074
2	99189	0,377	81817	50972	30845
3	88249	0,222	81535	63435	18101
4	84500	0,338	79016	52309	26707
5	107810	0,279	87873	63356	24516
6	80875	0,200	78371	62697	15674
7	67228	0,228	94164	72695	21469
8	65990	0,196	85087	68410	16677
9	38965	0,230	75128	57849	17280
10	118290	0,265	85810	63070	22740
11	129423	0,238	84676	64523	20153
12	112949	0,237	94974	72465	22509
Mittel	87989	0,258	85524	63554	21970

Zusammenfassung

Auf der Grundlage eines Datenmaterials der ostdeutschen Schwarzbuntzucht aus den Kalbejahren 1987 bis 1993 wurden Populationsparameter mittels Mehrabschnitts-Tiermodells geschätzt und für das Merkmal Milchmenge dargestellt. Es wurden Heritabilitäten zwischen 0,17 und 0,34 ermittelt, wobei die höchste Heritabilität für die zweite Laktation und die niedrigste für den Abschnitt 201.-305. Tag der ersten Laktation gefunden wurde. Den niedrigen Wert für den dritten Leistungsabschnitt ausgenommen, bestätigen diese Werte vergleichbare aktuelle Untersuchungen. Die genetischen Korrelationen zwischen den fünf Abschnitten liegen zwischen 0,84 und 0,99. Die geringste Korrelation besteht zwischen Abschnitt eins und drei, die höchste zwischen der zweiten und dritten Laktation. Im Mittel liegen die Korrelationen etwas höher, als die in der jüngeren Literatur aufgeführten. Bei einer Parameterschätzung innerhalb einzelner Regionen des Datenmaterials konnte eine deutliche Variabilität der genetischen Parametern nachgewiesen werden. Die Heritabilitäten schwanken im Bereich von 0,20 bis 0,38. Dies ist vor allem durch die Variabilität der genetischen Varianz verursacht, da diese die engste Korrelation zur Heritabilität besitzt. Die Variabilität der phänotypischen Varianz und der Restvarianz ist geringer und deren Einfluß auf die Heritabilität ebenso.

Als weitere Arbeitsschritte am Datenmaterial erfolgen Untersuchungen zur Variabilität der Varianz bei unterschiedlicher Stratifikation der Effekte. Dabei steht der Einfluß von Varianzinhomogenitäten auf die Güte der Zuchtwerte und die daraus abzuleitenden Konsequenzen für die Zuchtwertschätzung im Mittelpunkt.

Das Verzeichnis der zitierten Literatur liegt beim Autor vor.

Diese Untersuchung wird dankenswerterweise unterstützt durch die DFG und das URZ-Leipzig.