Zuchtwertschätzung beim Rind

Grundlagen, Methoden und Interpretationen

2025

Medieninhaber, Herausgeber und Redaktion:
ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH
Dresdner Straße 89/18, 1200 Wien

Unterlagen für die Lehrveranstaltung „Zuchtwertschätzung beim Rind“ (932314) an der Universität für Bodenkultur Wien im Sommersemester 2025.

Autor:
Dr. Christian Fürst, ZuchtData

Zitat:
Christian Fürst, Jörg Dodenhoff, Christa Egger-Danner, Reiner Emmerling, Henning Hamann, Judith Himmelbauer, Dieter Krogmeier und Hermann Schwarzenbacher, 2025. Zuchtwertschätzung beim Rind - Grundlagen, Methoden und Interpretationen. https://www.zuchtwert.at/downloads/ZWS/ZWS.pdf

Inhaltsverzeichnis

1. Grundlagen der Zuchtwertschätzung 1-1
1.1 Einleitung
1.2 Begriffsbestimmungen
1.3 Aufgaben und Prinzip
1.4 Modelle der Zuchtwertschätzung
1.5 Bedeutung der Informationsquellen
1.6 Genauigkeit und Sicherheit

2. Allgemeines zur Zuchtwertschätzung in Österreich 2-1
2.1 Geschichtlicher Überblick
2.2 Gemeinsame Zuchtwertschätzung mit Deutschland
2.3 Interbull-Zuchtwertschätzung
2.4 Ablauf der Zuchtwertschätzung
2.5 Basis und Standardisierung
2.6 Sicherheitsberechnung

3. Zuchtwertschätzung Milch und Persistenz 3-1

4. Zuchtwertschätzung Fleisch 4-1

5. Zuchtwertschätzung Exterieur 5-1

6. Zuchtwertschätzung Nutzungsdauer 6-1

7. Zuchtwertschätzung Fruchtbarkeit 7-1

8. Zuchtwertschätzung Kalbeverlauf 8-1

9. Zuchtwertschätzung Aufzuchtverluste 9-1

10. Zuchtwertschätzung Zellzahl und Melkbarkeit 10-1

11. Zuchtwertschätzung Melkverhalten 11-1

12. Zuchtwertschätzung Gesundheitsmerkmale 12-1

13. Zuchtwertschätzung Klauengesundheit 13-1

14. Gesamtzuchtwert 14-1

15. Genomische Zuchtwertschätzung 15-1

16. Zuchtwertschätzung für Fleisch- und Generhaltungsrassen 16-1

17. Häufig gestellte Fragen in der Praxis 17-1

1. Grundlagen der Zuchtwertschätzung[1]

1.1 Einleitung

Das Ziel jedes Rinderzüchters ist es, die genetische Veranlagung seiner Kühe und Stiere zu verbessern. Das Genom des Rindes besteht aus einer großen Anzahl von Genen, deren genaue Zahl jedoch nicht bekannt ist. Man muss davon ausgehen, dass für die Ausprägung von Leistungseigenschaften mehrere tausend Gene verantwortlich sind. Die Gene befinden sich beim Rind auf 30 Chromosomenpaaren. Jedes Tier erhält jeweils die Hälfte seiner Gene vom Vater und von der Mutter. Da die Gene zum einen auf verschiedenen Chromosomen liegen und zum anderen bei der Bildung der Eizellen und Spermien Abschnitte paariger Chromosomen ausgetauscht werden, enthält jede Eizelle und jedes Spermium eine zufällige Stichprobe der Gene des jeweiligen Elters. Dies erklärt, warum sich Geschwister mehr oder weniger ähnlich, aber niemals genetisch ident sind (Ausnahme eineiige Zwillinge).

Beide Eltern haben die gleiche Bedeutung für die Qualität der genetischen Ausstattung (Genotypwert) eines Tieres! Ob sich ein guter Genotypwert auch in einer guten Leistung äußert, hängt davon ab, ob die Umweltbedingungen eine Entfaltung des genetischen Potentials zulassen. Wenn ein Tier viele Nachkommen in allen möglichen Umweltbedingungen hat, kann man davon ausgehen, dass sich positive und negative Einflüsse gegenseitig aufheben. In diesem Fall gibt die durchschnittliche Leistung der Nachkommen einen guten Hinweis auf die genetische Ausstattung des Tieres selbst.

Wenn ein bestimmter Stier von seinen Eltern bessere Gene geerbt hat als sein Bruder, kann er naturgemäß auch bessere Gene an seine Nachkommen weitergeben. Daher genügt es für die Selektion nicht, nur die genetische Ausstattung der Eltern zu kennen, sondern man muss jeden einzelnen Nachkommen wiederum prüfen, um zu erkennen, ob er überwiegend gute oder schlechte Gene geerbt hat. Durch die Auswahl der genetisch besseren Nachkommen werden allmählich die schlechteren Gene in der Population weniger und alle Tiere werden genetisch besser. Das heißt, man erreicht einen Zuchtfortschritt.

In jeder Zucht kommt der **Definition des Zuchtzieles** eine große Bedeutung zu. Grundsätzlich ist die Nutztierzucht auf die Erstellung von vitalen Tieren ausgerichtet, die unter den zukünftigen Produktionsbedingungen einen höchstmöglichen Gewinn sicherstellen (Fewson, 1993). Diese allgemeine Definition enthält alle wichtigen Aspekte, die bei der Definition des Zuchtzieles einer Rasse berücksichtigt werden müssen. Der ökonomische Gesamtzuchtwert, der als die Maximierung des wirtschaftlichen Gesamtnutzens definiert ist, gilt als die mathematische Definition des Zuchtzieles.
Die **Leistungsprüfung** ist eine unabdingbare

Abb. 1: Ablaufschema im Zuchtgeschehen:

Zuchtziel
⇩
Leistungsprüfung
⇩
Zuchtwertschätzung
⇩
Selektion
⇩
Zuchtfortschritt

[1] Quellenhinweis: Ein Teil dieses Kapitels stammt von Univ.-Prof. Dr. Alois Eßl, BOKU.
Weitere Quellen: Dr. Kay-Uwe Götz, LfL Grub, Univ.-Prof. Dr. Hermann Swalve, Univ. Halle.

Voraussetzung für jede züchterische Tätigkeit. Im Hinblick auf eine sinnvolle Leistungsprüfung stellen eine umfassende und korrekte Datenerfassung, -aufbereitung und -verwaltung unbedingt notwendige Voraussetzungen für eine effiziente Zuchtwertschätzung dar.
Die **Zuchtwertschätzung** gilt heute unbestritten als eines der wichtigsten Instrumentarien in der Nutztierzucht. Sie ist ein Hilfsmittel zur Auswahl der besten Tiere für die Weiterzucht.
Erfolgt die **Selektion** der Elterntiere für die nächste Generation entsprechend der geschätzten Zuchtwerte, kann man einen entsprechenden **Zuchtfortschritt** erwarten.

1.2 Begriffsbestimmungen

1.2.1 Züchten

Unter **züchten** versteht man die gezielte Auswahl solcher Elterntiere aus einer bestimmten Population, von deren Nachkommen man erwarten kann, dass sie in ihren Leistungen dem gesteckten Zuchtziel im Durchschnitt näherstehen als die Elterngeneration.
Züchten ist damit durch folgende 3 Kriterien gekennzeichnet:

- Aufstellung eines Zuchtzieles
- Festlegung eines Modus für die Auswahl der Elterntiere (Erstellung eines Zuchtprogrammes)
- für den Züchtungserfolg ist nicht das Leistungsvermögen der ausgewählten Elterntiere an sich, sondern jenes ihrer Nachkommen entscheidend.

1.2.2 Zuchtwert

An sich trifft das Wort "Zuchtwert" schon das Wesentliche. Es ist damit jener Wert eines Tieres gemeint, den dieses im Rahmen eines bestimmten Zuchtgeschehens hat.

Im Detail sind jedoch noch folgende Aspekte zu beachten:

- Von den Erbanlagen (Genotyp) eines Tieres erreicht nur jener Teil züchterische Bedeutung, der im Durchschnitt auch bei seinen Nachkommen wirksam wird.
- Wie groß dieser züchterisch nutzbare Anteil ist, hängt aber nicht nur von den Erbanlagen des Tieres selbst ab, sondern auch davon, welcher Kombinationseffekt dabei mit den Erbanlagen der jeweiligen Paarungspartner entsteht.

Der Zuchtwert eines Tieres ist somit nicht nur eine individuelle Größe, sondern hängt auch von der genetischen Struktur jener Population ab, aus der die jeweiligen Paarungspartner stammen.

In der Praxis bezieht sich der Zuchtwert in der Regel auf jene Population, aus der das betreffende Tier stammt. Wird aber z.B. ein Tier im Rahmen einer Kreuzungszucht in einer anderen Population eingesetzt, so ändert sich damit auch sein Zuchtwert. Eine kontinuierliche "Abschreibung" und damit Veränderung des Zuchtwertes eines Tieres ergibt sich aber auch für die eigene Population, wenn sich deren genetische Struktur durch gezielte Zuchtmaßnahmen im Sinne des angestrebten Zuchtzieles laufend verbessert. Daraus kann folgende Feststellung abgeleitet werden:

Der Zuchtwert eines Tieres ist im Gegensatz zu seinem Genotyp keine fixe, sondern eine variable Größe und ändert sich mit der jeweiligen Population, zu der man das betreffende Tier in Beziehung setzt.

Unter dem Zuchtwert versteht man die im Durchschnitt bei den Nachkommen wirksamen Erbanlagen.

Mit dem Zuchtwert eines Tieres soll nicht die eigene Leistung beurteilt werden, sondern die Leistung seiner Nachkommen, wenn es an durchschnittliche Paarungspartner angepaart wird. **Das heißt, mit dem Zuchtwert sollen die Erbanlagen eines Tieres beurteilt werden**. Der **wahre Zuchtwert** eines Tieres ist nur ein hypothetischer, grundsätzlich unbekannter Wert, weil die für seine Erfassung notwendigen Bedingungen in der Praxis nie zur Gänze erfüllbar sind. Der **geschätzte Zuchtwert** stellt ein Hilfsmittel dar, dessen Qualität nicht immer gleich gut ist. Ein Maß für die Qualität des geschätzten Zuchtwertes ist die Genauigkeit oder Sicherheit. Diese gibt an, wie gut der geschätzte mit dem wahren Zuchtwert übereinstimmt.

Mathematische Definition des Zuchtwertes:
Rein rechnerisch entspricht nach der Theorie der Populationsgenetik der wahre Zuchtwert eines Tieres für ein bestimmtes Merkmal folgender Beziehung:

$$ZW = 2*(NKD - PD)$$

mit PD = Durchschnitt der jeweiligen Referenzpopulation (Populationsdurchschnitt),
NKD = Leistungsdurchschnitt der Nachkommen des Tieres,
ZW = zuchtwertbedingte Abweichung des Tieres von PD,

wenn folgende (idealisierende) Annahmen zutreffen:
1. Die Anzahl der Nachkommen geht gegen unendlich,
2. Die Paarungspartner reflektieren genetisch die Referenzpopulation,
3. Die Umwelt, in der die Nachkommen ihre Leistung erbringen, muss im Durchschnitt jener der Referenzpopulation entsprechen.

Die Multiplikation der Abweichung (NKD - PD) mit 2 berücksichtigt die Tatsache, dass ein Tier die Erbanlagen seiner Nachkommen nur zur Hälfte bestimmt, während die andere Hälfte von den jeweiligen Paarungspartnern stammt.
Betrachtet man diese mathematische Definition des Zuchtwertes, so wird klar, dass der wahre Zuchtwert eines Tieres grundsätzlich unbekannt bleibt, weil die für seine Bestimmung notwendigen Bedingungen in der Praxis nie zur Gänze erfüllbar sind.

Erläuterung der angeführten <u>Bedingungen zur Erfassung des wahren Zuchtwertes</u>:

1. Die Anzahl der Nachkommen muss gegen unendlich gehen
Bei der Bildung von Samen- bzw. Eizellen (Gameten) werden die Erbanlagen eines Tieres im Zuge der sogenannten Reifeteilung der Spermato- bzw. Oozyten gehälftet. Dabei gelangt von jedem Chromosomenpaar nach dem Prinzip des Zufalles entweder das väterliche oder das mütterliche Chromosom in eine bestimmte Samen- bzw. Eizelle. Aufgrund dieses Faktums kann z.B. ein Stier über eine Milliarde(!) verschieden "veranlagte" Samenzellen bilden, die sich zumindest in einem ganzen Chromosom unterscheiden. Damit repräsentieren aber z.B. auch die vergleichsweise vielen Nachkommen eines KB-Stieres nie sein gesamtes Genom (wahren Zuchtwert), sondern immer nur eine mehr oder weniger aussagefähige Zufallsstichprobe davon.

2. Paarungspartner müssen der Referenzpopulation entsprechen
Wenn die Paarungspartner in ihrer durchschnittlichen genetischen Veranlagung von der Referenzpopulation abweichen, dann übertragen sie diese Abweichung (zur Hälfte) natürlich auch auf ihre Nachkommen. Das heißt, in diesem Falle würde die Differenz (NKD - PD) nicht mehr ausschließlich auf den Zuchtwert des jeweils betrachteten Elterntieres zurückgehen, sondern auch den Durchschnittszuchtwert der Paarungspartner reflektieren.

3. Die durchschnittliche Umwelt für die Nachkommen muss der Umwelt für die Referenzpopulation entsprechen

Die beobachtete (phänotypische) Durchschnittsleistung der Nachkommen (NKD) ist nicht nur von deren genetischer Veranlagung, sondern auch von der jeweiligen Umwelt abhängig, in der diese ihre Leistungen erbringen. Damit die Differenz (NKD - PD) frei von Umweltwirkung ist, müssen sich daher die umweltbedingten Abweichungen der Nachkommenleistungen vom PD in Summe gesehen auf null reduzieren.

1.2.3 Zuchtwertschätzung

Ziel jeder Zuchtwertschätzung ist die Erstellung einer **Rangierung** der Tiere einer Population gemäß ihrem züchterischen Wert. Der genaue Wert des geschätzten Zuchtwertes ist oft nicht entscheidend, sondern viel mehr die Frage, zu den wieviel Prozent der besten Tiere in einer Population ein Tier zählt. Die Zuchtwertschätzung soll den Landwirten eine Hilfe bei der gezielten Auswahl der Paarungspartner sein.

1.2.4 Heritabilität

Die **Heritabilität** oder Erblichkeit besagt, wie stark die Leistungsunterschiede von Tieren durch die Erbanlagen bedingt sind. Dieser Definition liegt die Tatsache zugrunde, dass sich jede Leistung eines Tieres aus der genetischen Veranlagung und Umwelteinflüssen ergibt. Die Heritabilität ist eine Verhältniszahl und kann daher zwischen 0 und 1 bzw. 0 und 100% schwanken. Eine Heritabilität von 100% würde bedeuten, dass die Ausprägung des Merkmals nur von Genen abhängt und von der Umwelt nicht beeinflusst werden kann (z.B. Farbe). Dagegen wäre in einer geklonten Population die genetische Variation und damit auch die Heritabilität gleich Null und somit jede Selektion praktisch aussichtslos.

Bei der Milchleistung liegt die Heritabilität bei ca. 0,40 bzw. 40%, das heißt, dass gut ein Drittel der Milchleistungsunterschiede in einer Population durch die Genetik bedingt ist, der Rest durch die Umwelt (Fütterung, Haltung, usw.). Bei der Fruchtbarkeit mit einer Heritabilität von etwa 2% ist die Bedeutung der Veranlagung gering. Anders ausgedrückt heißt das, dass die züchterischen Möglichkeiten zur Verbesserung der Fruchtbarkeit begrenzt sind, hier ist die Optimierung der Umwelt wesentlich erfolgversprechender. Ein Überblick über Heritabilitätsbereiche ist in Tabelle 1 ersichtlich. Detaillierte Angaben zu den Heritabilitäten finden sich bei den einzelnen Merkmalen.

Die Heritabilität ist jedoch keine Naturkonstante, sondern hängt auch stark davon ab, wie unterschiedlich die Umweltverhältnisse sind bzw. wie gut diese erfasst werden können. Das bedeutet, dass z.B. bei einer Stationsprüfung die Umwelt weniger stark variiert, womit die Heritabilität höher ist und dadurch auch der Rückschluss auf die Veranlagung besser möglich ist. Um bei "normalen" Daten den Erblichkeitsanteil zu erhöhen, besteht die Möglichkeit die Umweltfaktoren genauer zu erfassen. Das geschieht zum Beispiel bei der Zuchtwertschätzung mit dem Testtagsmodell, bei dem versucht wird, den Betriebseinfluss genauer zu erfassen. Das bewirkt, dass die Zuchtwerte genauer geschätzt werden können und gleichzeitig die Eigenleistung der Tiere mehr wert ist.

Generell gilt, dass bei einer sehr hohen Heritabilität wenige Tiere bzw. Leistungsinformationen genügen, um ausreichend zuverlässige Zuchtwerte schätzen zu können. So erzielt man zum Beispiel bei der Milchleistung ohne Genominformation schon mit ungefähr 20 Töchtern eine Sicherheit von 60%, wogegen man bei der Fruchtbarkeit ca. 300 Belegungen benötigt, um auf dieselbe Zuverlässigkeit zu kommen (siehe auch Kapitel 2.3).

Tabelle 1: Überblick über einige Heritabilitäten beim Rind (ungefähre Werte).

Merkmal	Heritabilität (%)
Milchmenge	40
Fettprozent	45
Eiweißprozent	55
Nettozunahme	25
Ausschlachtung	45
Handelsklasse	25
Nutzungsdauer	12
Persistenz	15
Fruchtbarkeit	2
Kalbeverlauf	5
Aufzuchtverluste	2
Zellzahl	15
Melkbarkeit	30
Gesundheit	2-10
Rahmen	35
Bemuskelung	25
Fundament	15
Euter	25

1.2.5 Genetische Korrelation

Der Korrelationskoeffizient (r) gibt den Grad des Zusammenhangs zwischen 2 Merkmalen an und kann den Wertebereich von -1 bis +1 annehmen. Die ***phänotypische Korrelation*** ist der Zusammenhang zwischen Phänotypwerten, wobei sich die genetischen und umweltbedingten Korrelationen beträchtlich unterscheiden können.

Die ***genetische Korrelation*** drückt den Zusammenhang zwischen den (wahren) Zuchtwerten für zwei Merkmale aus. Genetische Korrelationen sind bei Selektion auf mehrere Merkmale entscheidend, da negative (antagonistische) genetische Korrelationen den Zuchtfortschritt erschweren. Beispiele aus der Rinderzucht sind die negativen genetischen Beziehungen zwischen Milchmenge und Milchinhaltsstoffen (Milch-Eiweiß-%: -0,40), Milch und Fleisch (Milch-Ausschlachtung: -0,20) und Milch und Fitnessmerkmalen (Milch-Fruchtbarkeit: -0,30 bis -0,60).

1.3 Aufgaben und Prinzip

Das Grundproblem der Zuchtwertschätzung besteht darin, dass die für die Erfassung des wahren Zuchtwertes notwendigen 3 Bedingungen (1.2.2) in der Praxis nicht erfüllbar sind. Daraus ergibt sich folgende Feststellung:

In der Realität (=Praxis) ist jede Zuchtwertbestimmung grundsätzlich fehlerhaft!

Um aber wenigstens eine möglichst zuverlässige Schätzung für den wahren Zuchtwert zu erreichen, müssen daher alle Anstrengungen unternommen werden, um die in der Praxis nicht vermeidbaren Abweichungen von den diskutierten drei Bedingungen so klein wie möglich zu gestalten.
Dazu gehören im Wesentlichen folgende Maßnahmen:

1. Berücksichtigung aller verfügbaren Leistungsinformationen von Verwandten
Wenn sich auch der Zuchtwert eines Tieres definitionsgemäß auf die Leistung seiner Nachkommen bezieht, so stellen diese doch nicht die einzig mögliche Informationsquelle hiefür dar. Aus der Theorie der Populationsgenetik lässt sich ableiten, dass neben der eigenen Leistung auch die

Leistungen aller übrigen Verwandten als indirekte Zuchtwertinformationen herangezogen werden können. Die Aussagekraft dieser einzelnen Informationen kann sehr unterschiedlich sein und hängt neben dem jeweiligen Verwandtschaftsgrad auch von der Heritabilität des betreffenden Merkmales ab; beide Kriterien müssen bei der Zuchtwertschätzung entsprechend berücksichtigt werden.

2. Berücksichtigung des genetischen Niveaus der Anpaarungspartner
Durch die begrenzte Anzahl von Paarungspartnern können diese in ihrer genetischen Veranlagung allein durch den Zufall beträchtlich vom Populationsdurchschnitt abweichen. Darüber hinaus können die Anpaarungspartner eines Tieres aber auch mehr oder weniger stark vorselektiert sein, was zu einer systematischen Abweichung vom Populationsdurchschnitt führt. Mit den heutigen Methoden der Zuchtwertschätzung (simultane Schätzung der Zuchtwerte für alle Tiere einer Population) ist es jedoch möglich, die (gleichzeitig geschätzten) Zuchtwerte der Paarungspartner rechnerisch für alle Tiere konstant zu halten.

3. Berücksichtigung systematischer Umwelteinflüsse
Systematisch wirkende Umwelteinflüsse auf Leistungen können heute bei der Zuchtwertschätzung dann entsprechend berücksichtigt werden, wenn die hiefür notwendigen Dateninformationen vorliegen. Analog zu Punkt 2 wird hier rechnerisch eine Situation simuliert, als ob bezüglich der betreffenden Umweltkriterien für alle Tiere gleiche Verhältnisse geherrscht hätten.

Dem **Prinzip der Zuchtwertschätzung** liegen zwei Tatsachen zugrunde:
1. Der Phänotyp wird bei kontinuierlich variierenden Merkmalen (z.B. Milchleistung) sowohl durch die genetische Veranlagung als auch durch die Umwelt geprägt. Als Grundgleichung der Tierzucht gilt deshalb:

$$\mathbf{P = G + U}$$

Hierbei ist P der Phänotyp, G der Genotyp und U bezeichnet die Umweltwirkungen. Aufgabe der ZWS ist die Trennung der genetischen von den umweltbedingten Einflüssen, wobei nur sogenannte additiv-genetische Effekte erfasst werden können. Additiv-genetische Effekte sind der Teil der genetischen Veranlagung eines Tieres, der im Mittel an die Nachkommen weitergegeben werden kann.
→ rechnerisch korrekte Trennung von genetischen und umweltbedingten Effekten.

2. Über die genetische Veranlagung eines Tieres sagt nicht nur seine eigene Leistung etwas aus, sondern auch die **Leistungen verwandter Tiere**, weil verwandte Tiere einen bestimmten Anteil gleicher Gene haben.
→ optimale Gewichtung der Leistungen verwandter Tiere.

1.4 Modelle der Zuchtwertschätzung

Jedes statistische Schätzverfahren verlangt die Aufstellung eines sogenannten Merkmalsmodelles. Ein solches Modell entspricht dem Prinzip nach der Aufstellung einer Hypothese über das ursächliche Zustandekommen des jeweils fraglichen Merkmales. Die Güte des betreffenden Schätzverfahrens ist dabei untrennbar mit dem Realitätsgrad des zugrundegelegten Modelles verbunden.
Wie gut ein solches Modell die tatsächlichen Verhältnisse widerzuspiegeln vermag, hängt nicht nur vom jeweiligen Erkenntnisstand bezüglich aller relevanten Kausalfaktoren für die Realisierung eines Merkmales ab, sondern auch von den jeweils zur Verfügung stehenden statistischen Hilfsmitteln (Schätzmethodik, Speicherkapazität und Rechenleistung der Computer).

1.4.1 Einteilung nach statistischen Eigenschaften

a) BLUP-Modell
b) Schwellenwert-Modell (Threshold-Modell)
c) Lebensdaueranalyse (Überlebensanalyse, Survival Analyse)
d) Genomische ZWS

Die Bezeichnung **BLUP** steht für "**B**est **l**inear **u**nbiased **p**rediction" und ist ein von C.R. HENDERSON in den Siebzigerjahren entwickeltes statistisches Verfahren zur Schätzung von nicht direkt messbaren Realisationswerten einer sogenannten Zufallsvariable (wie z.B. die Zuchtwerte einzelner Tiere). Die Eigenschaften von BLUP garantieren für die jeweils verwendete Dateninformation, dass es bei (der üblichen) Verwendung eines linearen Modellansatzes im Durchschnitt zu einer Minimierung des Schätzfehlers kommt.
Eine Voraussetzung für die korrekte Verwendung eines BLUP-Modells besteht darin, dass die Daten zumindest näherungsweise einer Normalverteilung folgen sollen. Für nicht normal-verteilte (diskontinuierliche) Merkmale empfiehlt sich die Verwendung von **Schwellenwert- oder Threshold-Modellen**. Häufig können nicht-normalverteilte Merkmale entsprechend transformiert werden, sodass trotzdem eine Verwendung von BLUP-Modellen gerechtfertigt ist (z.B. Zellzahl durch logarithmische Transformation auf den somatic cell score, SCS). Außerdem zeigt sich häufig, dass mit BLUP-Modellen trotzdem sehr ähnliche Ergebnisse erzielt werden können, sodass Schwellenwert-Modelle aufgrund ihrer rechentechnischen Komplexität in der praktischen ZWS selten verwendet werden.
Die **Lebensdaueranalyse** (Survival Analyse) kommt speziell für Merkmale, die in Zeiteinheiten ausgedrückt werden, zur Anwendung. Beispiel dafür ist die Nutzungsdauer. Diese Methode erlaubt es zensierte Daten (z.B. noch lebende Kühe) korrekt zu berücksichtigen.
Bei der **genomischen ZWS** weicht man von der in der ZWS sonst üblichen Annahme von unendlich vielen Genen mit sehr kleinen Effekten ab. Zusätzlich zur rein phänotypischen Leistungsinformation stehen molekulargenetische Informationen zur Verfügung (z.B. SNPs). Bei der ursprünglichen Form der Marker-unterstützten ZWS (MA-BLUP) geht man von einem einzelnen oder sehr wenigen Markern aus, die in Verbindung mit einem QTL (quantitative trait locus) stehen. Bei der genomischen ZWS stehen viele tausend genetische Marker zur Verfügung. Details zur genomischen ZWS sind im Kapitel 14 zu finden.

1.4.2 Einteilung nach Merkmalsanzahl

a) Ein-Merkmals-Modell (univariat)
b) Mehr-Merkmals-Modell (multivariat)

Die ZWS-Modelle können auch nach Anzahl der berücksichtigten Merkmale unterschieden werden. Bei einem **Ein-Merkmals-Modell** wird der ZW nur für ein einziges Merkmal geschätzt. Eine Erweiterung des Ein-Merkmals-Modells ist das sogenannte **Wiederholbarkeitsmodell**. Dieses kommt bei wiederholten Messungen des gleichen Merkmals zur Anwendung und setzt zusätzlich zur Heritabilität die Kenntnis der Wiederholbarkeit voraus.
Bei Verwendung eines **Mehr-Merkmals-Modells** werden mehrere Merkmale gleichzeitig unter Berücksichtigung ihrer genetischen Beziehungen geschätzt. Dadurch besteht in Abhängigkeit von den Heritabilitäten und genetischen Korrelationen ein gewisser Informationsfluss zwischen den Merkmalen, der zu sichereren Zuchtwerten führt. Eine Sonderform des Mehr-Merkmals-Modells ist das **Testtagsmodell**, bei dem wiederholte Messungen des gleichen Merkmals vorliegen, die einem typischen biologischen Verlauf folgen (z.B. Laktationskurve).

1.4.3 Einteilung nach Einbeziehung der Verwandtschaft

a) Vatermodell
b) Tiermodell

Hinsichtlich der einbezogenen Verwandtschaftsbeziehungen kann man zwischen Vater- und Tiermodell unterscheiden. Der Unterschied zwischen Vater- und Tiermodell beruht im Wesentlichen auf folgenden Kriterien:
Beim **Vatermodell** beschränkt sich die Zuchtwertschätzung auf die Zuchtwerte der Väter jener Tiere, von denen die jeweilige Leistungsinformation stammt. Die Verwendung einer sogenannten Verwandtschaftsmatrix erhöht zwar die Schätzeffizienz, ist aber nicht unbedingt notwendig (die Verwandtschaftsmatrix beschränkt sich hier auf die Verwandtschaft zwischen den Vätern).
Beim **Tiermodell** erstreckt sich die Schätzung der Zuchtwerte auf alle männlichen und weiblichen Tiere, die im jeweiligen Datensatz vorkommen. Die Verwandtschaftsmatrix muss hier die Verwandtschaft zwischen allen Tieren berücksichtigen und ist eine unabdingbare methodische Voraussetzung für die Schätzung der Zuchtwerte. Die Berücksichtigung der gesamten Leistungsinformation von Verwandten kann allerdings auch dazu führen, dass der geschätzte Zuchtwert eines Tieres mit seiner individuellen Leistungsinformation (z.B. 1. Laktation einer Kuh) nicht gut übereinstimmt. Obwohl dieses Phänomen von der Theorie her erwartet werden muss, führt es in der Praxis manchmal zu Akzeptanzschwierigkeiten.
Bei der Methode des Tiermodells werden die Zuchtwerte aller Tiere (Stiere, Kühe, teilweise auch Jungstiere ohne Töchterleistungen oder Kälber/Kalbinnen ohne Leistungen) gleichzeitig unter Einbeziehung aller Verwandtschaftsinformationen geschätzt. Das heißt, dass für den Zuchtwert eines Stieres nicht allein die Leistung seiner Töchter ausschlaggebend ist, sondern auch die Leistungen der Töchter seines Vaters, seines Muttersvaters oder auch die Leistungen seiner Enkelinnen. Analoges gilt auch für die Zuchtwerte von Kühen, die nicht nur durch ihre eigene Leistung, sondern auch durch die Leistungen der Mutter, von väterlichen Halbgeschwistern, usw. bestimmt werden. Bei den Kühen ist der Informationsgewinn durch die Einbeziehung von Verwandtenleistungen im Vergleich zu Stieren besonders deutlich, da Stiere allein aufgrund ihrer Töchterleistungen oft schon recht genau geschätzt sind. Neben der Umweltkorrektur findet gleichzeitig eine bestmögliche Berücksichtigung des Anpaarungsniveaus statt. Bei der Heranziehung der Nachkommenleistung für die Zuchtwertschätzung spielt die genetische Veranlagung der Paarungspartner eine wichtige Rolle, welche durch Vorselektion oder Zufall beträchtlich vom Populationsmittel abweichen kann. Es wird versucht, diese verzerrenden Effekte rechnerisch entsprechend zu berücksichtigen.

Allerdings ist auch die Anwendung des Tiermodells nicht ohne **Probleme**.

- Die Qualität der Abstammungsdaten ist enorm wichtig, da falsche Abstammungen völlig falsche Zuchtwerte liefern können.
- Die Inzuchtgefahr bei kleinen Populationen steigt, da verwandte Tiere ähnlichere Zuchtwerte haben und daher auch enger verwandte Tiere vermehrt selektiert werden.
- Die Tatsache, dass für alle Tiere simultan ein Zuchtwert geschätzt wird, bedeutet einen enormen Rechenaufwand, der allerdings durch die rasanten Entwicklungen auf dem Computersektor immer mehr an Bedeutung verliert.

1.5 Bedeutung der Informationsquellen

1.5.1 Relative Bedeutung und Gewichtungsfaktoren

Es wurde bereits darauf hingewiesen, dass in der Zuchtwertschätzung mit dem Tiermodell sowohl die eigene Leistung eines Tieres als auch die Leistungen all seiner Verwandten (Vorfahren, Nachkommen und Seitenverwandte) berücksichtigt werden. In welchem Ausmaß diese **relative Bedeutung** der einzelnen Informationen zueinander liegt, soll in sehr vereinfachten Beispielen, die eine Abschätzung der Größenordnung zulassen, aber nicht allgemein gültig sind, verdeutlicht werden. Dabei werden der Überschaubarkeit halber nur die Informationen der Eltern und der Eigenleistung berücksichtigt. In Tabelle 2 sind zwei Beispiele dargestellt, die an die Situation der Zuchtwertschätzung für Milchleistungsmerkmale angenähert sind. Es wird dabei eine Heritabilität von 30% angenommen und eine Wiederholbarkeit zwischen aufeinanderfolgenden Laktationen von 60%. Die beiden Beispiele unterscheiden sich durch die unterschiedliche Sicherheit der Zuchtwerte der Eltern, wobei der erste Fall eine sehr hohe Genauigkeit und der zweite eine niedrige Genauigkeit darstellt. Aus den angeführten Beispielen lässt sich erkennen, dass durch die Einbeziehung mehrerer Laktationen in der Zuchtwertschätzung die relative Bedeutung der Eigenleistung der Kuh ansteigt. Allerdings lässt sich auch erkennen, dass eine Einbeziehung von mehr als drei Laktationen die Bedeutung der Eigenleistung nur geringfügig erhöht und auch die Genauigkeit eher unwesentlich ansteigt.

Die Bedeutung der Informationsquellen zwischen Elternleistung und Eigenleistung hängt allerdings nicht nur von der Sicherheit der Zuchtwerte und der Anzahl an Eigenleistungen ab, sondern auch von der Heritabilität des Merkmales. In Tabelle 3 sind analog zur Milchleistung zwei Beispiele für den (maternalen) Kalbeverlauf angeführt (Heritabilität = 5%, Wiederholbarkeit = 15%). Die beim Kalbeverlauf erreichbaren Genauigkeiten sind aufgrund der niedrigeren Heritabilität des Merkmales deutlich niedriger. Die niedrigere Heritabilität des Kalbeverlaufes wirkt sich auf die Bedeutung der Informationsquellen insofern aus, dass die Eigenleistung weniger „wert“ ist und dafür zuverlässige Verwandteninformationen ein höheres Gewicht erhalten.
Eine geringe Bedeutung der Eigenleistung ist beim Merkmal Nutzungsdauer gegeben (Heritabilität = 12%), weil hier selbstverständlich keine wiederholten Eigenleistungen möglich sind (Tabelle 4).

Tabelle 2: Relative Bedeutung verschiedener Informationsquellen auf den geschätzten Zuchtwert einer Kuh am Beispiel der Milchleistung; h^2=0,30, w=0,60 (vereinfacht).

Informationen in ZWS		Eigenleistung	Relative Bedeutung (%)			Sicherheit
Vater	**Mutter**	**der Kuh**	**Vater**	**Mutter**	**Kuh**	**Kuh**
1000 Tö.	**3 Lakt.**	-	62	38	0	40
		1 Laktation	38	23	39	52
		2 Laktationen	32	20	48	56
		3 Laktationen	30	18	52	58
		5 Laktationen	28	17	55	59
		10 Laktationen	27	16	57	61
5 Tö.	**1 Lakt.**	-	50	50	0	15
		1 Laktation	15	15	70	38
		2 Laktationen	11	11	78	44
		3 Laktationen	10	10	80	47
		5 Laktationen	9	9	82	49
		10 Laktationen	8	8	84	51

Tabelle 3: Relative Bedeutung verschiedener Informationsquellen auf den geschätzten Zuchtwert einer Kuh am Beispiel des (mat.) Kalbeverlaufes; h^2=0,05, w=0,15 (vereinfacht).

Informationen in ZWS		Eigenleistung	Relative Bedeutung (%)			Sicherheit
Vater	Mutter	der Kuh	Vater	Mutter	Kuh	Kuh
300 Abk.	**5 Abk.**	-	67	33	0	30
		1 Abkalbung	59	30	11	33
		2 Abkalbungen	55	27	18	34
		3 Abkalbungen	51	26	23	36
		5 Abkalbungen	47	23	30	38
		10 Abkalbungen	41	20	39	41
20 Abk.	**3 Abk.**	-	50	50	0	10
		1 Abkalbung	34	34	32	14
		2 Abkalbungen	27	27	46	17
		3 Abkalbungen	23	23	54	19
		5 Abkalbungen	19	19	62	23
		10 Abkalbungen	15	15	70	28

Tabelle 4: Relative Bedeutung verschiedener Informationsquellen auf den geschätzten Zuchtwert einer Kuh am Beispiel der Nutzungsdauer; h^2=0,12 (vereinfacht).

Informationen in ZWS		Eigenleistung	Relative Bedeutung (%)			Sicherheit
Vater	Mutter	der Kuh	Vater	Mutter	Kuh	Kuh
100 Tö.	**1 ND**	-	73	27	0	28
		1 ND	54	20	26	34

Zur näherungsweisen **Berechnung** des Zuchtwertes einer Kuh aufgrund der geschätzten Zuchtwerte der Eltern und ihrer Eigenleistung müssen jedoch andere Faktoren verwendet werden, da bei den geschätzten Zuchtwerten die unterschiedliche Genauigkeit zwischen Vater und Mutter bereits berücksichtigt ist. Außerdem variiert die Eigenleistung wesentlich stärker als die geschätzten Zuchtwerte (in Abhängigkeit von der Sicherheit), weshalb für die annäherungsweise Berechnung eines Kuhzuchtwertes für die Eigenleistung niedrigere Faktoren eingesetzt werden müssen. Eine Auswahl dieser Faktoren (Regressionskoeffizienten) für die Berechnung von geschätzten Kuhzuchtwerten ist in Tabelle 5 angegeben, wobei Beispiele mit sehr hoher bzw. mittlerer Sicherheit der Elternzuchtwerte gewählt wurden.

Tabelle 5: Gewichtung verschiedener Informationsquellen für die Berechnung des geschätzten Zuchtwertes einer Kuh am Beispiel der Milchleistung; ZW=geschätzter Zuchtwert, EL=Eigenleistung (vereinfacht).

Sicherheit der ZWe		Eigenleistung	Gewichtung			Sicherheit
Vater	Mutter	der Kuh	ZW-Vater	ZW-Mutter	EL-Kuh	Kuh
99	**60**	-	0,50	0,50	0,00	40
		1 Lakt.	0,40	0,40	0,20	52
		3 Lakt.	0,35	0,35	0,30	58
		10 Lakt.	0,32	0,32	0,36	61
75	**50**	-	0,50	0,50	0,00	31
		1 Lakt.	0,39	0,39	0,22	47
		3 Lakt.	0,34	0,34	0,32	53
		10 Lakt.	0,31	0,31	0,38	57

Eine Aussage, die sich anhand der Beispiele in Tabelle 5 ableiten lässt, ist die Tatsache, dass die geschätzten Zuchtwerte von Vater und Mutter auch bei unterschiedlicher Sicherheit genau gleich gewichtet werden. Das erklärt sich einerseits aus der biologischen Tatsache, dass jedes Tier jeweils

50% der Erbanlagen seiner Eltern erhält (Abweichungen von dieser Regel wie z.B. die zytoplasmatische Vererbung werden vernachlässigt) und andererseits daraus, dass eine unterschiedliche Genauigkeit bereits bei der Berechnung von ZW-Vater und ZW-Mutter berücksichtigt wurde (bei geringerer Sicherheit werden die geschätzten Zuchtwerte stärker zum Populationsmittel hin regressiert).
Um die Anwendung dieser Faktoren zu veranschaulichen, wird ein einfaches **Beispiel** der Zuchtwertberechnung angeführt. Wir gehen von einem geschätzten Zuchtwert des Vaters von +500 kg Milch (Genauigkeit=75%) und einem Zuchtwert der Mutter von +100 kg Milch (Genauigkeit=50%) aus. Die Eigenleistung der Kuh besteht aus einer 1. Laktation von 7000 kg Milch in einem Betrieb mit einer Durchschnittsleistung für die 1. Laktation von 6000 kg (sonstige Einflussfaktoren wie Kalbejahr, Zwischenkalbezeit, usw. werden in diesem Beispiel vernachlässigt). Unter Verwendung der Faktoren 0,39, 0,39 und 0,22 aus Tabelle 5 errechnet sich der geschätzte Zuchtwert wie folgt: $ZW = +500 \cdot 0{,}39 + 100 \cdot 0{,}39 + 1000 \cdot 0{,}22 = \underline{\underline{+454}}$

Generell kann man feststellen, dass man bei der Interpretation der einzelnen relativen Gewichte sehr genau unterscheiden muss, ob es sich dabei um die relative Bedeutung der einzelnen Informationsquellen (Tabellen 2 bis 4) oder um die tatsächliche Gewichtung bei der Berechnung der Zuchtwerte handelt (Tabelle 5).
Des Öfteren muss festgestellt werden, dass die Gewichtung der Eigenleistung im Vergleich zu Verwandteninformationen vor allem von Seiten der Praktiker als zu niedrig angesehen wird. Beschwerden treten besonders dann auf, wenn die Kuh eines Züchters besonders überdurchschnittliche Leistungen erbringt und der Zuchtwert nicht entsprechend hoch ist. Allerdings liegt die Bedeutung der Eigenleistung bei der Milchleistung ohnehin meist über 50% (Tabelle 2). In diesem Zusammenhang muss wieder darauf hingewiesen werden, dass der Zuchtwert nicht die Eigenleistung einer Kuh beurteilen soll, sondern (wie der Name Zuchtwert schon aussagt) in Hinblick auf die Leistung ihrer Nachkommen definiert ist. Diese für manche als zu niedrig erscheinende Gewichtung hat allerdings auch die Auswirkung, dass sich vereinzelte weit überdurchschnittliche (z.B. durch Sonderbehandlung) oder unterdurchschnittliche Leistungen (z.B. durch Krankheit) nicht so stark auf das Zuchtwertschätzergebnis auswirken können. Außerdem muss betont werden, dass diese Gewichtung nicht willkürlich festgelegt ist, sondern sich kausal aus den biologischen und statistischen Zusammenhängen ergibt.

1.5.2 Effekt der Elternzuchtwerte auf den Kuhzuchtwert

Zur Veranschaulichung der Auswirkungen der Gewichtung der einzelnen Informationsquellen auf die Zuchtwertschätzergebnisse von Kühen sollen Beispiele für die Milchleistung dienen. Dabei werden Kühe mit je bis zu 10 Laktationen mit unterschiedlicher Leistung und Abstammung angenommen (Tabelle 6).

Tabelle 6: Beispiel für den Effekt des Zuchtwertes der Eltern auf den Zuchtwert einer Kuh bei wiederholten Leistungen (ZW=geschätzter Zuchtwert, ohne Basisanpassung).

	Kuh A	Kuh B	Kuh C	Kuh D
ZW – Vater (75% Si.)	+500	+100	+500	-500
ZW – Mutter (50% Si.)	+100	+500	+100	-100
Leistungsabweichung - Kuh/Lakt.	0	+300	+1000	+1000
ZW - Kuh ohne Eigenleistung	+300	+300	+300	-300
ZW - Kuh mit 1 Laktation	+234	+300	+454	-14
ZW - Kuh mit 10 Laktationen	+186	+300	+566	+194

Die Zuchtwerte wurden dabei analog dem Beispiel in Abschnitt 1.5.1 anhand der Gewichtungsfaktoren in Tabelle 5 berechnet, wobei Genauigkeiten von 75% bzw. 50% für die geschätzten Zuchtwerte von Vater und Mutter angenommen wurden.

Anhand des angegebenen Beispiels kann man die große Bedeutung der Eltern-Zuchtwerte auf den Zuchtwert einer Kuh erkennen. Im Fall von deutlich negativen Zuchtwerten der Eltern ist es nur durch wiederholte weit überdurchschnittliche Leistungen möglich, einen positiven Zuchtwert zu erhalten (Kuh D). Diese Aussage gilt auch in umgekehrter Richtung, wonach Töchter von hervorragenden Vererbern nur schwer negative Zuchtwerte erhalten können. Aus dieser Tatsache ergibt sich die Notwendigkeit der konsequenten Auswahl auf Stier- und Kuhseite.
Aus dem Beispiel kann man auch erkennen, dass eine Einbeziehung von allen Laktationen in die Zuchtwertschätzung eine geringere Auswirkung hat als man vermuten könnte. Der Genauigkeitsgewinn bei Verwendung von mehr als 3 Laktationen ist relativ gering.

1.6 Genauigkeit und Sicherheit

Ein geschätzter Zuchtwert stellt immer nur den wahrscheinlichsten bzw. im Durchschnitt zu erwartenden Wert dar. Wie gut ein geschätzter Zuchtwert mit dem wahren übereinstimmt, darüber gibt die Sicherheit oder Genauigkeit einen Hinweis.
Die Sicherheit ist ein **Maß für die Qualität bzw. Zuverlässigkeit** eines geschätzten Zuchtwertes. Die Angabe der Sicherheit erfolgt üblicherweise in Prozent, wobei Werte nahe 100% auf einen zuverlässig geschätzten Zuchtwert hindeuten. Statistisch gesehen handelt es sich um ein Bestimmtheitsmaß bzw. um die quadrierte Korrelation zwischen wahrem und geschätztem Zuchtwert (r^2). Die Sicherheit hängt einerseits von der Anzahl und Qualität der Informationen (Eigenleistung, Leistungen der Nachkommen und sonstiger Verwandter) und andererseits vom Erblichkeitsgrad (Heritabilität) des Merkmales ab. Bei der Milch liegen die Sicherheiten bei den veröffentlichten Stierzuchtwerten zwischen 60 und 99%, bei den Kühen sind die Sicherheiten meist im Bereich von 40 bis 60%. Vor allem bei den Fitnessmerkmalen (Fruchtbarkeit, ...) liegen die Sicherheiten aufgrund der niedrigen Heritabilität in der Regel deutlich darunter.
Während r^2 ein relatives Maß für die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung darstellt, kann diese mit der daraus ableitbaren Standardabweichung der wahren Zuchtwerte um einen bestimmten Schätzwert, auch in Einheiten des jeweiligen Merkmales nach folgendem Ansatz quantifiziert werden:

$$s_{ZW|\hat{Z}W} = s_{ZW} \cdot \sqrt{1 - r^2_{ZW.\hat{Z}W}}$$

mit $s_{ZW|\hat{Z}W}$ = Standardabweichung der wahren Zuchtwerte (ZW) von Tieren, für die alle das **gleiche** Zuchtwertschätzergebnis ($\hat{Z}W$) errechnet wurde.
Es ist zu beachten, dass dieses quantitative Maß für die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung ein populationsspezifisches Maß ist, weil es der Variabilität der wahren Zuchtwerte in der betreffenden Population (s_{ZW}) direkt proportional ist.

Beispiel:
Die Bedeutung der Sicherheit sei an folgendem Beispiel veranschaulicht. In Abbildung 2 ist die Verteilung der wahren Zuchtwerte dargestellt, bei der Annahme eines geschätzten Zuchtwertes von +500 kg Milch bei unterschiedlichen Sicherheiten. Bei einer Sicherheit von 50% (z.B. Kühe oder Stiere mit ca. 10 Töchtern mit 1-2 Kontrollen, ohne Genominfomation) ist die Verteilung sehr flach. Die meisten der Tiere, für die +500 geschätzt wurde, haben auch einen wahren Zuchtwert von +500, allerdings gibt es mehr oder weniger deutliche Abweichungen nach oben und unten.

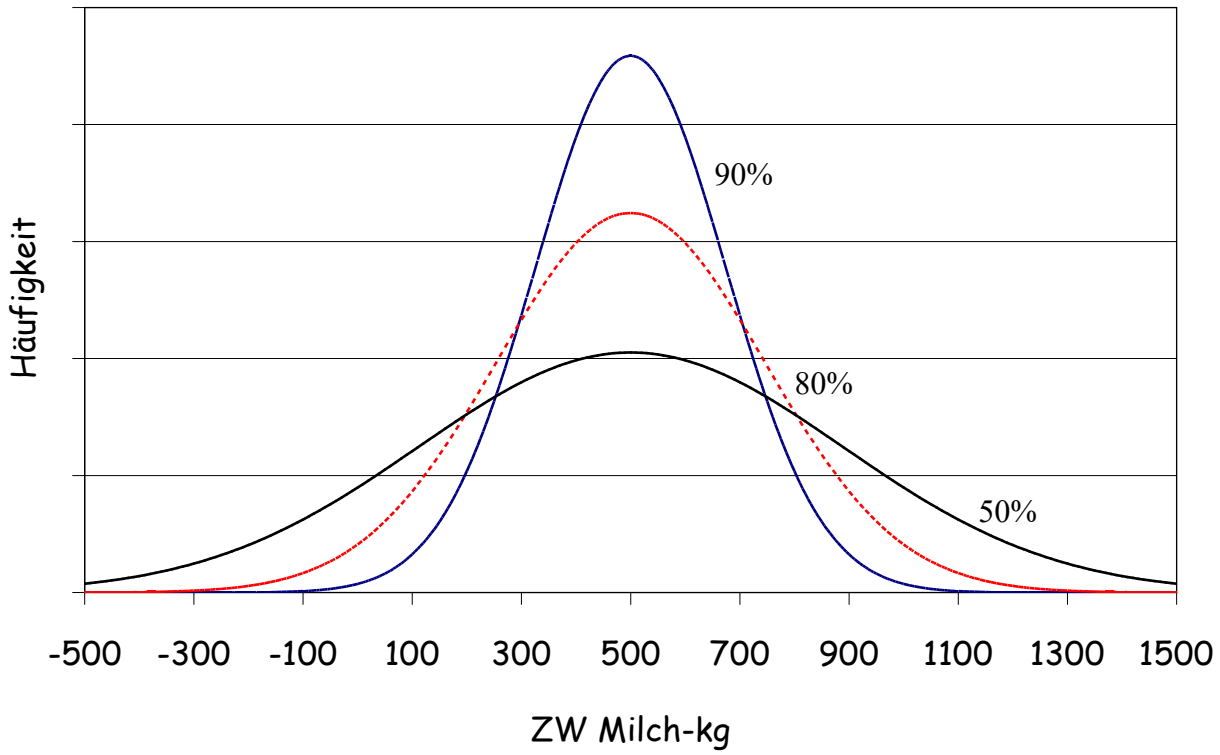


Abbildung 2: Verteilung der wahren Zuchtwerte bei einem geschätzten Zuchtwert von +500 (Beispiel Milch, h^2=30%, wahre Streuung szw=550).

Unter der Annahme, dass die wahren Zuchtwerte einer Normalverteilung folgen, kann man ableiten, dass bei 2/3 der Kühe der wahre Zuchtwert zwischen ca. +125 und +875 liegt (siehe auch Tabelle 7). Man kann auch ableiten, dass von 100 Kühen mit einem geschätzten Zuchtwert von +500, trotzdem 9 Kühe dabei sind, die sogar einen negativen wahren Zuchtwert aufweisen. Positiver betrachtet kann man jedoch auch annehmen, dass 9 Tiere sogar über +1000 kg liegen!
Nimmt man an, dass man 100 Stiere mit einem geschätzten Zuchtwert von +500 bei einer Sicherheit von 80% (ca. 50 Töchter im Laufe der 1. Laktation, ohne Genominformation) hätte, so kann man davon ausgehen, dass ungefähr 2/3 dieser Stiere einen wahren Milchzuchtwert zwischen ca. +260 und +740 haben. Bei der Annahme von 90% Sicherheit wird die Normalverteilungskurve noch enger und die wahren Zuchtwerte liegen noch näher beim geschätzten Zuchtwert. Außerdem kann man aus dieser hohen Sicherheit schließen, dass so gut wie sicher alle zumindest positiv sind. Diese Steigerung der Sicherheit von 80% auf 90% kann nicht nur durch mehr Daten (Töchterleistungen) zustande kommen, sondern wurde z.B. in vielen Fällen auch durch die Einführung der Testtagsmodell-ZWS erreicht. D.h., dass durch das bessere Zuchtwertschätzmodell mehr Information aus den gleichen Daten verwertet werden kann.

Tabelle 7: Vertrauensbereiche (Konfidenzintervalle) und Prozentsatz mit negativem Zuchtwert bei unterschiedlicher Sicherheit der geschätzten Zuchtwerte (geschätzter Zuchtwert = +500, wahre Streuung szw=550).

	66%-Bereich		90%-Bereich		negativ bzw. über +1000
Sicherheit	**Untergrenze**	**Obergrenze**	**Untergrenze**	**Obergrenze**	**(in %)**
99%	447	553	410	590	0,0
90%	333	667	215	785	0,0
80%	263	737	96	904	2,1
70%	210	790	5	995	4,8
60%	164	836	-73	1073	7,3
50%	125	875	-139	1139	9,4

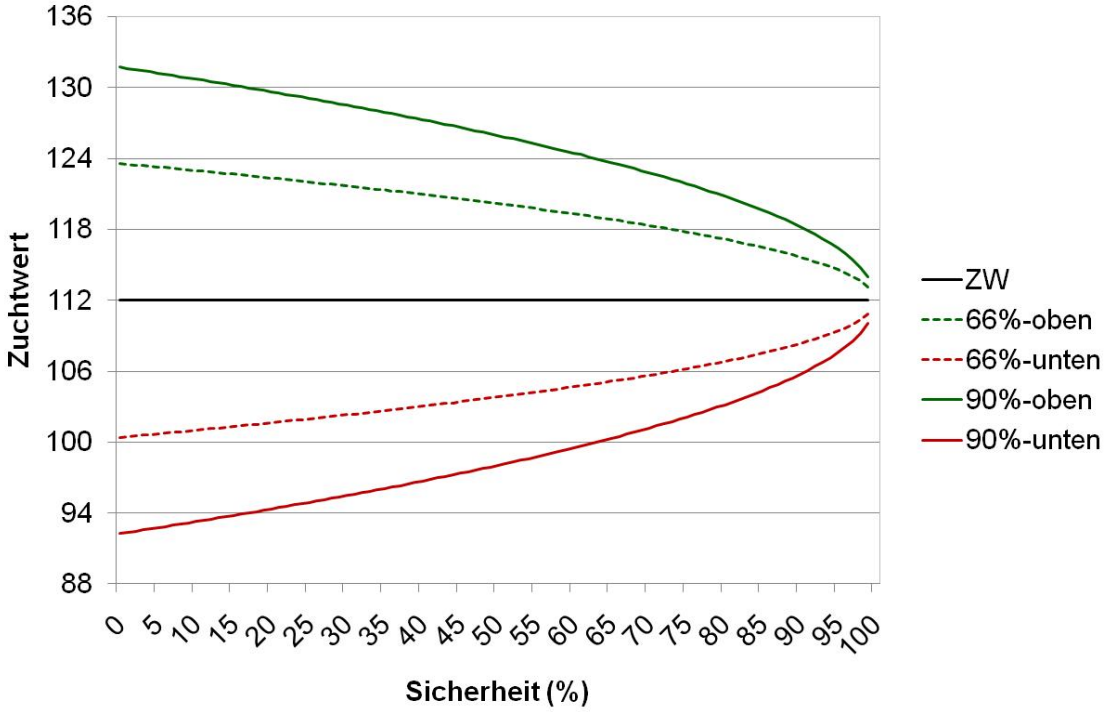


Abbildung 3: Vertrauensbereiche (Konfidenzintervalle, 66% bzw. 90%) bei unterschiedlicher Sicherheit der geschätzten Zuchtwerte (geschätzter Zuchtwert = 112, wahre Streuung szw=12).

Ähnlich wie in Tabelle 9 sind in Abbildung 3 die Konfidenzintervalle am Beispiel von Relativzuchtwerten dargestellt.
Aus den angegebenen Beispielen kann man sagen, **je höher die Sicherheit, desto geringer das züchterische Risiko!** Generell ist es jedoch so, dass der geschätzte Zuchtwert unabhängig von der Sicherheit den wahrscheinlichsten Wert darstellt. Das bedeutet, dass man im Durchschnitt mit dem geschätzten Zuchtwert am besten fährt, allerdings kann man im Einzelfall natürlich auch deutlich daneben liegen!

2. Allgemeines zur Zuchtwertschätzung in Österreich

Gemäß den Landestierzuchtgesetzen sind die Zuchtverbände für die Durchführung der geforderten Zuchtwertschätzung verantwortlich. Der RINDERZUCHT AUSTIRA und in weiterer Folge der ZuchtData GmbH wurde die Aufgabe der zentralen Zuchtwertschätzung für alle Rassen und Merkmale von den Zuchtverbänden übertragen Die Zuchtwertschätzung wird für die Milch- und Doppelnutzungsrassen Fleckvieh, Brown Swiss, Holstein, Pinzgauer, Grauvieh und Jersey gemeinsam mit Deutschland durchgeführt. Die Merkmale werden dabei auf die vorhandenen Rechenzentren aufgeteilt. Die ZWS erfolgt dreimal jährlich mit den Veröffentlichungsterminen April, August und Dezember. Zusätzlich werden 2-wöchentlich genomische Zuchtwerte geschätzt.
Die Zuchtwertschätzung für Fleischrinder und Generhaltungsrassen wird nicht länderübergreifend von der ZuchtData durchgeführt und erfolgt jeweils im Jänner (siehe Kapitel 15).

2.1 Geschichtlicher Überblick

Die Zuchtwertschätzung für Milchleistungsmerkmale existiert in Österreich seit 1963. Die damaligen Methoden waren aber noch sehr einfach (Töchterpopulationsvergleich). Einen großen Fortschritt stellte die Einführung des BLUP-Vatermodells 1985 dar, bei dem Kuh-Zuchtwerte näherungsweise bestimmt wurden. Die konsequente Weiterentwicklung resultierte in der Einführung des BLUP-Tiermodells im Jahr 1992. Die Methode des BLUP-Tiermodells wird seither bei allen Merkmalen (außer bis 2021 bei der Nutzungsdauer) eingesetzt. Mit dem Jahr 1992 wurde erstmals auch für ein Fitnessmerkmal, die Persistenz, eine ZWS durchgeführt. Seit 1995 wurden für sehr viele Fitnessmerkmale Zuchtwertschätzverfahren entwickelt und eingeführt. Die Einführung des ökonomischen Gesamtzuchtwertes im Jahr 1998 stellte einen wichtigen Schritt in der ZWS dar. Im Jahr 2000 wurde mit der gemeinsamen ZWS mit Deutschland begonnen und 2002 für alle Merkmale umgesetzt. Die Umsetzung der gemeinsamen ZWS mit der Einführung des Testtagsmodells in der Milch-ZWS ist als Meilenstein in der Geschichte der ZWS anzusehen. Als weitere Meilensteine sind auch die Einführungen der ZWS für Gesundheitsmerkmale und insbesondere auch die Genomische ZWS in den Jahren 2010/2011 zu betrachten. Ein großer Schritt in der ZWS war auch die Umstellung auf die Single-Step-Methode bei den Rassen Fleckvieh und Brown Swiss im April 2021 bzw. Holstein im April 2025 (siehe Kapitel 14).

1963 Milch: Töchterpopulationsvergleich
1985 Milch: BLUP-Vatermodell
1992 Milch und Persistenz: BLUP-Tiermodell
1995 Nutzungsdauer, Fruchtbarkeit, Kalbeverlauf, Fleisch
1998 Zellzahl, Totgeburtenrate, Gesamtzuchtwert
2000 gemeinsame ZWS mit Deutschland für Exterieur Fleckvieh, Melkbarkeit, Gebrauchskreuzungszuchtwert
2002 gemeinsame ZWS mit Deutschland für alle Merkmale und Rassen Milch: Testtagsmodell
2010 Gesundheitsmerkmale, Genomische ZWS bei Holstein
2011 Genomische ZWS bei Fleckvieh und Brown Swiss
2016 Aufzuchtverluste, neuer GZW, gemeinsamer GZW mit Tschechien (Fleckvieh)
2017 ZWS für Fleisch- und Generhaltungsrassen
2021 ZWS für Melkverhalten, Single-Step-ZWS für Fleckvieh und Brown Swiss
2023 Klauengesundheit
2025 Single-Step-ZWS für Holstein

2.2 Gemeinsame länderübergreifende Zuchtwertschätzung

Durch den sehr verbreiteten länderübergreifenden Austausch von Samen, Embryonen und Lebendtieren fallen Leistungen verwandter Tiere in anderen Ländern an. In früher üblichen nationalen Zuchtwertschätzungen wurden nur die im jeweiligen Land erbrachten Leistungen verwendet, wodurch sehr viel Information für die Abschätzung der genetischen Veranlagung verschenkt wurde. Zur Verbesserung dieser Situation gibt es verschiedene Möglichkeiten:

1. Manche Länder beziehen einzelne ausländische Zuchtwerte (von Kühen) in die nationale Zuchtwertschätzung mit ein (Blending).
2. Die Umrechnung ausländischer Zuchtwerte auf das jeweilige nationale Niveau mittels Umrechnungsfaktoren.
3. Bei der Interbull-Zuchtwertschätzung werden mit Hilfe der MACE-Methode (multiple across country evaluation) die Stier-Zuchtwerte von verschiedenen Ländern miteinander kombiniert. Die Interbull-Zuchtwertschätzung bringt allerdings nur eine Verbesserung für die Stier-Zuchtwerte, nicht aber für die Kuh-Zuchtwerte (siehe Kapitel 2.3).
4. Die beste Möglichkeit stellt die grenzenlose, gemeinsame Zuchtwertschätzung dar, bei der alle vorliegenden Leistungen und Verwandtschaftsbeziehungen der beteiligten Länder optimal ausgenutzt werden.

Deutschland und Österreich haben sich zu dieser fachlich optimalen Variante für alle Rassen entschlossen. Mit der Zuchtwertschätzung für die Exterieurmerkmale beim Fleckvieh ist bereits im Jahr 2000 der Startschuss für eine gemeinsame Zuchtwertschätzung Österreich-Deutschland erfolgt. Die Erfahrungen bei diesen Merkmalen waren sehr positiv, sodass im Jahr 2002 alle weiteren Merkmale gefolgt sind. Somit wird seither für alle Merkmale und alle Rassen die Zuchtwertschätzung gemeinsam durchgeführt. Mittlerweile ist Fleckvieh-Tschechien bei allen Merkmalen außer Gesundheit dabei. Außerdem nehmen die Slowakei, Ungarn und Italien mit mehreren Merkmalen an der gemeinsamen ZWS teil. Weitere Länder bzw. Merkmale werden beim Fleckvieh in den nächsten Jahren folgen.

Abbildung 1: Aufteilung der gemeinsamen Zuchtwertschätzung auf die Rechenzentren.

Die Zuchtwertschätzungen werden dabei auf die vorhandenen **Rechenzentren** aufgeteilt (siehe Abbildung 1), wobei Bayern (Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, LfL Grub) für die Merkmale Milch, Exterieur, Zellzahl, Melkbarkeit, Melkverhalten und Persistenz, Baden-Württemberg (Landesamt für Geoinformation und Landentwicklung, LGL Kornwestheim) für den Bereich Fleisch (Doppelnutzung) und Österreich (Rinderzucht Austria/ZuchtData Wien) für einen großen Teil des Fitnesskomplexes mit den Merkmalen Nutzungsdauer, Fruchtbarkeit, Kalbeverlauf, Totgeburtenrate, Aufzuchtverluste, die Gesundheitsmerkmale und den Gesamtzuchtwert zuständig ist. Die Holstein- und Jersey-ZWS wird vom VIT Verden durchgeführt.

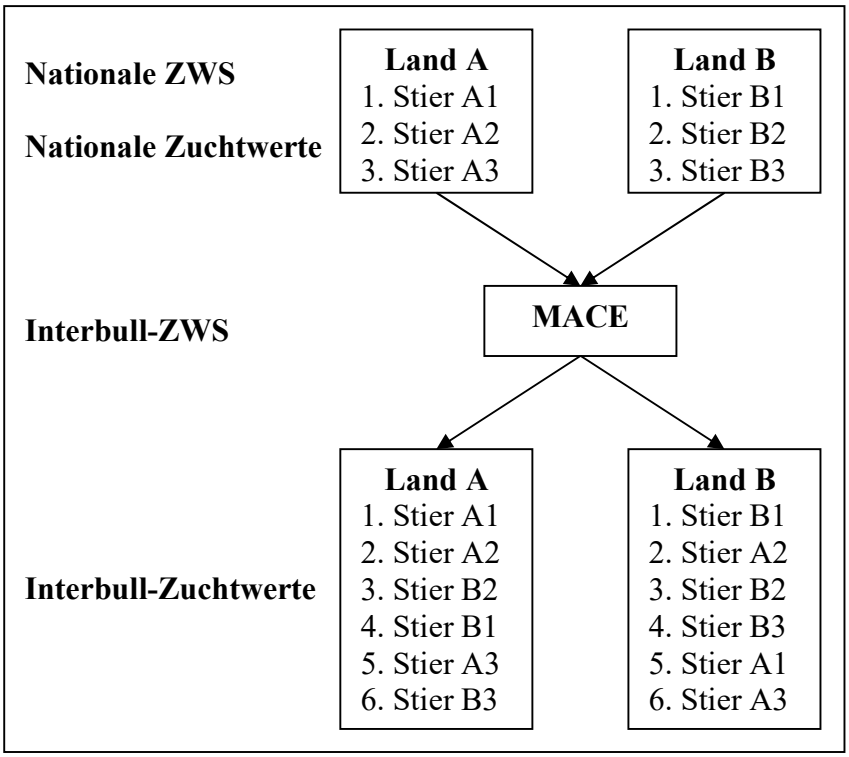
2.3 Interbull-Zuchtwertschätzung[1]

Durch den seit vielen Jahren bestehenden Trend verstärkt Sperma hervorragender Vererber international einzusetzen, ergeben sich mehr oder weniger starke Verknüpfungen und Verwandtschaftsbeziehungen über Ländergrenzen hinweg. Früher wurden diese Leistungen von Nachkommen eines Stieres im Ausland in der routinemäßigen Zuchtwertschätzung nicht berücksichtigt.
Um dem Problem, Informationen zu verschenken, entgegenzuwirken, wurde bereits 1983 die Zentralstelle **INTERBULL** (International Bull Evaluation Service = Internationale Stierzuchtwertschätzstelle) mit der generellen Zielsetzung gegründet, zur internationalen Harmonisierung der Zuchtwertschätzung bei Milchrindern beizutragen. INTERBULL ist als gemeinsame Initiative der Europäischen Vereinigung für Tierzucht (EVT) und des internationalen Milchwirtschaftsverbandes (IDF) entstanden. Inzwischen ist INTERBULL als Unterausschuss in das International Committee for Animal Recording (ICAR) eingegliedert. Außerdem wurde das INTERBULL-Zentrum mit Sitz in Uppsala (Schweden) von der EU zur Referenzstelle benannt. Die Hauptaufgaben dieses Zentrums liegen in Informationen, Unterstützungen, Empfehlungen, Beratungen in Bezug auf eine Harmonisierung und Vergleichbarkeit der Zuchtwertschätzungen in den einzelnen Mitgliedsländern. Finanziert wird diese Organisation durch Mitgliedsbeiträge der teilnehmenden Länder, wobei die Beitragshöhe von der jeweiligen Kuhzahl abhängig ist.

Seit 1994 bietet INTERBULL eine internationale **Zuchtwertschätzung** für Milchleistungsmerkmale an, wobei auf die nationalen Zuchtwerte (und nicht auf die Leistungen) der teilnehmenden Länder zurückgegriffen wird. Bei dieser sogenannten MACE-Schätzung (Multiple Across Country Evaluation = länderübergreifende Zuchtwertschätzung), die von Prof. Schaeffer aus Kanada entwickelt wurde, werden die Ergebnisse von Stieren aus den einzelnen nationalen Zuchtwertschätzungen kombiniert. Jedes teilnehmende Land kann dann seine eigenen Stiere auf der im eigenen Land gebräuchlichen Skala und Basis direkt mit Stieren aus anderen Ländern vergleichen. Dabei dienen länderübergreifend eingesetzte Stiere zur Verknüpfung der nationalen Zuchtwertschätzdatensätze. Jedes Land erhält also Zuchtwerte aller in zumindest einem der teilnehmenden Länder eingesetzten Stiere. Die Reihung der Stiere nach dem INTERBULL-Zuchtwert muss allerdings in den einzelnen Ländern nicht ident sein. Das heißt, dass der beste Stier in Italien nicht unbedingt der Beste in Österreich sein muss. Deswegen ist es auch nicht sinnvoll, eine einzige internationale Liste zu erstellen, weil damit den genetischen und zuchtpolitischen Unterschieden zwischen den Ländern nicht Rechnung getragen würde.

[1] Quellenhinweis: Ein Teil dieses Kapitels stammt von Dr. Ernst Potucek, Statistik Österreich, früher ZAR.
Internet: www.interbull.org

Bei der Interbull-Zuchtwertschätzung führt zuerst jedes Land seine nationale Zuchtwertschätzung durch. Anschließend werden die geschätzten Zuchtwerte für Milchleistungsmerkmale von Besamungsstieren gemeinsam mit der Töchterzahl, der Sicherheit und der Abstammung via Internet an das Interbull-Zentrum schickt. Dort wird die eigentliche Interbull-Zuchtwertschätzung durchgeführt, wobei die geschätzten Zuchtwerte der Stiere aus verschiedenen Ländern kombiniert werden. Dabei erhalten die Zuchtwerte aus dem eigenen Land ein höheres Gewicht als ausländische Zuchtwerte. Daraus ergibt sich die Tatsache, dass ein Stier nicht wie man vielleicht vermuten könnte, nur einen einzigen Zuchtwert bekommt, der dann für alle teilnehmenden Länder gleich ist, sondern für jedes teilnehmende Land einen eigenen Interbull-Zuchtwert erhält. Diese Interbull-Zuchtwerte werden schließlich an die jeweiligen Länder versendet und dort veröffentlicht.



Jeder inländische Stier hat also einen nationalen Zuchtwert (ausschließlich aufbauend auf nationalen Leistungen) und einen INTERBULL-Zuchtwert, der auch im Ausland erbrachte Leistungen verwandter Tiere berücksichtigt.

Ein besonderer Vorteil der Interbull-Zuchtwertschätzung besteht darin, dass ein im Ausland geprüfter Stier, der in Österreich/Deutschland bereits eingesetzt wird bzw. eingesetzt werden könnte und noch keine Töchter hat, bereits einen Zuchtwert auf ‚unserer' Bezugsbasis erhält und damit direkt mit allen anderen Stieren vergleichbar ist. Außerdem werden auch bei Stieren, die Töchter in verschiedenen Ländern haben, alle Leistungen voll genutzt, womit auch die Sicherheit der Zuchtwertschätzung steigt. Dadurch werden auch Unterschiede bei den Zuchtwerten zwischen verschiedenen Ländern etwas ausgeglichen. Seit April 2021 wird die Information von ausländischen Brown Swiss-Töchtern als Pseudo-Phänotyp in die Single-Step-ZWS integriert (siehe auch Kapitel 14).

In den Tabellen 1 bis 3 finden sich die Korrelationskoeffizienten beispielhaft für das Merkmal Zuchtwert Milch-kg zwischen den beteiligten Ländern. Diese Korrelationen geben einen Hinweis auf die Gewichtung ausländischer Stierzuchtwerte bei der Berechnung des inländischen INTERBULL-Zuchtwertes. Die Korrelationen zwischen den Ländern sind bei der Milch in der Regel bei ca. 0,90. Nur zu Australien und Neuseeland, die deutlich unterschiedliche Produktionssysteme aufweisen (Weide), liegen die Korrelationen merklich darunter.

Dieses Service der internationalen Zuchtwertschätzung wurde in den ersten Jahren nur für Milchleistungsmerkmale angeboten. Mittlerweile gibt es allerdings auch bereits Interbull-ZWS für Exterieur und die meisten Fitnessmerkmale. Fleckvieh nimmt neben der Milch noch bei der Zellzahl teil, Brown Swiss und Holstein nehmen bei (fast) allen Merkmalen teil.

In den Tabellen 4 und 5 sind die Korrelationen für Nutzungsdauer und Widerristhöhe beim Brown Swiss angegeben. Bei der Nutzungsdauer sind die Korrelationen aufgrund der niedrigen Heritabilität und der unterschiedlichen Zuchtwertschätzsysteme relativ niedrig. Bei der

Widerristhöhe sind die Korrelationen aufgrund der eindeutigen Definition des Merkmals bei hoher Heritabilität sehr hoch.

Die Durchführung einer internationalen Zuchtwertschätzung ist als eine Weiterentwicklung der Zuchtwertschätzung anzusehen, bei der zusätzlich zur routinemäßigen Zuchtwertschätzung vorhandene ausländische Informationen genutzt werden und damit die Zuverlässigkeit der geschätzten Zuchtwerte weiter gesteigert wird. Die dadurch auch erhöhte Vergleichbarkeit über Ländergrenzen hinweg, lässt auch verbesserte Absatzchancen im Ausland erwarten.

Vorteile der INTERBULL Zuchtwertschätzung

- Es lassen sich INTERBULL Zuchtwerte für Österreich für einen bestimmten Stier schätzen, obwohl dieser Stier noch keine Nachkommen in Österreich hat, bzw. mit dem Herkunftsland noch keine direkten genetischen Verknüpfungen existieren.
- Der INTERBULL Zuchtwert bezieht sich immer auf die nationale Bezugsbasis und Streuung.
- Berücksichtigung aller bekannten Verwandtschaften.
- Nutzung der Information von im Ausland erbrachter Töchterleistungen.
- Berücksichtigung durchschnittlicher Genotyp-Umwelt Interaktionen.
- Verringerung des Risikos durch schwach getestete Stiere.

Nachteile der INTERBULL Zuchtwertschätzung

- Die Bereitstellung der nationalen Zuchtwerte und Aufbereitung der Interbull-Zuchtwerte bedeutet einen zusätzlichen Arbeitsaufwand.
- Es besteht auch ein gewisser Zeitverlust, weil die nationale ZWS bereits 10-14 Tage früher durchgeführt werden muss.
- Interbull-Zuchtwerte gibt es nur für Stiere, sodass mitunter Eltern- und Kuh-Zuchtwerte in sich nicht logisch sind.
- Speziell beim Fleckvieh ist der zusätzliche Informationsgewinn gering, da mit der gemeinsamen ZWS mit Deutschland nur mehr wenig Zusatzinformation über andere Länder zu erwarten ist.
- Bei der praktischen Durchführung gibt es immer wieder Probleme mit der Verwendung der Originalnummern der Stiere, die zu falschen oder fehlenden Verknüpfungen führen können.

Tabelle 1: Korrelationen zwischen den Ländern: Holstein Milch-kg (Stand Apr. 23, DEA=Deutschland+Österreich)

	CAN	DEA	DFS	FRA	ITA	NLD	USA	CHE	GBR	NZL	AUS	BEL	IRL	ESP	CZE	SVN	EST	ISR	HUN	POL	ZAF	JPN	LVA	SVK	LTU	PRT	KOR	URY	HRV
CAN																													
DEA	0,94																												
DFS	**0,93**	**0,94**																											
FRA	0,91	**0,92**	0,91																										
ITA	0,89	**0,88**	0,87	0,88																									
NLD	0,91	**0,94**	0,92	0,89	0,87																								
USA	0,93	**0,91**	0,90	0,90	0,90	0,89																							
CHE	0,90	**0,92**	0,88	0,93	0,87	0,91	0,88																						
GBR	0,86	**0,85**	0,83	0,86	0,82	0,86	0,84	0,89																					
NZL	0,69	**0,68**	0,68	0,75	0,67	0,71	0,70	0,75	0,70																				
AUS	0,77	**0,74**	0,71	0,78	0,70	0,75	0,74	0,77	0,73	0,82																			
BEL	0,86	**0,86**	0,81	0,83	0,78	0,83	0,81	0,81	0,76	0,67	0,77																		
IRL	0,83	**0,84**	0,83	0,89	0,79	0,85	0,81	0,87	0,81	0,82	0,81	0,79																	
ESP	0,93	**0,92**	0,90	0,92	0,89	0,90	0,92	0,89	0,83	0,68	0,76	0,86	0,82																
CZE	0,87	**0,88**	0,84	0,81	0,81	0,81	0,84	0,77	0,74	0,64	0,71	0,83	0,73	0,84															
SVN	0,80	**0,84**	0,81	0,83	0,71	0,80	0,80	0,73	0,68	0,60	0,66	0,72	0,66	0,82	0,76														
EST	0,87	**0,87**	0,89	0,82	0,82	0,83	0,87	0,84	0,77	0,67	0,73	0,79	0,74	0,83	0,83	0,73													
ISR	0,82	**0,83**	0,82	0,82	0,83	0,81	0,86	0,81	0,79	0,62	0,67	0,79	0,70	0,85	0,79	0,78	0,80												
HUN	0,85	**0,86**	0,84	0,86	0,88	0,85	0,89	0,85	0,81	0,65	0,66	0,74	0,77	0,85	0,83	0,72	0,83	0,83											
POL	0,87	**0,90**	0,86	0,86	0,86	0,87	0,87	0,84	0,81	0,67	0,74	0,81	0,79	0,88	0,85	0,78	0,85	0,80	0,87										
ZAF	0,83	**0,78**	0,78	0,82	0,79	0,75	0,82	0,78	0,75	0,66	0,76	0,75	0,75	0,82	0,78	0,67	0,71	0,81	0,79	0,78									
JPN	0,93	**0,91**	0,92	0,91	0,89	0,91	0,92	0,89	0,83	0,68	0,76	0,84	0,81	0,91	0,84	0,86	0,84	0,86	0,84	0,88	0,83								
LVA	0,74	**0,75**	0,71	0,76	0,69	0,71	0,75	0,74	0,69	0,61	0,63	0,68	0,72	0,73	0,67	0,64	0,76	0,79	0,73	0,74	0,71	0,72							
SVK	0,78	**0,79**	0,79	0,78	0,77	0,73	0,78	0,76	0,74	0,61	0,63	0,76	0,69	0,79	0,80	0,75	0,79	0,80	0,81	0,79	0,71	0,81	0,69						
LTU	0,74	**0,73**	0,70	0,75	0,66	0,68	0,70	0,70	0,66	0,60	0,63	0,70	0,64	0,74	0,69	0,76	0,63	0,79	0,68	0,69	0,63	0,74	0,67	0,72					
PRT	0,76	**0,77**	0,77	0,77	0,75	0,76	0,77	0,76	0,70	0,60	0,60	0,68	0,72	0,78	0,66	0,75	0,68	0,79	0,73	0,73	0,61	0,76	0,66	0,70	0,61				
KOR	0,85	**0,80**	0,80	0,81	0,78	0,77	0,85	0,77	0,72	0,70	0,74	0,82	0,73	0,84	0,80	0,76	0,79	0,80	0,75	0,77	0,79	0,85	0,72	0,77	0,67	0,68			
URY	0,71	**0,71**	0,68	0,76	0,70	0,70	0,71	0,71	0,66	0,76	0,73	0,70	0,71	0,71	0,68	0,64	0,67	0,79	0,69	0,70	0,74	0,69	0,70	0,64	0,67	0,61	0,71		
HRV	0,66	**0,67**	0,68	0,68	0,66	0,69	0,64	0,63	0,64	0,59	0,60	0,67	0,60	0,67	0,63	0,62	0,68	0,79	0,67	0,68	0,71	0,68	0,63	0,68	0,61	0,62	0,65	0,64	

Tabelle 2: Korrelationen zwischen den Ländern: Brown Swiss Milch-kg (Stand Apr. 23)

	CAN	FRA	USA	CHE	ITA	DEA	NLD	SVN	NZL	GBR	AUS
CAN											
FRA	0,88										
USA	0,92	0,88									
CHE	0,90	0,88	0,87								
ITA	0,87	0,79	0,88	0,87							
DEA	**0,83**	**0,81**	**0,85**	**0,94**	**0,89**						
NLD	0,88	0,85	0,87	0,85	0,85	**0,86**					
SVN	0,69	0,73	0,71	0,70	0,63	**0,72**	0,67				
NZL	0,68	0,74	0,70	0,72	0,67	**0,72**	0,71	0,65			
GBR	0,84	0,86	0,83	0,85	0,77	**0,76**	0,83	0,67	0,71		
AUS	0,73	0,74	0,69	0,69	0,65	**0,63**	0,71	0,65	0,82	0,69	

Tabelle 3: Korrelationen zwischen den Ländern: Fleckvieh Milch-kg (Stand Apr. 23)

	CHE	DEA	FRM	ITA	SVN	FRA	NLD	IRL	GBR	HRV	USA	HUN
CHE												
DEA	**0,87**											
FRM	0,95	**0,85**										
ITA	0,77	**0,71**	0,71									
SVN	0,75	**0,74**	0,79	0,71								
FRA	0,90	**0,87**	0,81	0,84	0,78							
NLD	0,88	**0,92**	0,88	0,76	0,74	0,87						
IRL	0,84	**0,73**	0,85	0,68	0,72	0,86	0,80					
GBR	0,87	**0,86**	0,86	0,77	0,69	0,85	0,85	0,78				
HRV	0,66	**0,65**	0,77	0,63	0,62	0,64	0,64	0,66	0,64			
USA	0,86	**0,80**	0,81	0,87	0,79	0,90	0,88	0,79	0,82	0,65		
HUN	0,84	**0,75**	0,79	0,82	0,72	0,83	0,83	0,76	0,80	0,67	0,89	

Tabelle 4: Korrelationen zwischen den Ländern: Brown Swiss Nutzungsdauer (Stand Apr. 23)

	CAN	CHE	DEA	NLD	USA	ITA	FRA	GBR	SVN
CAN									
CHE	0,71								
DEA	**0,90**	**0,84**							
NLD	0,67	0,77	**0,73**						
USA	0,91	0,64	**0,85**	0,73					
ITA	0,79	0,70	**0,86**	0,63	0,70				
FRA	0,63	0,77	**0,73**	0,66	0,66	0,51			
GBR	0,85	0,59	**0,65**	0,60	0,84	0,64	0,58		
SVN	0,66	0,64	**0,79**	0,70	0,67	0,74	0,55	0,56	

Tabelle 5: Korrelationen zw. den Ländern: Brown Swiss Widerristhöhe (Stand Apr. 23)

	CAN	CHE	FRA	ITA	NLD	USA	DEA	SVN	GBR
CAN									
CHE	0,95								
FRA	0,98	0,96							
ITA	0,96	0,95	0,95						
NLD	0,95	0,95	0,96	0,91					
USA	0,98	0,95	0,97	0,95	0,94				
DEA	**0,96**	**0,98**	**0,97**	**0,96**	**0,95**	**0,96**			
SVN	0,92	0,91	0,89	0,93	0,90	0,90	**0,90**		
GBR	0,96	0,92	0,95	0,93	0,93	0,95	**0,89**	0,90	

2.4 Praktischer Ablauf der Zuchtwertschätzung

Die vollständige Zuchtwertschätzung erfolgt für alle Merkmale 3-mal jährlich zu den Veröffentlichungsterminen April, August und Dezember. Die Veröffentlichung erfolgt dabei (an Interbull gebunden) jeweils am 1. oder 2. Dienstag im Monat.
Die eigentliche Durchführung der ZWS beginnt in der Regel ca. 6 Wochen vor dem Veröffentlichungstermin. Der 1. Schritt stellt die **Selektion der Daten aus der Datenbank** (Rinderdatenverbund RDV) dar. Die jeweiligen Rechenstellen bringen die Daten in die vorgegebenen Formate und stellen die Dateien auf einen ftp-Server (Rinderzucht Austria/ZuchtData). Ebenfalls wird ein umfassender Abstammungsdatensatz erstellt und auch via ftp zur Verfügung gestellt. Von dort holen sich die zuständigen Rechenstellen die Daten für die jeweiligen Merkmale ab. Die Abstammungsdatensätze werden von der LfL Grub zusammengefasst und wieder zur Verfügung gestellt. Der gesamte Abstammungsdatensatz, der für die gemeinsame ZWS (ohne Holstein) für alle Merkmale verwendet wird, umfasst fast 100 Millionen Tiere (ca. 10 GB). Die Milch-ZWS dauert beim Fleckvieh für den gesamten Ablauf ca. 3 Tage. Bei der Durchführung der ZWS stellt die Aufbereitung und Überprüfung der Datensätze einen sehr wichtigen Teil dar. Ähnlich wichtig ist die Überprüfung der Zuchtwertschätzergebnisse. Dabei werden Korrelationen zur vorhergehenden ZWS errechnet und maximale Abweichungen bei Einzeltieren ermittelt und überprüft.
Die nationalen Zuchtwerte werden ca. 3 Wochen vor dem Veröffentlichungstermin via ftp an das **Interbull**-Zentrum übermittelt. Das Interbull-Zentrum hat ca. 1 Woche für die Interbull-ZWS Zeit und übermittelt die Interbull-Zuchtwerte 10 Tage vor der Veröffentlichung an die Rechenzentren. Die Zuchtwerte können bereits geprüft und aufbereitet aber nicht veröffentlicht werden. Sobald die konventionellen Zuchtwerte vorliegen, kann die **genomische ZWS** durchgeführt werden (siehe Kapitel 14).
Wenn alle konventionellen und genomischen Zuchtwerte vorhanden sind, werden diese wieder auf den ftp-Server übertragen und allen zur Verfügung gestellt. Außerdem errechnet die ZuchtData GmbH noch den Gesamtzuchtwert und erstellt die gemeinsamen Zuchtwertlisten (GZL). Diese GZLs sind in den Ländern Österreich, Deutschland und Tschechien identisch und enthalten alle Besamungsstiere mit einem offiziellen GZW.
Am **Veröffentlichungstag** werden die Stier- und Kuh-Zuchtwerte ab 10 Uhr in den Rinderdatenverbund RDV geladen und stehen damit allen Mitgliedsorganisationen sofort zur Verfügung. Außerdem werden Excel-Dateien mit verschiedenen Stier-Toplisten via E-Mail an die Mitgliedsorganisationen verschickt. Zusätzlich werden die Stier-Zuchtwerte mit vielen Zusatz-informationen in die Internet-Zuchtwertdatenbank Zuchtwert Austria (zuchtwert.at) geladen, wo sie weltweit zur Verfügung stehen. Hier können einzelne Stiere gezielt abgefragt oder individuelle Toplisten erstellt werden. Auf der Rinderzucht Austria-Homepage werden die Stier-Zuchtwerte außerdem in Form von Excel- und pdf-Dateien zur Verfügung gestellt. Die Züchter können über eine Internetanwendung (LKV-Herdenmanager) bzw. die RDV-Mobil-App ebenfalls sofort die Zuchtwerte ihrer Tiere abfragen oder bei der Anpaarungsplanung mit dem Programm OptiBull berücksichtigen (RDV-Portal, www.rinderzucht.at).

2.5 Basis und Standardisierung

Alle Relativzuchtwerte werden auf ein Mittel von 100 und eine Streuung von 12 Punkten aufgrund der wahren genetischen Standardabweichung standardisiert, wobei Zuchtwerte über 100 züchterisch wünschenswert sind (ausgenommen einzelne Exterieurmerkmale). Eine Ausnahme stellt der Gesamtzuchtwert bei Brown Swiss dar, wo eine Streuung von 15 Punkten gewählt wurde.
Die sogenannte Basis stellt in der Zuchtwertschätzung den Bezugspunkt für die geschätzten Zuchtwerte dar. Diese Bezugsbasis wird bei jeder ZWS aktualisiert, d.h. um ca. 4 Monate nachgerückt (gleitende Basis).

Es werden dabei Kühe mit folgendem Alter verwendet:

- Fleckvieh, Holstein: 4-6
- Brown Swiss, Pinzgauer: 6-8
- Grauvieh: 8-10 Jahre alt

Das bedeutet, dass diese Kühe im Durchschnitt bei allen Relativzuchtwerten (Gesamtzuchtwert, Milchwert, usw.) auf 100 bzw. bei Milch-, Fett- und Eiweißmenge auf 0 gesetzt werden. Die Verwendung einer laufend aktualisierten Bezugsbasis hat den Vorteil, dass sich die Zuchtwerte immer auf die aktuelle Population beziehen. Der Nachteil besteht allerdings darin, dass die Zuchtwerte von älteren Tieren kontinuierlich „abgeschrieben" werden. Dieser Umstand kommt dadurch zustande, dass die jüngeren Jahrgänge bei einem positiven Zuchtfortschritt den älteren im Durchschnitt genetisch überlegen sind und damit die Latte von Jahr zu Jahr höher gelegt wird.
Bei der Basisanpassung muss man zurzeit bei den meisten Rassen von einer Abschreibung von ca. 2-3 Gesamtzuchtwert- bzw. Milchwert-Punkten und ca. 80 kg Milch pro Jahr ausgehen.
Bei der Rasse **Holstein** ist zu beachten, dass für Schwarzbunt (HF) und Rotbunt (RF) in Deutschland im Gegensatz zu Österreich unterschiedliche Basen verwendet werden.
Wenn eine starke Abschreibung der Zuchtwerte im Einzelfall auch negativ angesehen wird, so ist sie aus züchterischer Sicht sehr erfreulich, da dies ein Ausdruck dafür ist, dass es züchterisch vorwärtsgegangen ist und die gesetzten Zuchtmaßnahmen von Erfolg gekrönt waren.

Die Streuung von 12 (bzw. 15 Punkten) wird nur bei einer Sicherheit von 100% erreicht. Dadurch dass die Sicherheiten aber immer mehr oder weniger deutlich unter 100 liegen, liegt die tatsächliche Streuung der Relativzuchtwerte in der Regel unter 12.
Die Häufigkeitsverteilung entspricht ungefähr einer Normalverteilungskurve (Abb. 2). Theoretisch kann man die Relativzuchtwerte bezogen auf die aktuelle Population wie folgt interpretieren:

- ca. 2/3 der Tiere haben einen Zuchtwert zwischen 88 und 112 (± 1 Standardabweichung)
- ca. 95% der Tiere haben einen Zuchtwert zwischen 76 und 124 (± 2 Standardabweichungen)
- ca. 5% der Tiere haben einen Zuchtwert über 120
- ca. 1% der Tiere haben einen Zuchtwert über 128

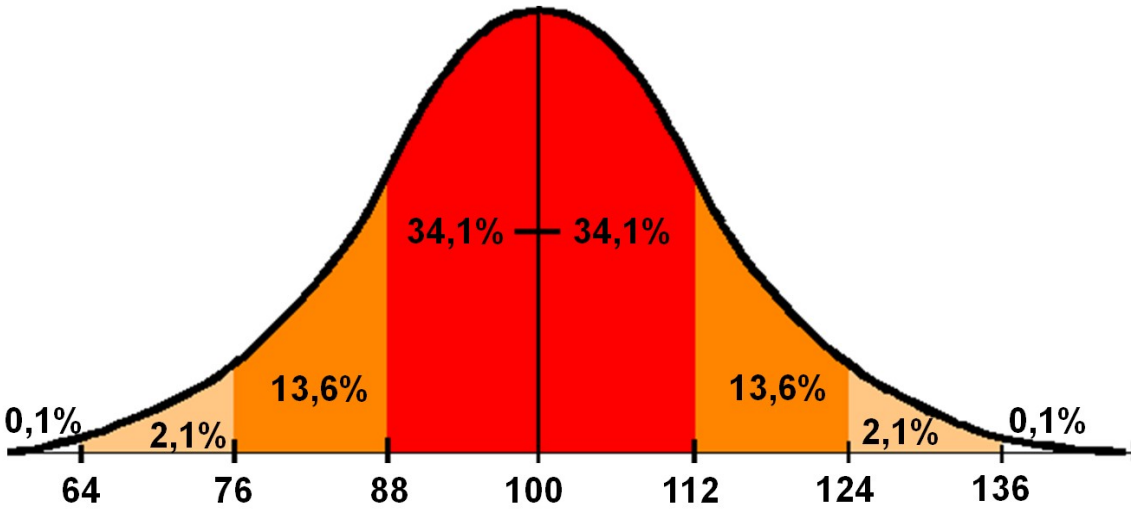


Abbildung 2: Theoretische Häufigkeitsverteilung der Relativ-Zuchtwerte.

2.6 Sicherheitsberechnung

Die Berechnung der Sicherheit erfolgt in der Regel getrennt von der ZWS in einem eigenen, ebenfalls recht aufwändigen Rechenvorgang. Für eine präzise Berechnung der Sicherheit müsste die Verwandtschaftsmatrix invertiert werden, was rechentechnisch nicht möglich ist. Die Berechnung kann daher nur näherungsweise erfolgen. Dabei werden (von Merkmal zu Merkmal leicht unterschiedlich) folgende Informationen berücksichtigt:

- Eigenleistungen
- Nachkommenleistungen
- Vorfahrenleistungen (bzw. väterliche und mütterliche Halbgeschwister)
- Größe der Vergleichsgruppe (Anzahl Kühe in Betrieb): kleine Vergleichsgruppe → niedrigere Sicherheit
- Anzahl Töchter in gleicher Vergleichsgruppe: mehr Töchter in gleicher Vergleichsgruppe → niedrigere Sicherheit
- Genom-Information (SNP)

Bei der Berechnung der Sicherheit wird z.T. auch die Verteilung der Töchter eines Stieres auf die Betriebe berücksichtigt. D.h., dass die Sicherheit höher ist, wenn die Töchter auf viele Betriebe verteilt und nicht auf einige wenige konzentriert sind. Die Größe der Vergleichsgruppen spielt ebenfalls eine Rolle. Größere Betriebe liefern höhere Sicherheiten, eine Kuh in z.B. einem 2-Kuh-Betrieb liefert wenig Information.

Zur Abschätzung der Größenordnung der Sicherheit r^2 bei einer **Nachkommenprüfung** kann folgende Formel verwendet werden.

$$r^2 = \frac{n}{n+k} \qquad k = \frac{4-h^2}{h^2}$$

wobei n = Anzahl der Töchter.

Beim ausschließlichen Vorliegen einer **Eigenleistung** gilt $r^2 = h^2$.

Beim Vorliegen **wiederholter Eigenleistungen** lautet die Formel: $r^2 = \frac{n}{1+(n-1)\cdot w} \cdot h^2$,

wobei n = Anzahl Leistungen und w = Wiederholbarkeit.

Eine wichtige Regel bei der Berechnung der Sicherheit ist die Berücksichtigung der **Vorfahren**. Ähnlich wie sich der vorgeschätzte Zuchtwert (Ahnenindex) aus $ZW = \frac{ZW_V + ZW_M}{2}$ ergibt, lautet die Formel für die Sicherheit:

$$r^2 = \frac{r_V^2 + r_M^2}{4}$$

Tabelle 6: Theoretische Sicherheiten (in %) bei unterschiedlicher Nachkommenzahl und Heritabilität ($r^2 = \frac{n}{n+k}$).

Nachkommen	h^2 = 30%	h^2 = 20%	h^2 = 10%	h^2 = 5%
1	8	5	3	1
10	45	34	20	11
50	80	72	56	39
100	89	84	72	56
500	98	96	93	86
1000	99	98	96	93

3. Zuchtwertschätzung Milch und Persistenz[1]

3.1 Allgemeines

Im Rahmen eines Forschungsprojektes wurde in Zusammenarbeit zwischen der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft in Grub und einer Wissenschaftlergruppe am Agrifood Research Centre in Jokioinen (Finnland) das 2002 eingeführte Testtagsmodell entwickelt. Das Testtagsmodell wird bei den Rassen Fleckvieh, Brown Swiss, Gelbvieh, Pinzgauer, Grauvieh und Vorderwälder seit dem Zuchtwertschätztermin November 2002 offiziell angewendet. Die Holstein-ZWS wird vom VIT Verden ebenfalls mit einem Testtagsmodell mit geringfügigen Modellunterschieden durchgeführt. Im Folgenden sollen die Grundzüge des Testtagsmodells vorgestellt werden, wobei v.a. auf die ZWS für Fleckvieh und Brown Swiss eingegangen wird.

3.2 Daten

Wie der Name Testtagsmodell schon sagt, wird die Leistung an einem Kontrolltag direkt in das Zuchtwertschätzmodell als 24 Stunden-Gemelk einbezogen. Es werden also keine Abschnitts- bzw. Laktationsleistungen berechnet, wie es in dem von 1992 bis 2002 in Österreich eingesetzten Mehrabschnitts-Laktationsmodell der Fall war. Damit muss nicht gewartet werden bis komplette Laktationen oder Laktationsabschnitte abgeschlossen sind bevor die vorliegenden Leistungsinformationen in die Zuchtwertschätzung eingehen. Sobald eine Kontrolltagsleistung erbracht wurde, kann sie auch direkt in der Zuchtwertschätzung berücksichtigt werden.

Die Daten werden ab 1990 einbezogen. In der Testtagsmodellzuchtwertschätzung werden alle Kontrolltagsleistungen zwischen den Laktationstagen 8 und 350 verwendet. Je mehr Informationen an einem Kontrolltag in die Zuchtwertschätzung eingehen, desto besser lässt sich dessen Einfluss auf die erbrachte Leistung schätzen. Deshalb werden auch Leistungen aus späten Laktationsstadien sowie aus vierten und späteren Laktationen in der Zuchtwertschätzung verwendet. Die Kontrolltagsbeobachtungen stammen etwa zu ¾ aus der ersten bis dritten Laktation, der Anteil an Leistungen in den fünften und höheren Laktationen liegt bei 13 Prozent in den Fleckviehdaten und bei 15 Prozent in den Brown Swiss-Daten.

Insgesamt werden aktuell über 17 Millionen Fleckviehkühe mit fast 400 Millionen Kontrolltagsleistungen bzw. 2,7 Mio. Brown Swiss-Kühe mit über 60 Mio. Beobachtungen in die Zuchtwertschätzung einbezogen.

3.3 Modell

Das Testtagsmodell ist ein sogenanntes **„Random-Regression"-Modell** (Schaeffer und Dekkers, 1994), bei dem der Zuchtwert eines Tieres durch zufällige Regressionskoeffizienten und Kovariablen beschrieben wird. In der Modellierung der zufälligen Effekte unterscheidet sich diese Modellart von den „Fixed Regression"-Testtagsmodellen (Ptak und Schaeffer, 1993). Die einzelnen Testtagsbeobachtungen werden hier innerhalb einer Laktation als wiederholte Beobachtungen des gleichen Merkmals betrachtet, was zu einem festen Zuchtwert für alle Laktationstage führt. Im

[1] Quellenhinweis: Dieses Kapitel stammt zum Großteil von Dr. Reiner Emmerling, LfL Grub.

RRM kann durch eine Funktion für jeden Laktationstag ein eigener Zuchtwert berechnet werden, der mit den Zuchtwerten von benachbarten Laktationstagen und anderen Laktationen korreliert ist. Das zu lösende Gleichungssystem umfasst beim Fleckvieh fast 400 Mio. Unbekannte und wird mit dem Softwarepaket MiX99 (Lidauer und Stranden, 1999) gelöst.
Der große Vorteil des Testtagsmodells liegt in der Korrektur der Umwelteinflüsse direkt auf der Basis der einzelnen Kontrolltagsgemelke.

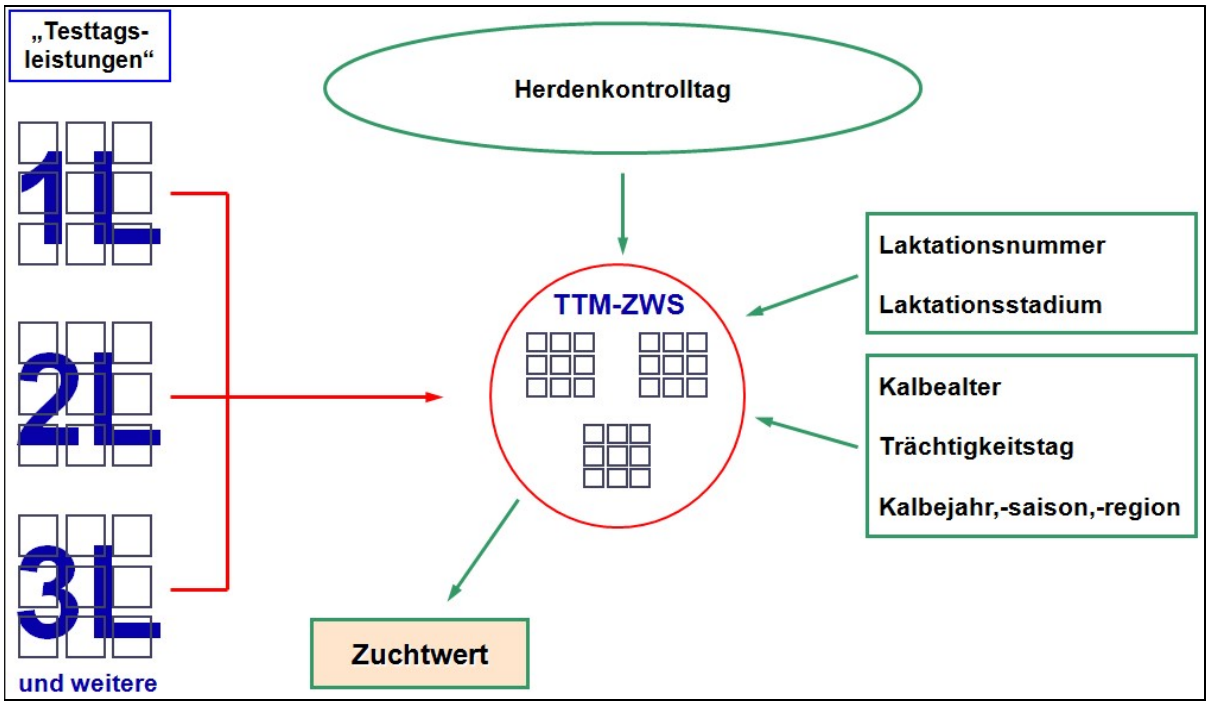


Abbildung 1: Schematische Darstellung der Testtagsmodell-ZWS.

In Abbildung 1 ist das Schema der **Testtagsmodell-ZWS** dargestellt. Die Ausgangsdaten stellen die einzelnen Probemelkergebnisse („Testtagsleistungen“) aus allen Laktationen dar. Die einzelnen Probemelkergebnisse gehen direkt in die BLUP-Tiermodell-ZWS ein, die gesamte Umweltkorrektur erfolgt direkt in der ZWS.

Im Folgenden werden die berücksichtigten Umwelteinflüsse im Testtagsmodell näher erläutert.

- Herdenkontrolltag
- Kalbealter
- Trächtigkeit
- Laktation und Laktationsstadium
- Streuung innerhalb der Herden (heterogene Streuungen)

a) <u>Herdenkontrolltag</u>

Der **Herdenkontrolltag** ist die kleinste Vergleichsgruppe innerhalb des Testtagsmodells. Sie beinhaltet alle Probemelken eines Kontrolltags unabhängig von der Laktationsnummer. Die Leistungen der Kühe einer Herde werden somit direkt mit denen von Herdengefährtinnen verglichen. Beispielsweise können aufeinanderfolgende Kontrolltagsleistungen unter sehr unterschiedlichen Umweltbedingungen erfolgen, was im Testtagsmodell direkt berücksichtigt werden kann. Zu diesen herdenkontrolltagsspezifischen Einflüssen gehören beispielsweise stark schwankende Fütterungsverhältnisse (Weidegang, Futterumstellung), unterschiedliche klimatische Verhältnisse (Hitze, hohe Luftfeuchtigkeit), aber auch Probleme mit der Melkanlage und Melkerwechsel.

Im Testtagsmodell wird der **Alpungseffekt** nur bei den Milchleistungskontrollen korrigiert, die tatsächlich auf der Alm stattfanden, indem die Alm als eigene Herde aufgefasst wird.

Neben dem Herdenkontrolltag wird der Effekt des **Produktions-Jahr-Monats** innerhalb von definierten Regionen und Laktationen über die Herden hinweg im Modell berücksichtigt. Dieser Effekt wurde zusätzlich in das Testtagsmodell aufgenommen, um nichtgenetische Streuungsunterschiede in der Zuchtwertschätzung zu analysieren und zu berücksichtigen, was weiter unten noch genauer beschrieben wird.

b) <u>Kalbealter</u>

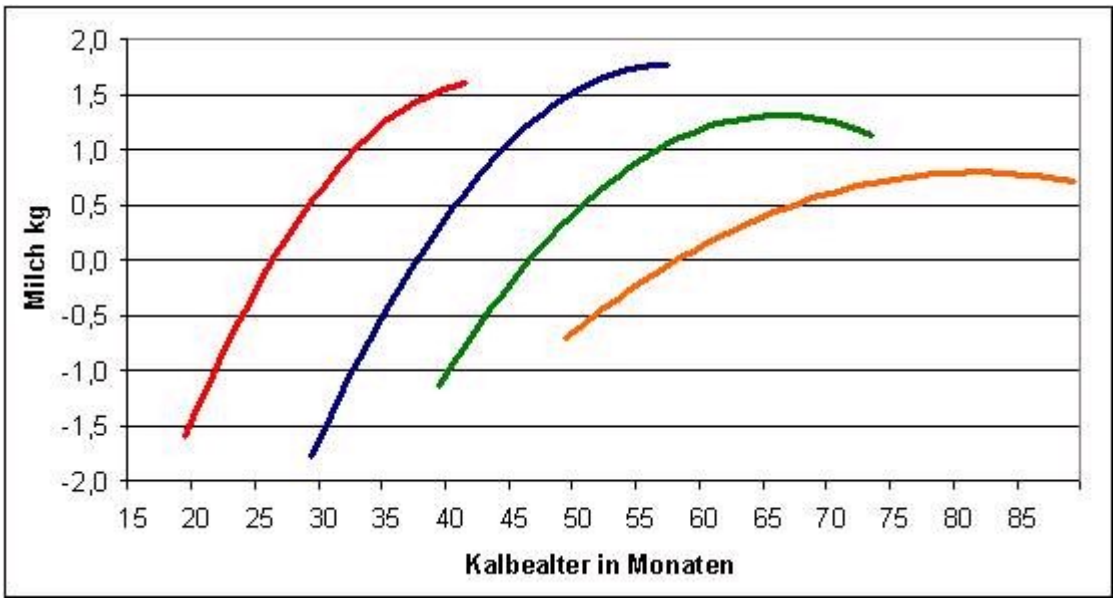


Abbildung 2: Beispiel zum geschätzten Einfluss des Kalbealters auf die tägliche Milchleistung der ersten bis vierten Laktation (von links nach rechts).

Im Testtagsmodell wird der Einfluss des Kalbealters innerhalb der ersten vier Laktationen berücksichtigt. In den ersten zwei Laktationen sind die Einflüsse des Kalbealters größer als in den folgenden Laktationen (Abbildung 2). Aus der Abbildung kann man ablesen, dass ein niedriges Erstkalbealter von 20 Monaten zu einer verringerten Milchleistung von ca. 1,5 kg pro Tag führt.

c) <u>Trächtigkeitsdauer</u>

Im Testtagsmodell werden die Probegemelke auf den Trächtigkeitstag korrigiert, d.h. es wird berücksichtigt, wie lange eine Kuh zum Zeitpunkt der Leistungskontrolle schon trächtig war. Möglicherweise vorhandene negative genetische Beziehungen zwischen der Milchleistung und der Zwischenkalbezeit werden so nicht mit der Zuchtwertschätzung für Milchleistungsmerkmale vermischt. Eine Berücksichtigung dieser Zusammenhänge wird durch die separate ZWS Fruchtbarkeit und die Kombination der Zuchtwerte im Gesamtzuchtwert erreicht. In Abbildung 3 ist der Trächtigkeitseinfluss über 285 Trächtigkeitstage für die erste bis dritte Laktation dargestellt. In den ersten fünf Trächtigkeitsmonaten ist nur ein sehr geringer Einfluss auf die Milchleistung vorhanden. Danach steigt der Trächtigkeitseinfluss aber deutlich an und kann kurz vor der nächsten Kalbung bis zu 8 kg am Tag betragen.

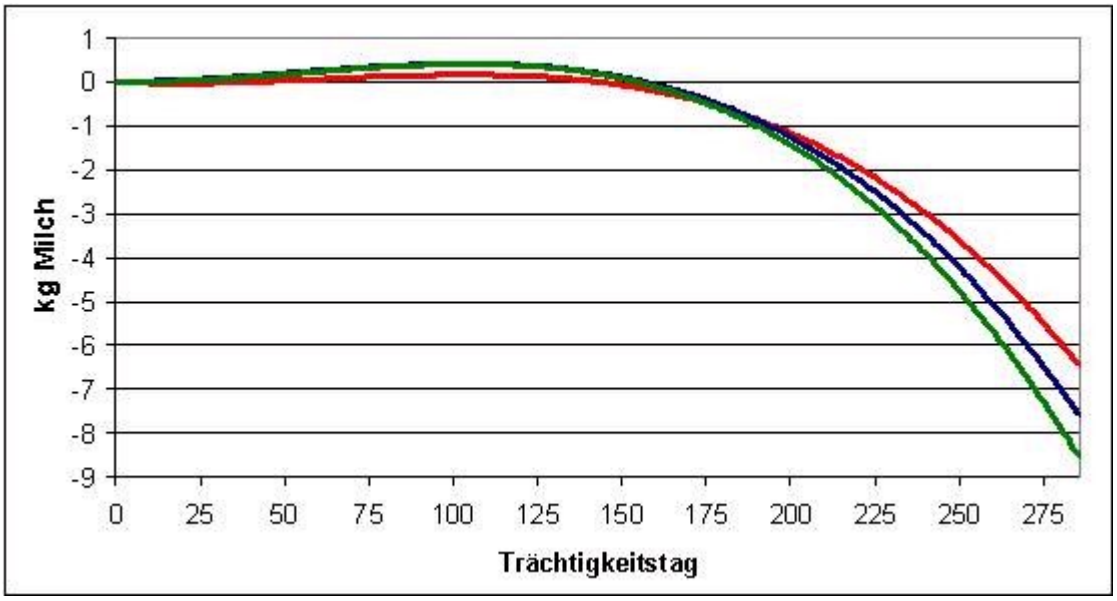


Abbildung 3: Beispiel zum geschätzten Einfluss der Trächtigkeit auf die Milchleistung in der ersten, zweiten und dritten Laktation (von oben nach unten)**.**

d) <u>Laktation und Laktationsstadium</u>

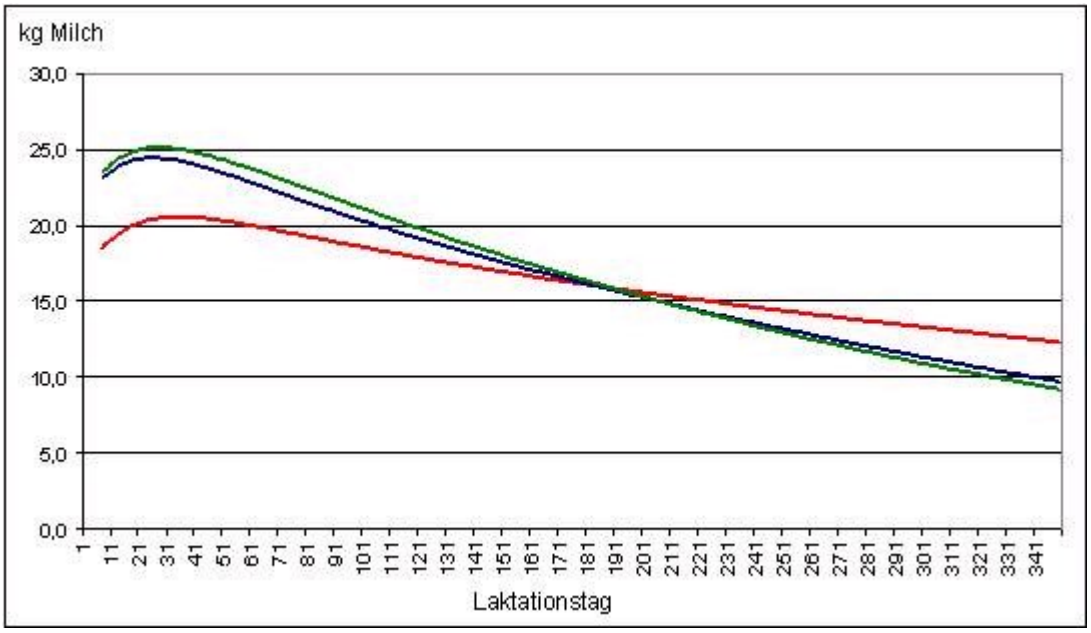


Abbildung 4: Beispiele für geschätzte durchschnittliche Laktationskurven der ersten (unten), zweiten (Mitte) und dritten (oben) Laktation von Fleckviehkühen (Kalbejahr 1995, Kalbemonat Mai, Kalbealter 30/43/56 Monate, in einer nordbayerischen Region).

Da im Testtagsmodell alle Probegemelke zwischen Laktationstag 8 und 350 einbezogen werden, ist das Laktationsstadium einer der wichtigsten Einflussfaktoren im Zuchtwertschätzmodell. Hierzu werden die Laktationen in Gruppen eingeteilt, in denen dann die Abhängigkeit der Leistungsbeobachtungen vom Laktationsstadium mit Hilfe von Funktionen geschätzt wird. Diese Funktionen beschreiben die durchschnittliche Laktationskurve für diese Gruppe von Kühen. Ein Beispiel hiefür wird in Abbildung 4 gegeben. Zur Einteilung der Gruppen werden das Kalbejahr, die Kalbesaison (vier Saisonen je Jahr), das Kalbealter (drei Stufen), die Region und die Laktationsklasse herangezogen. Es werden innerhalb Bayerns 4 bzw. 2 Regionen in den Fleckvieh- bzw. Brown Swiss-Daten gebildet, Baden-Württemberg und Österreich bilden jeweils eine eigene

Region. Außerdem werden die Leistungsbeobachtungen aus der Alpung in Österreich in separate Gruppen eingeteilt, abhängig davon, in welchem Laktationsstadium die Tiere auf die Alm kommen. Insgesamt werden ca. 4.000 bzw. 3.000 Gruppen für die Laktationskurven in den Fleckvieh- bzw. Brown Swiss-Daten gebildet.

e) <u>Streuung innerhalb der Herden</u>

Heterogene Streuungen innerhalb des Datenmaterials werden über einen Multiplikativen „Mixed Model"-Ansatz (Meuwissen et al., 1996) berücksichtigt, in dem simultan zu der Schätzung der Zuchtwerte die Schätzung der Heterogenität in den Daten erfolgt. Der Ansatz von Meuwissen et al. (1996) wurde hierzu erweitert für das entwickelte Mehrmerkmals-Testtagsmodell (Lidauer et al., 2002a, 2002b).

Die Streuung der Beobachtungswerte innerhalb von Herden und dort auch innerhalb von verschiedenen Jahren und Monaten ist nicht einheitlich. Das bedeutet, dass in einzelnen Betrieben eine sehr große Streubreite der Probegemelke an einem Herdenkontrolltag vorhanden sein kann, während an einem anderen Herdenkontrolltag im Datenmaterial alle Beobachtungen sehr nahe am Mittelwert des Herdenkontrolltages liegen. Wie in jeder BLUP-Zuchtwertschätzung beruht auch im Testtagsmodell die Schätzung im Allgemeinen auf der Abweichung der Leistungsbeobachtung von einem Vergleichswert. Je höher die Streuung innerhalb eines Herdenkontrolltages ist, desto stärker weichen die guten, aber auch die schlechten Kühe vom Mittel des Herdenkontrolltages ab. Die überdurchschnittlichen Kühe in einer Herde mit hoher Streuung erreichen somit leichter eine höhere Abweichung vom Mittel der Herde. Ein Teil dieser höheren Abweichung findet sich im Zuchtwert der Kühe wieder, wenn man die Streuungsunterschiede im Zuchtwertschätzverfahren ignoriert.

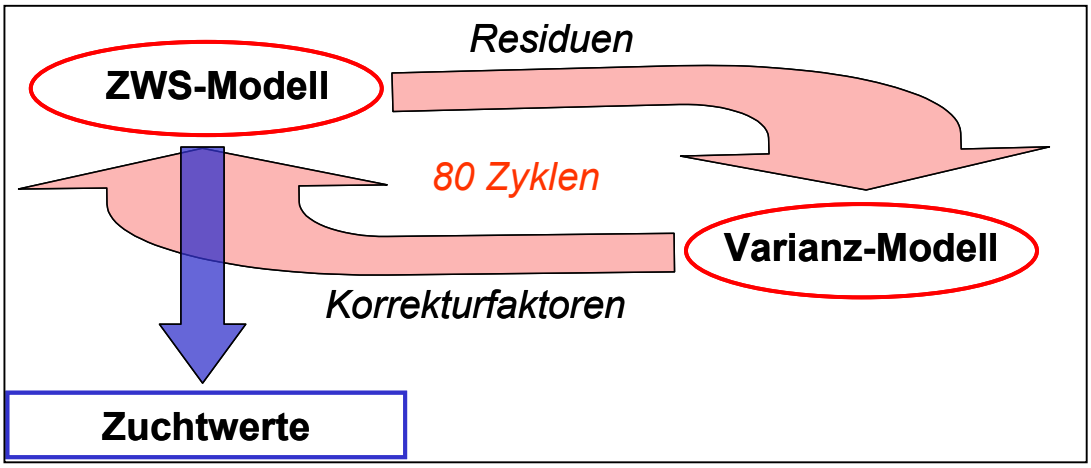


Abbildung 5: Schematische Darstellung der Korrektur der heterogenen Varianzen in der Zuchtwertschätzung.

Eine Grundannahme in der Zuchtwertschätzung ist, dass die Streuung innerhalb der Herdenkontrolltage im Datenmaterial einheitlich ist. Um dieser Grundannahme gerecht zu werden, werden die Streuungen mittels Korrekturfaktoren harmonisiert. Die Berechnung dieser Faktoren wird nicht auf der Basis der Streuung der Beobachtungswerte durchgeführt, da diese zum Teil auf Umwelteinflüssen (Laktationsstadium etc.) und auch auf unterschiedlicher genetischer Streuung beruhen kann. Die Ermittlung der Korrekturfaktoren erfolgt daher mit Hilfe der Streuung der nicht durch das Zuchtwertschätzmodell erklärbaren zufälligen Restfehler (Residuen). In einem Heterogenitätsmodell werden die Korrekturfaktoren dabei basierend auf den Residuen aus dem Zuchtwertschätzmodell geschätzt. Abhängigkeiten zwischen den Residuen und den Korrekturfaktoren erfordern ein iteratives Lösen beider Modelle bis zur Konvergenz der Korrekturfaktoren, bevor die Zuchtwerte in gewohnter Weise ausiteriert werden (Abbildung 5). Mit

dem Verfahren bleiben vorhandene Unterschiede in der genetischen Streuung zwischen Herden erhalten, während umweltbedingte Streuungsunterschiede korrigiert werden.

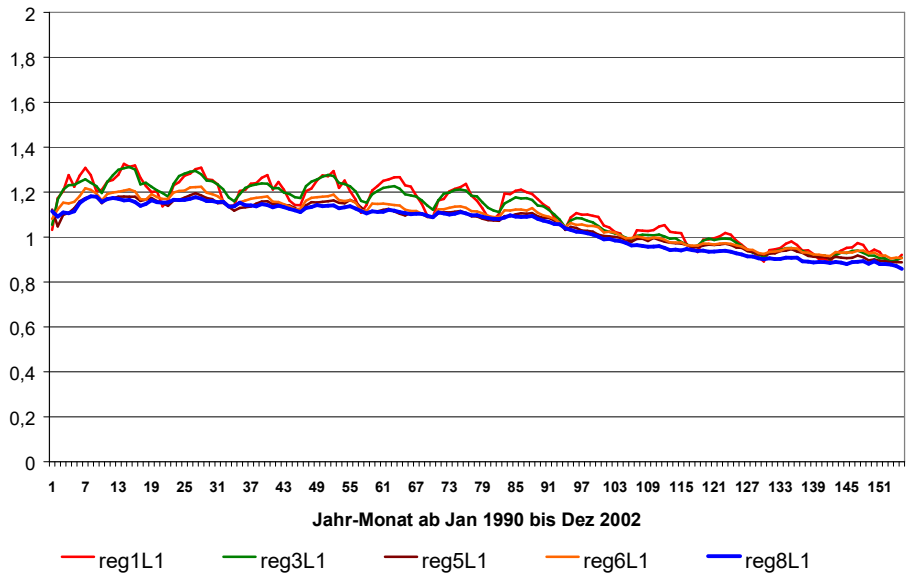


Abbildung 6: Durchschnittliche Korrekturfaktoren für 5 verschiedene Regionen.

Unterschiede in der Höhe der durchschnittlichen Korrekturfaktoren lassen sich zwischen Ländern und Regionen erkennen. Die Korrekturfaktoren von individuellen Herden bzw. Herdenkontrolltagen innerhalb der gleichen Regionen können jedoch sehr unterschiedlich sein. In Abbildung 6 sind Beispiele für durchschnittliche Korrekturfaktoren für 5 verschiedene Regionen im Zeitverlauf dargestellt. Daraus erkennt man einerseits Unterschiede zwischen den Regionen, aber auch Veränderungen im Zeitverlauf, die u.a. mit dem Leistungsniveau zu tun haben. Außerdem lassen sich bei einigen Regionen deutliche saisonale Schwankungen erkennen.

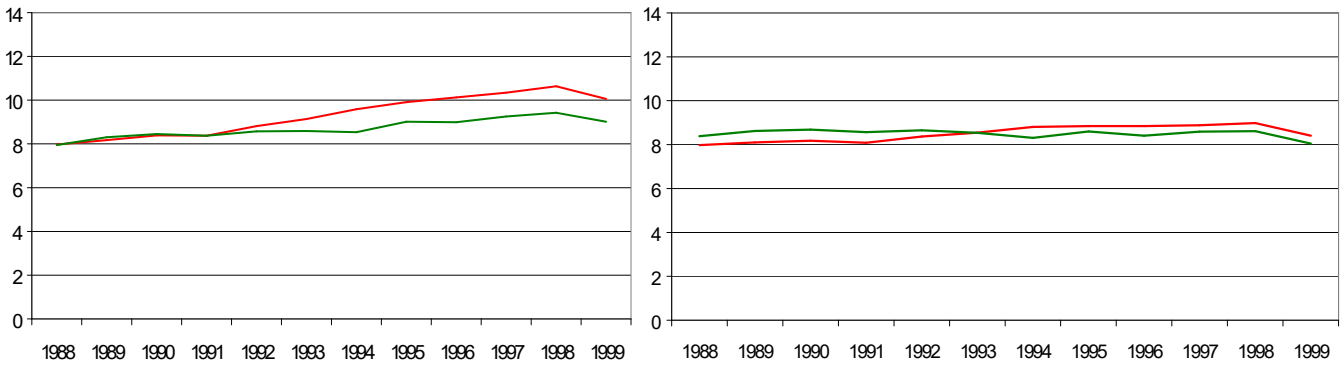


Abbildung 7: Streuung der Eiweißmenge im Zeitverlauf in 2 verschiedenen Regionen. Links: ohne Korrektur der heterogenen Streuungen, rechts: mit Korrektur.

Als Ursache für heterogene Streuungen können unterschiedliche Produktionsniveaus, Fütterungssysteme (z.B. TMR, Abruffütterung), Haltungssysteme (Weidegang, ganzjährige Stallhaltung), Betriebsleiterwechsel und damit verbundene Änderungen im Herdenmanagement beispielhaft genannt werden. Im Allgemeinen nimmt die Streuung der Residuen mit zunehmender Herdenleistung zu. Ist die Streuung der Residuen innerhalb von Herdenkontrolltagen zu groß, wird diese durch die Korrekturfaktoren "gestaucht". Die Zuchtwerte der schlechtesten und besten Kühe in diesen Betrieben rücken nach der Korrektur näher zum Mittelwert der Herden. Ist die Streuung

der Residuen zu niedrig, wird sie durch die eingeführten Korrekturfaktoren "gespreizt". Hierdurch werden die Nachteile für Kühe aus Herden mit niedriger Streuung weitgehend aufgehoben. Die mittleren Zuchtwerte innerhalb der Herden bleiben von der Korrektur der heterogenen Streuungen nahezu unbeeinflusst.
Bei der Korrektur der heterogenen Varianzen wird im Prinzip versucht eine homogene Streuung innerhalb von Subklassen zu erreichen, aber eine heterogene Streuung zwischen Subklassen zuzulassen. Als Subklassen wird einerseits der Herdenkontrolltag verwendet, andererseits eine Produktions-Jahr-Monat-Region-Laktation-Klasse. Bei größeren Betrieben ist v.a. der Herdenkontrolltag entscheidend, in kleinen Betrieben (unter 10 Kühe) hat die Korrektur innerhalb der Produktions-Jahr-Monat-Region-Laktation-Klasse eine größere Bedeutung. Die Regionen werden dabei in Österreich in Anlehnung an die Haupt- und Kleinproduktionsgebiete (siehe Abbildung 8) wie folgt eingeteilt:
Region 1: Hochalpen <900m (1)
Region 2: Hochalpen >= 900m (1)
Region 3: Voralpen, Wald- u. Mühlviertel (2+4)
Region 4: Alpenostrand (3)
Region 5: Kärntner Becken, Flach- und Hügelland (5+7+8)
Region 6: Alpenvorland (6)
Region 7: Alpungsregion

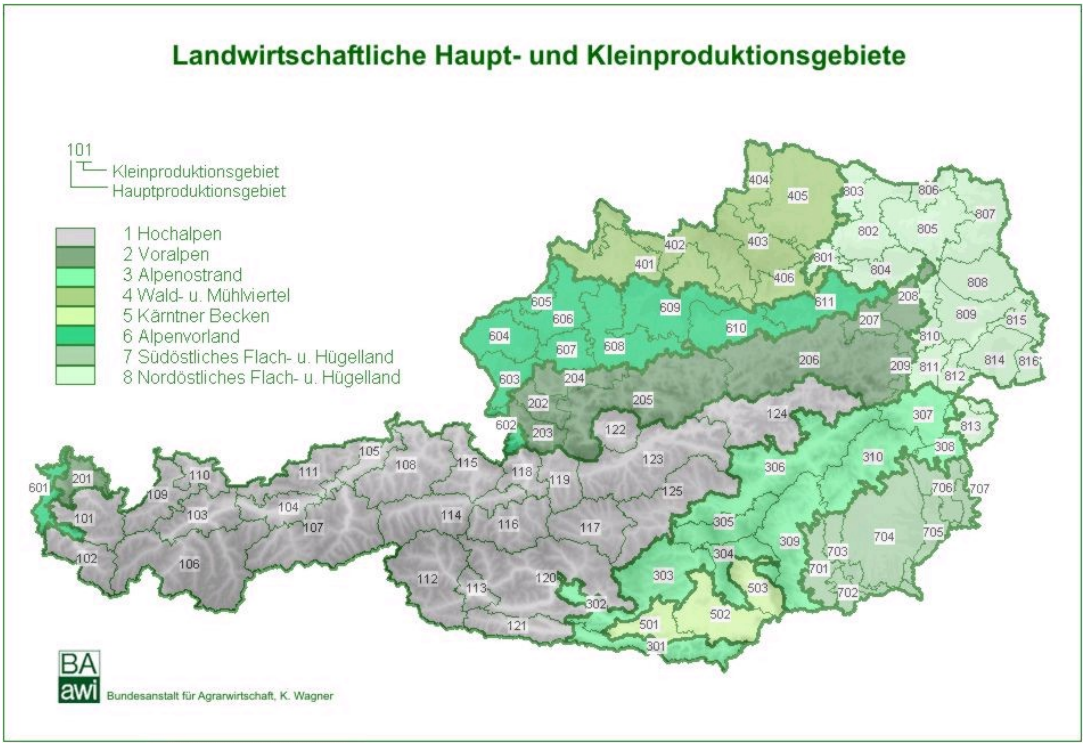


Abbildung 8: Landwirtschaftliche Haupt- und Kleinproduktionsgebiete in Österreich.

3.4 Genetische Parameter

In einem ‚Random-Regression-Testtagsmodell' wird die Annahme getroffen, dass an jedem einzelnen Laktationstag andere Gene für die Leistung verantwortlich sein bzw. eine unterschiedliche Wirkung zeigen können. Zwischen einzelnen Laktationstagen innerhalb einer Laktation und auch zwischen Laktationen können genetische und nichtgenetische Beziehungen berücksichtigt werden. Nahe beieinanderliegende Testtage stehen miteinander stärker in Beziehung als weiter auseinander liegende Testtage in einer Laktation.

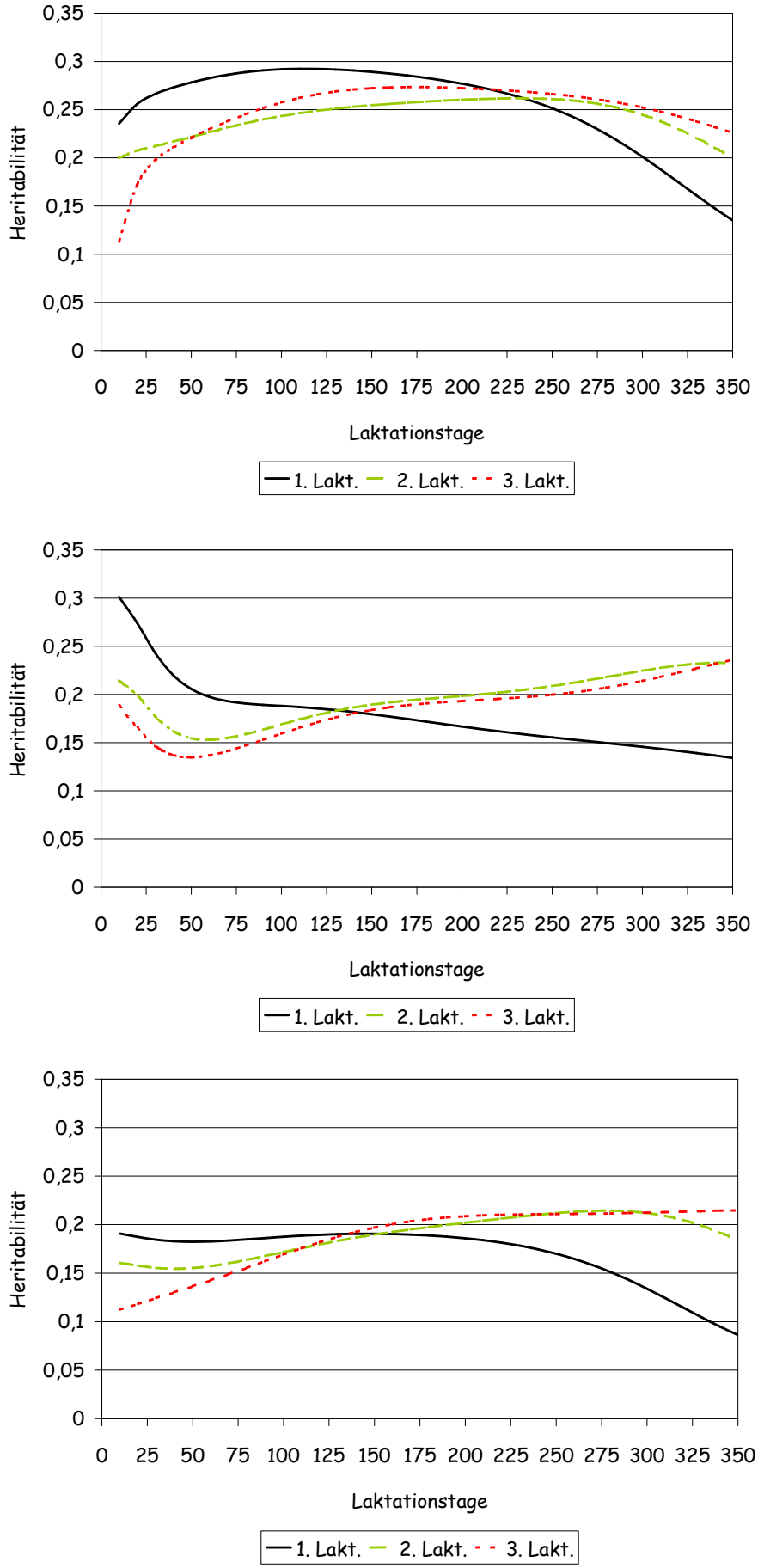


Abbildung 9: Heritabilitäten im Laktationsverlauf für Fleckvieh (Milch-kg, Fett-kg, Eiweiß-kg von oben nach unten).

Tabelle 1: Heritabilitäten (Diagonale), genetische (über Diagonale) und phänotypische Korrelationen (unter Diagonale) für Milchmenge beim Fleckvieh an verschiedenen Tagen (Tag 14 bis 311) während der ersten 3 Laktationen

	1. Laktation						2. Laktation						3. Laktation					
	14	**47**	**80**	**146**	**212**	**311**	**14**	**47**	**80**	**146**	**212**	**311**	**14**	**47**	**80**	**146**	**212**	**311**
14	**0,25**	0,91	0,87	0,77	0,65	0,40	0,95	0,84	0,78	0,66	0,51	0,25	0,92	0,83	0,77	0,63	0,50	0,30
47	0,66	**0,27**	0,99	0,93	0,83	0,63	0,85	0,93	0,91	0,82	0,66	0,38	0,92	0,93	0,90	0,80	0,66	0,38
80	0,61	0,74	**0,28**	0,97	0,90	0,74	0,81	0,92	0,93	0,87	0,75	0,48	0,88	0,93	0,93	0,86	0,74	0,47
146	0,50	0,64	0,69	**0,28**	0,98	0,88	0,70	0,87	0,91	0,93	0,86	0,66	0,78	0,89	0,93	0,92	0,84	0,60
212	0,41	0,53	0,61	0,69	**0,27**	0,96	0,57	0,78	0,85	0,93	0,92	0,78	0,65	0,82	0,88	0,93	0,89	0,68
311	0,34	0,42	0,47	0,55	0,61	**0,20**	0,32	0,60	0,72	0,87	0,92	0,85	0,43	0,66	0,76	0,87	0,89	0,71
14	0,44	0,39	0,39	0,35	0,29	0,15	**0,22**	0,86	0,79	0,65	0,48	0,21	0,95	0,84	0,77	0,61	0,44	0,19
47	0,36	0,41	0,43	0,43	0,39	0,27	0,68	**0,22**	0,98	0,88	0,71	0,40	0,97	0,99	0,97	0,86	0,70	0,36
80	0,35	0,42	0,45	0,46	0,43	0,33	0,64	0,76	**0,23**	0,95	0,82	0,54	0,91	0,99	0,99	0,94	0,81	0,49
146	0,33	0,40	0,44	0,48	0,48	0,41	0,55	0,66	0,70	**0,25**	0,96	0,78	0,76	0,90	0,96	1,00	0,95	0,70
212	0,27	0,35	0,39	0,45	0,47	0,43	0,40	0,51	0,58	0,67	**0,25**	0,92	0,57	0,74	0,85	0,96	0,98	0,81
311	0,13	0,22	0,26	0,32	0,35	0,35	0,14	0,25	0,34	0,50	0,62	**0,23**	0,25	0,44	0,58	0,79	0,90	0,86
14	0,31	0,33	0,33	0,33	0,31	0,27	0,43	0,45	0,44	0,39	0,30	0,12	**0,16**	0,94	0,89	0,73	0,56	0,24
47	0,32	0,41	0,42	0,39	0,36	0,29	0,40	0,46	0,46	0,42	0,35	0,20	0,63	**0,22**	0,98	0,89	0,74	0,44
80	0,32	0,41	0,43	0,42	0,39	0,33	0,39	0,46	0,47	0,46	0,40	0,27	0,59	0,75	**0,23**	0,95	0,84	0,55
146	0,29	0,38	0,41	0,43	0,43	0,39	0,35	0,43	0,46	0,50	0,48	0,38	0,49	0,64	0,69	**0,26**	0,96	0,74
212	0,24	0,32	0,36	0,40	0,42	0,41	0,26	0,35	0,40	0,48	0,50	0,45	0,38	0,51	0,58	0,67	**0,26**	0,88
311	0,12	0,20	0,24	0,29	0,33	0,35	0,08	0,18	0,25	0,36	0,43	0,46	0,21	0,33	0,39	0,50	0,58	**0,25**

Tabelle 2: Heritabilitäten (Diagonale), genetische (über Diagonale) und phänotypische Korrelationen (unter Diagonale) für Milchmenge beim Brown Swiss an verschiedenen Tagen (Tag 14 bis 311) während der ersten 3 Laktationen

	1. Laktation						2. Laktation						3. Laktation					
	14	**47**	**80**	**146**	**212**	**311**	**14**	**47**	**80**	**146**	**212**	**311**	**14**	**47**	**80**	**146**	**212**	**311**
14	**0,24**	0,92	0,88	0,82	0,72	0,54	0,90	0,81	0,77	0,71	0,64	0,51	0,86	0,77	0,74	0,70	0,64	0,44
47	0,64	**0,25**	0,99	0,95	0,86	0,69	0,84	0,87	0,87	0,83	0,73	0,56	0,86	0,86	0,86	0,83	0,74	0,44
80	0,62	0,70	**0,26**	0,98	0,90	0,77	0,81	0,88	0,90	0,86	0,78	0,62	0,86	0,88	0,88	0,87	0,79	0,49
146	0,58	0,64	0,65	**0,26**	0,98	0,89	0,77	0,88	0,92	0,92	0,87	0,74	0,87	0,89	0,91	0,93	0,89	0,62
212	0,49	0,54	0,57	0,61	**0,26**	0,97	0,70	0,83	0,89	0,93	0,91	0,83	0,83	0,87	0,90	0,95	0,94	0,73
311	0,28	0,36	0,40	0,49	0,56	**0,27**	0,55	0,72	0,81	0,89	0,90	0,86	0,73	0,78	0,83	0,91	0,93	0,79
14	0,40	0,35	0,33	0,31	0,28	0,22	**0,20**	0,92	0,88	0,79	0,67	0,48	0,91	0,89	0,85	0,76	0,65	0,36
47	0,37	0,37	0,38	0,37	0,35	0,26	0,63	**0,19**	0,98	0,88	0,75	0,57	0,96	0,99	0,97	0,88	0,76	0,42
80	0,35	0,38	0,39	0,40	0,39	0,31	0,57	0,72	**0,20**	0,95	0,85	0,68	0,94	1,00	1,00	0,95	0,86	0,53
146	0,34	0,38	0,40	0,43	0,44	0,39	0,49	0,61	0,66	**0,24**	0,97	0,85	0,84	0,93	0,97	1,00	0,97	0,72
212	0,29	0,35	0,37	0,41	0,43	0,43	0,39	0,48	0,54	0,65	**0,27**	0,94	0,72	0,82	0,88	0,96	0,99	0,85
311	0,19	0,25	0,27	0,30	0,34	0,40	0,21	0,29	0,36	0,48	0,59	**0,24**	0,60	0,66	0,72	0,84	0,94	0,98
14	0,29	0,28	0,28	0,29	0,28	0,22	0,39	0,39	0,39	0,37	0,30	0,12	**0,16**	0,94	0,91	0,84	0,76	0,49
47	0,33	0,35	0,36	0,36	0,35	0,27	0,38	0,43	0,44	0,43	0,36	0,17	0,61	**0,17**	0,99	0,93	0,83	0,52
80	0,33	0,36	0,37	0,38	0,37	0,31	0,36	0,42	0,44	0,45	0,40	0,22	0,56	0,71	**0,19**	0,97	0,88	0,58
146	0,30	0,35	0,37	0,39	0,40	0,35	0,30	0,37	0,42	0,48	0,46	0,31	0,47	0,61	0,66	**0,23**	0,97	0,71
212	0,25	0,30	0,33	0,36	0,38	0,37	0,22	0,29	0,36	0,46	0,49	0,38	0,37	0,48	0,55	0,63	**0,24**	0,85
311	0,16	0,19	0,21	0,26	0,30	0,32	0,07	0,15	0,23	0,35	0,43	0,44	0,18	0,27	0,33	0,44	0,54	**0,25**

Tabelle 3: Heritabilitäten (Diagonale) und genetische Korrelationen (über Diagonale) für 305-Tage Milch-, Fett- und Eiweißmenge für das Testtagsmodell der Rasse Fleckvieh.

Merkmal	Laktation	1	2	3
	1	**0,36**	0,93	0,91
Milch-kg	**2**		**0,32**	0,98
	3			**0,33**
	1	**0,31**	0,94	0,92
Fett-kg	**2**		**0,30**	0,98
	3			**0,27**
	1	**0,27**	0,91	0,87
Eiweiß-kg	**2**		**0,27**	0,98
	3			**0,27**

Tabelle 4: Heritabilitäten (Diagonale) und genetische Korrelationen (über Diagonale) für 305-Tage Milch-, Fett- und Eiweißmenge für das Testtagsmodell der Rasse Brown Swiss.

Merkmal	Laktation	1	2	3
	1	**0,39**	0,93	0,93
Milch-kg	**2**		**0,34**	0,99
	3			**0,33**
	1	**0,35**	0,93	0,92
Fett-kg	**2**		**0,32**	0,99
	3			**0,27**
	1	**0,30**	0,92	0,92
Eiweiß-kg	**2**		**0,31**	0,99
	3			**0,29**

Tabelle 5: Heritabilitäten (Diagonale) und genetische Korrelationen (über Diagonale) für 305-Tage Milch-, Fett- und Eiweißmenge für das Testtagsmodell der Rasse Holstein.

Merkmal	Laktation	1	2	3
	1	**0,43**	0,84	0,84
Milch-kg	**2**		**0,26**	0,97
	3			**0,25**
	1	**0,33**	0,87	0,86
Fett-kg	**2**		**0,19**	0,97
	3			**0,19**
	1	**0,33**	0,84	0,81
Eiweiß-kg	**2**		**0,20**	0,96
	3			**0,20**

Untersuchungen zur Erblichkeit der Milch-, Fett- und Eiweißmenge beim Fleckvieh und Brown Swiss wurden im Rahmen des gemeinschaftlichen Projektes angestellt (Abbildung 9). Sie haben gezeigt, dass tatsächlich Unterschiede in der Erblichkeit an verschiedenen Laktationstagen vorhanden sind. Hierbei sind Unterschiede zwischen den biologischen Merkmalen Milch, Fett und Eiweiß und auch zwischen den beiden Rassen Fleckvieh und Brown Swiss zu beobachten.
Bei der Milchmenge sind die Heritabilitäten in der Mitte der Laktation am höchsten. Bei der Fettmenge ergeben sich zwischen den Rassen und auch zwischen den Laktationen unterschiedlichere Verläufe. Eiweiß ist wieder ähnlich der Milchmenge.
In den Tabellen 1 und 2 sind die Heritabilitäten und Korrelationen für das Merkmal Milchmenge bei Fleckvieh und Brown Swiss dargestellt.

Naturgemäß ist die Erblichkeit von einzelnen Tagesleistungen geringer als die längerer Abschnitte. Rechnet man die dargestellten Werte auf eine 305-Tage Leistung um, dann liegt der Wert für die Milchmenge deutlich höher (siehe Tabellen 3 bis 5). Die geschätzten genetischen Beziehungen zwischen Kontrolltagen in verschiedenen Laktationen liegen im Testtagsmodell relativ hoch. Dies gilt im speziellen für die zweite und dritte Laktation, was auf einen sehr ähnlichen genetischen Hintergrund beider Laktationen schließen lässt. Werden die Heritabilitäten über alle Laktationen zusammengefasst, so errechnen sich beim Fleckvieh 0,43, 0,38 und 0,34 und beim Brown Swiss 0,46, 0,41 und 0,39 für die Merkmale Milch-, Fett- und Eiweißmenge.

3.5 Darstellung der Zuchtwerte

Beim Testtagsmodell wird mit Hilfe einer mathematischen Funktion ein Zuchtwert für jeden Laktationstag geschätzt und man kann daher auch den Verlauf der Zuchtwertkurve grafisch darstellen (Abbildung 10).

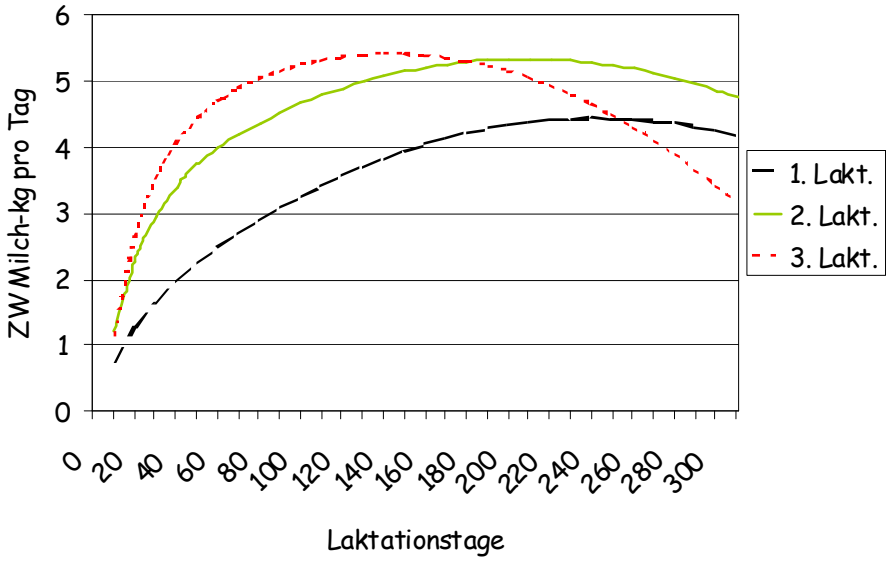


Abbildung 10: Beispiel für tägliche Zuchtwerte (Milch-kg) in der ersten, zweiten und dritten Laktation exemplarisch für einen Stier zwischen Laktationstag 8 und 312.

Aus den sieben geschätzten Regressionskoeffizienten für jedes Tier werden für die 1., 2. und 3.+ spätere Laktation(en) die Zuchtwerte zwischen dem Laktationstag 8 und 312 berechnet und für die Veröffentlichung zu einem 305-Tage Zuchtwert aufsummiert. Die geschätzten täglichen Zuchtwerte aus dem Random-Regression Testtagsmodell geben auch Information über den Verlauf des Zuchtwertes über die Laktation. Die Zuchtwertkurven sind in der Zuchtwert-Datenbank der Rinderzucht Austria/ZuchtData für die meisten Stiere abrufbar (zuchtwert.at).

3.5.1 Laktationszuchtwerte

Um dem Anwender der Zuchtwerte übersichtliche und verständliche Maßzahlen für die Selektion der Tiere in die Hand zu geben, werden die Zuchtwerte über die Laktationstage 8 bis 312 zum vertrauten **305-Tage-Zuchtwert** aufsummiert. Die so gebildeten Laktationszuchtwerte der ersten, zweiten und dritten (und weiteren) Laktationen werden dann mit jeweils 1/3 gewichtet und zu den Merkmalszuchtwerten Milch-, Fett- und Eiweiß-Kilogramm zusammengefasst. Durch die niedrigere Streuung der Zuchtwerte in der 1. Laktation liegt die "faktische" Gewichtung der 1. Laktation unter den höheren Laktationen (ca. 30 : 35 : 35). Durch die Einbeziehung der höheren Laktationen (>3) als wiederholte Beobachtung der dritten Laktation kommt es zu einer Berücksichtigung dieser Leistungen auch im gebildeten Merkmalszuchtwert.

Die Zuchtwerte für die Gehaltsmerkmale (Fett-Prozent, Eiweiß-Prozent) werden aus den Zuchtwerten der Mengenmerkmale berechnet:

$$ZW_{Fett\%} = \frac{ZW_{Fett\,kg} \cdot 100 - ZW_{Milch\,kg} * F\%}{ZW_{Milch\,kg} + Mkg}$$

$$ZW_{Eiweiß\%} = \frac{ZW_{Eiweiß\,kg} \cdot 100 - ZW_{Milch\,kg} * E\%}{ZW_{Milch\,kg} + Mkg}$$

wobei F%, E% und Mkg konstante Größen sind, welche für die mittlere Fettprozent-, Eiweißprozent und Milchkilogramm-Leistung in der zweiten Laktation stehen. Diese Konstanten werden spezifisch für die Rassen eingesetzt:

Fleckvieh:	Mkg = 8176 kg	F% = 4,18 %	E% = 3,54 %
Brown Swiss:	Mkg = 7788 kg	F% = 4,21 %	E% = 3,59 %

3.5.2 Milchwert

Der Milchwert (MW) errechnet sich aus den Zuchtwerten für Fett-kg und Eiweiß-kg. Als wirtschaftliche Gewichte wird ein Verhältnis von 1 : 1,4 (Fleckvieh), 1 : 1,7 (Brown Swiss), 1 : 2 (Holstein), 1 : 1,5 (Pinzgauer) bzw. 1 : 1,6 (Grauvieh) für Fettmenge : Eiweißmenge verwendet. Die ökonomischen Gewichte entsprechen dem Grenznutzen für ein zusätzlich erzeugtes Kilogramm Fett bzw. Eiweiß.
Beim Brown Swiss wird zusätzlich der Eiweiß-%-Zuchtwert bei der Berechnung des Milchwertes einbezogen.

3.5.3 Genetische Trends

In den Abbildungen 11 und 12 sind die durchschnittlichen Milch-Zuchtwerte der Fleckvieh- und Brown Swiss-Kuhjahrgänge in Österreich dargestellt.
Bei beiden Rassen ist in den letzten Jahren ein sehr starker Anstieg in der Milchmenge zu beobachten. Die Inhaltsstoffe sind allerdings rückläufig.

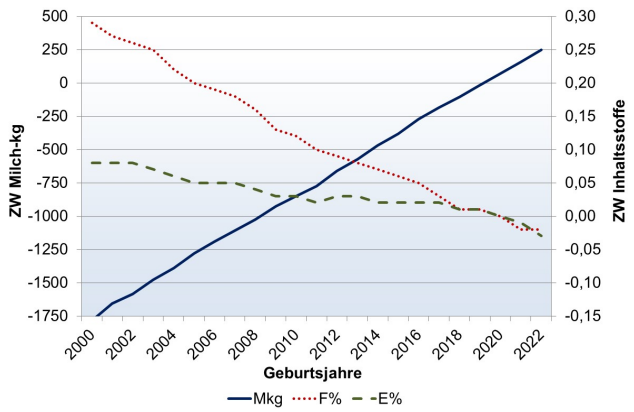


Abb. 11: Genetische Trends für Milchmenge, Fett- und Eiweißprozent von Fleckvieh-Kühen.

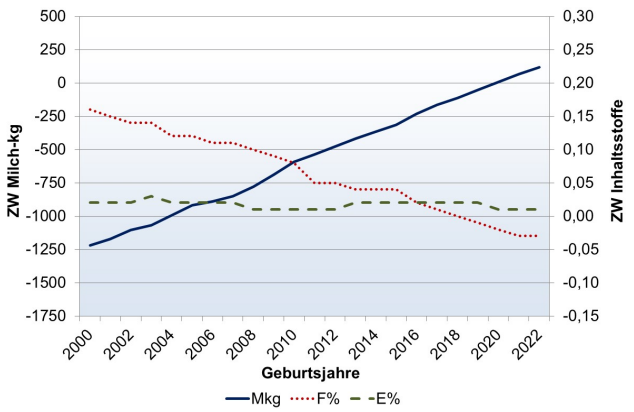


Abb. 12: Genetische Trends für Milchmenge, Fett- und Eiweißprozent von Brown Swiss-Kühen.

3.5.4 Persistenz

Durch die Schätzung der Zuchtwerte über den Laktationsverlauf stehen zudem zusätzliche Möglichkeiten zur Beurteilung der Persistenz zur Verfügung. Dies resultiert im Persistenzzuchtwert, der den Verlauf der Zuchtwerte zwischen dem Laktationstag 60 und 300 beurteilt. Als Merkmal wird die fett- und eiweißkorrigierte Milchmenge (FECM) verwendet:

FECM = 0,30 ZWMkg + 11,67 ZWFkg + 6,62 ZWEkg

Die Berechnung der Persistenz ist in der schematischen Darstellung in Abbildung 13 ersichtlich.
Die Persistenz wird als die Fläche unter der individuellen FECM-Zuchtwertkurve von Tag 61 bis 300 minus der Fläche unter der virtuellen konstanten FECM-Kurve ab Tag 60 definiert.

$$ZW_{Persistenz} = \sum_{i=61}^{300} ZW_i - 240 * ZW_{60}$$

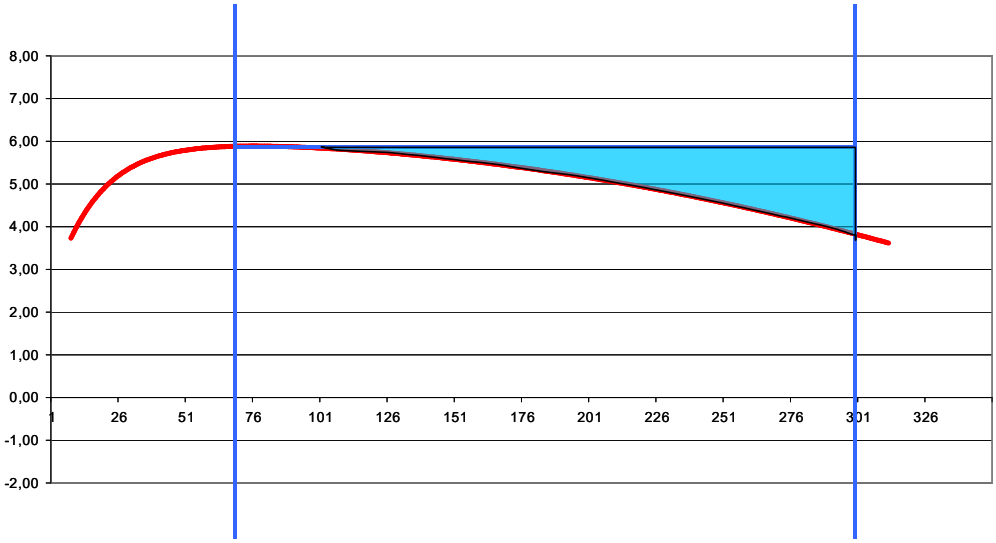


Abbildung 13: Darstellung der Berechnung des Persistenz-Zuchtwertes.

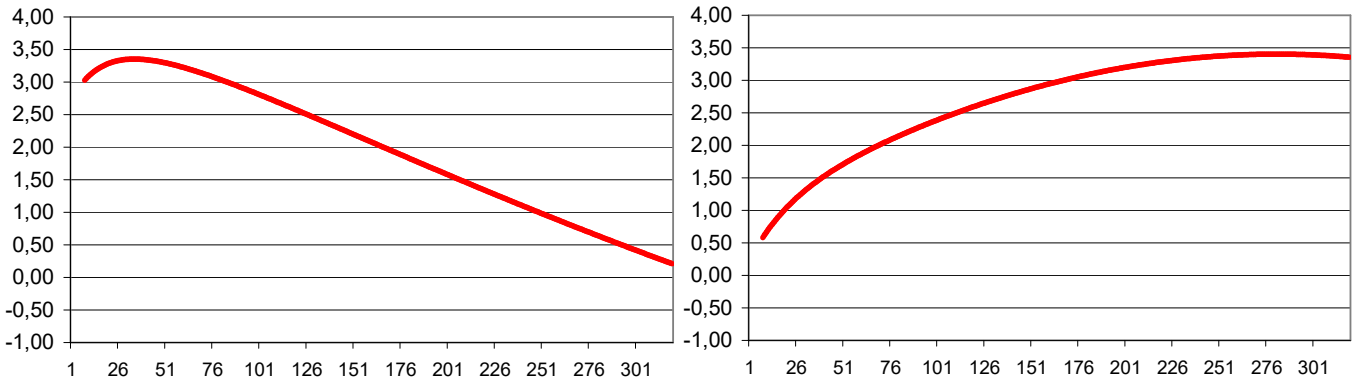


Abbildung 14: ZW-Verlauf (FECM) für Stiere mit gleichem MW (MW 119) aber unterschiedlichem Persistenzzuchtwert (links: Egol, Pers 79, rechts: Staufer, Pers 117).

In den Abbildungen 15 und 16 sind die durchschnittlichen Persistenz-Zuchtwerte der Kühe pro Geburtsjahrgang ersichtlich. Die Persistenz ist beim Fleckvieh längere Zeit etwas schlechter geworden, allerdings scheint sich der Trend in den letzten Jahren stabilisiert zu haben.

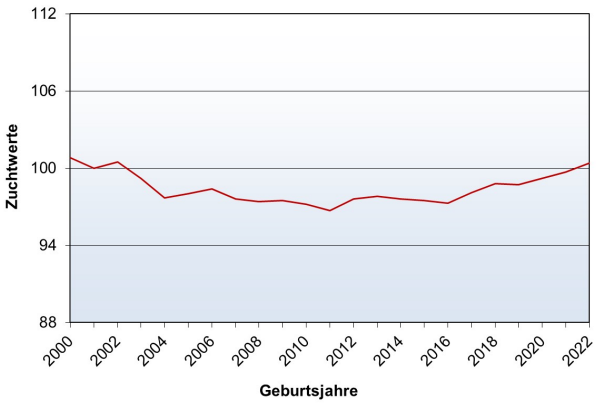


Abb. 15: Genetischer Trend für die Persistenz von Fleckvieh-Kühen.

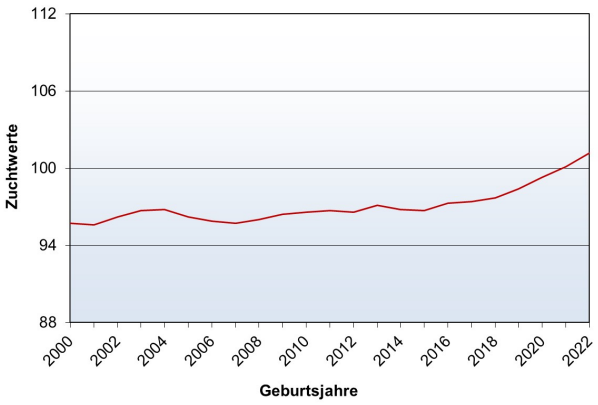


Abb. 16: Genetischer Trend für die Persistenz von Brown Swiss-Kühen.

3.6 Interpretation der Zuchtwerte

Tabelle 6: Durchschnittswerte nach Milchwert (Fleckvieh-Stiere, ab 2010).

		Milchleistung Töchter		
MW	**ZW-Mkg**	**DYD-1. Lakt.**	**DYD-2. Lakt.**	**DYD-3. Lakt.**
80	-1043	-507	-601	-523
85	-622	-268	-325	-242
90	-413	-150	-171	-150
95	-237	-65	-77	-55
100	-30	27	40	60
105	141	113	127	149
110	365	219	255	278
115	524	296	337	351
120	1099	528	693	679

ZW-Mkg = Durchschnittlicher Milch-kg-Zuchtwert der Stiere
DYD = daughter yield deviation = umweltkorrigierte Leistungsabweichung der Töchter in den Laktationen 1 bis 3

Aus den Durchschnittswerten nach MW in Tabelle 6 kann man erkennen, dass man bei Stieren mit einem MW von 120, die im Schnitt einen Milch-kg-ZW von +1000 aufweisen, erwartungsgemäß mit einer Überlegenheit der Töchter von ca. +500 kg Milch pro Laktation rechnen kann. Bei den angegebenen DYDs (daughter yield deviations) handelt es sich um die um alle Effekte in der ZWS und um den Mutter-ZW (Anpaarungsniveau) korrigierten Töchterleistungen.

In Abbildung 17 sind die durchschnittlichen Absolutleistungen der Töchter in Abhängigkeit vom Vater-Zuchtwert beim Fleckvieh dargestellt. Kühe mit einem Vater mit einem Zuchtwert für die Milchmenge von mind. 750 kg haben im Schnitt eine 1. Laktationsleistung von 7859 kg Milch, das ist um mehr als 1300 kg höher als bei Vätern unter -250 kg Milch-Zuchtwert. Theoretisch würde man erwarten, dass eine Differenz von etwas über 500 kg zustande kommt, da aber Kühe mit höheren Zuchtwerten im Schnitt auch in besseren Betrieben stehen, ist der Unterschied noch größer.

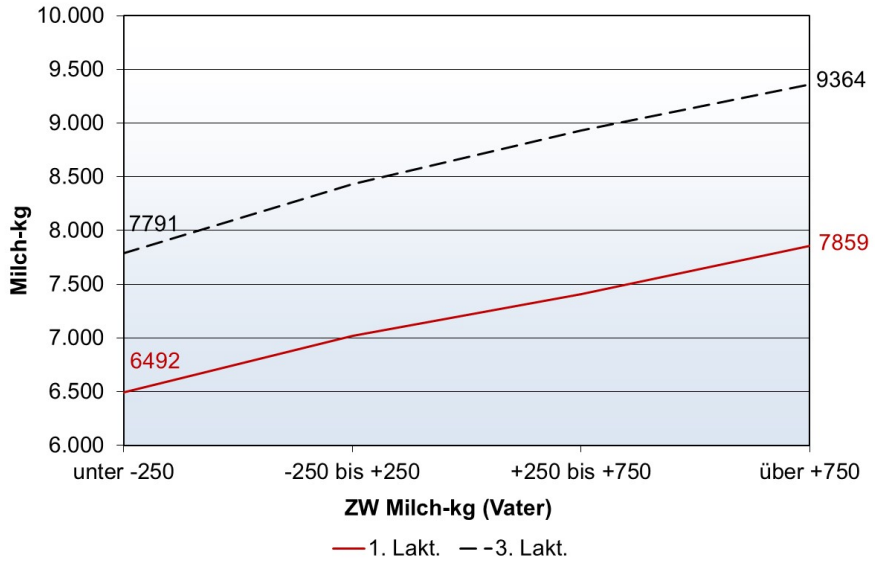


Abbildung 17: Absolutleistungen der Töchter in Abhängigkeit vom Vater-Zuchtwert für Milchmenge (Fleckvieh).

4. Zuchtwertschätzung Fleisch[1]

4.1 Allgemeines

Die Zuchtwertschätzung für Fleischleistungsmerkmale existiert in Österreich seit 1995. Im Zuge der Entwicklung der gemeinsamen Zuchtwertschätzung Deutschland-Österreich werden die Fleischleistungsmerkmale seit 2002 gemeinsam geschätzt. Seit 2004 gehen auch Fleckviehdaten aus Ungarn in die ZWS ein, seit 2008 werden auch tschechische Fleischleistungsdaten in die ZWS einbezogen. Die Zuchtwertschätzung wird 3-mal jährlich vom LGL Kornwestheim in Baden-Württemberg durchgeführt.

4.2 Daten

Die Zuchtwertschätzung für Fleischleistung basiert auf den Ergebnissen der verschiedenen Fleischleistungsprüfungen. Dies sind im Einzelnen:

4.2.1 Eigenleistungsprüfung im Feld (Versteigerung)

Die Eigenleistungsprüfung im Feld erfasst die in Zuchtbetrieben aufgezogenen Jungstiere mit überdurchschnittlicher Abstammung. Die Mastleistung der Jungstiere wird im Rahmen von Absatzveranstaltungen der Zuchtverbände durch Wiegungen ermittelt und die Schlachtleistung (teilweise) durch eine subjektive Beurteilung der Bemuskelung geschätzt.

Merkmale:

- Tägliche Zunahme (Lebendgewicht / Alter)
- Bemuskelungsnote (1 - 9)

Zu berücksichtigen ist, dass man davon ausgehen muss, dass die zur Bewertung vorgestellten Tiere eine bereits stark vorselektierte Stichprobe darstellen, speziell bei den Rassen mit genomischer Selektion. Für Fleckvieh und Brown Swiss gehen diese Daten daher nicht mehr in die ZWS ein.

4.2.2 Ungelenkte Feldprüfung (Schlachthofdaten)

Die Stiere werden mehr oder weniger nach dem Zufallsprinzip in Zuchtbetrieben eingesetzt. Dadurch fallen ausreichend Schlachtdaten von Maststieren, Ochsen (nur Grauvieh) bzw. Mastkälbern (nur Pinzgauer und Grauvieh) an. Die erhobenen Daten werden von der ÖFK (Österreichische Fleischkontrolle GmbH) an die ZuchtData zur Auswertung weitergeleitet.

Merkmale:

- Tägliche Zunahme (Lebendgewicht / Schlachtalter)
- Nettozunahme (Schlachtkörpergewicht warm / Schlachtalter)
- Ausschlachtung (Schlachtkörpergewicht warm / Lebendgewicht)
- Handelsklasse (EUROP-Fleischklasse)

Bei dieser Prüfmethode sind hohe Genauigkeiten der Zuchtwertschätzung zu erzielen, da der Nachteil der infolge hoher Umweltvarianzen verminderten Heritabilitäten der Merkmale durch große Nachkommengruppen ausgeglichen werden kann. Als entscheidender Vorteil ist weiters zu nennen, dass die erhobenen Merkmale die Zielmerkmale der Zuchtwertschätzung auf Fleischleistung (= Mast- und Schlachtleistung im Praxisbetrieb) darstellen.

[1] Quellenhinweis: Dr. Henning Hamann, LGL Kornwestheim, Dr. Ernst Niebel, ALLB Ludwigsburg, Dr. Konrad Blaas, BMLFUW.

Tabelle 1: Charakteristik der Fleischleistungsdaten (Jungstiere) in Österreich 2024.

Rasse	Verst. n	Gew. kg	TGZ g	Schl.hof n-leb	n-tot	TGZ g	NTGZ g	AUS %	HKL	E+U %
Gesamt*	456	566	1.249	85.297	175.311	1.138	704	57,7	3,66	65,3
Gesamt	456	566	1.249	60.801	122.796	1.143	705	57,6	3,63	64,1
AA	0			33	73	1.047	601	56,9	3,45	49,3
AB	0			0	33		569		4,03	93,9
BA	0			16	55	950	702	62,1	4,16	90,9
BS	20	486	1.048	468	1.108	995	608	54,2	2,61	3,7
BS x BA	0			5	19	1.030	669	57,4	3,37	42,1
BS x CH	0			22	41	1.097	674	57,4	3,46	51,2
BS x FL	0			50	117	1.135	678	56,3	3,27	33,3
BS x HF	0			5	10	1.143	641	55,7	2,80	10,0
BS x LI	0			31	73	1.027	650	58,0	3,55	56,2
BS x WB	0			179	440	1.065	682	58,8	3,67	65,7
CH	0			81	290	1.143	709	59,2	3,99	85,5
EB	0			23	44	974	621	57,7	3,80	72,7
FL	356	580	1.285	52.326	103.496	1.150	710	57,6	3,66	65,5
FL x AA	0			100	198	1.121	698	57,8	3,66	66,2
FL x AB	0			9	19	1.282	762	59,6	4,11	94,7
FL x BA	0			95	273	1.104	716	59,7	3,75	73,6
FL x BS	0			50	86	1.134	664	55,9	3,14	20,9
FL x CH	0			260	603	1.115	711	58,4	3,86	79,4
FL x HF	0			324	591	1.142	681	56,3	2,99	15,1
FL x LI	0			740	1.787	1.104	710	59,5	3,97	88,2
FL x MB	0			34	135	1.099	697	58,7	3,78	74,1
FL x NM	0			39	74	1.202	711	57,5	3,41	50,0
FL x PI	0			28	58	1.087	652	56,2	3,38	41,4
FL x PM	0			13	45	1.064	706	59,9	3,82	82,2
FL x PS	0			21	25	1.127	679	56,8	3,68	68,0
FL x WB	0			1.693	3.925	1.110	716	60,3	4,09	91,2
GR	19	505	1.152	19	380	613	364	53,4	3,06	16,8
HF	3	511	1.026	522	986	994	576	53,5	1,96	1,0
HF x AA	0			28	47	1.164	701	54,9	3,11	23,4
HF x BA	0			8	23	1.107	681	59,2	3,13	13,0
HF x BS	0			9	15	1.106	641	53,3	2,40	6,7
HF x CH	0			34	80	1.086	693	58,4	3,45	51,3
HF x FL	0			259	549	1.126	684	56,3	3,02	17,9
HF x LI	0			30	85	1.050	661	58,5	3,27	32,9
HF x WB	0			340	846	1.075	671	58,3	3,40	43,5
KB	0			51	162	1.082	678	57,3	3,69	67,9
LI	0			37	146	1.010	707	63,1	4,34	97,3
MB	0			107	311	1.026	652	58,9	3,76	68,8
OPI	48	518	1.123	134	272	1.011	584	54,3	3,00	18,4
OPI x FL	0			10	20	1.027	653	55,9	3,20	35,0
OPI x WB	0			22	51	1.049	687	59,0	3,76	72,5
PS	0			48	109	946	578	56,8	3,33	40,4
TX	0			8	48	812	583	57,0	3,75	66,7
WV	0			22	43	943	609	57,4	3,44	44,2

Gesamt*: alle Daten ohne Einschränkung
Gesamt und Sonstige: Vater und Mutter müssen bekannt sein
Bei den angegebenen Rassen muss der Genanteil der jeweiligen Rasse mind. 75% sein. Bei Kreuzungen ist die Darstellung in der Form Mutter-Rasse x Vater-Rasse.

4.3 Modell

Bei der Zuchtwertschätzung handelt es sich um eine multivariate BLUP-Tiermodell-ZWS, bei der 3 Merkmale (kleine Rassen: 5) gleichzeitig unter Berücksichtigung der genetischen Beziehungen geschätzt werden (siehe Tabelle 3). Die im Modell berücksichtigten Effekte sind in Tabelle 2 dargestellt.

Die rechnerische Durchführung der Zuchtwertschätzung erfolgt mit dem Programm MiX99 von Lidauer et al. (2002).

Tabelle 2: Modell für die Zuchtwertschätzung Fleischleistung.

Einflussfaktor	Auktion	NKP-Feld
Auktionsort x Jahr x Quartal	X	
Mastbetrieb x Jahr, bzw. Mastgruppe	X	X
Verfettungsgrad		X
Kalbenummer	X	X
Geburtstyp	X	X
Schlachtort		X
Schlachtmonat		X
Schlachtalter (kontinuierlich)	X	X
Rasse	X	X
Tier	X	X

[1] Kalbenummer: als wievieltes Kalb geboren
[2] Geburtstyp: Einling oder Zwilling

4.4 Genetische Parameter

Die Heritabilitäten und genetischen Korrelationen sind in Tabelle 3 angegeben.

Tabelle 3: Genetische Parameter (Fleckvieh nur Schlachthof-Merkmale, Diagonale: Heritabilitäten, über Diagonale: genet. Korr.).

Merkmal	V-TGZ	V-Bem	Shof-NTZ	Shof-HKL	Shof-AUS
Verst. - Tageszunahme	**31%**	0,57	0,77	0,30	0,26
Verst. - Bemuskelung		**13%**	0,39	-0,04	0,25
Schlachthof - Nettozunahme			**29%**	0,46	0,51
Schlachthof - Handelsklasse				**21%**	0,59
Schlachthof - Ausschlachtung					**46%**

4.5 Darstellung der Zuchtwerte

Der gemeinsame **Fleischwert** (FW) errechnet sich für Fleckvieh und Brown Swiss aus den Merkmalen Nettozunahme, Ausschlachtung und Handelsklasse mit den relativen wirtschaftlichen Gewichten von 22 : 39 : 39 (Fleckvieh) bzw. 60 : 20 : 20 (Brown Swiss). Bei den Pinzgauern ergibt sich der Fleischwert nur aus Nettozunahme und Handelsklasse basierend auf den Kälberdaten im Verhältnis 50 : 50. Der Grauvieh-FW errechnet sich aus den Merkmalen Nettozunahme und Handelsklasse jeweils für Ochsen und Kälber mit einem Gewicht von jeweils 25%.

Die Zuchtwerte für Nettozunahme, Ausschlachtung, Handelsklasse und der FW werden als Relativzuchtwerte mit einem Mittel von 100 und einer wahren genetischen Streuung von 12 Punkten veröffentlicht. Die Basispopulation ist wie bei den anderen Merkmalen definiert (siehe Kapitel 2.2). Die Sicherheit wird approximativ ermittelt.
Die Zuchtwerte von Stieren werden ab einer Mindestsicherheit von 30% veröffentlicht. Die Kuh-Zuchtwerte werden ebenfalls veröffentlicht und gehen in die Berechnung des Gesamtzuchtwertes ein.

Aus den genetischen Trends in den Abbildungen 1 und 2 sieht man, dass beim Fleckvieh ein positiver Trend bei der Nettozunahme bei inzwischen zumindest stabiler Handelsklasse festzustellen ist. Bei Brown Swiss ist bei leicht negativer Nettozunahme ein deutlich negativer Trend bei der Handelsklasse zu verzeichnen.

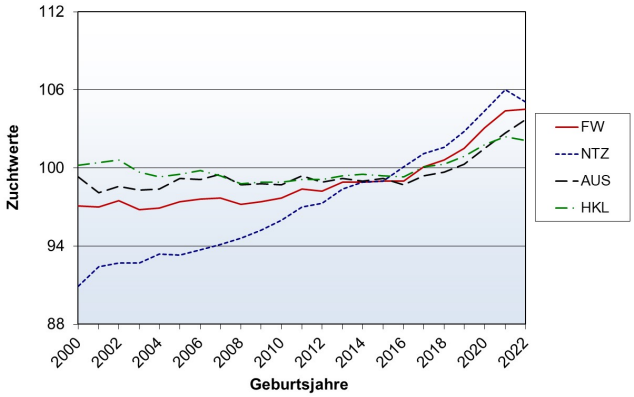


Abb. 1: Genetische Trends für die Fleischleistungsmerkmale von Fleckviehkühen.

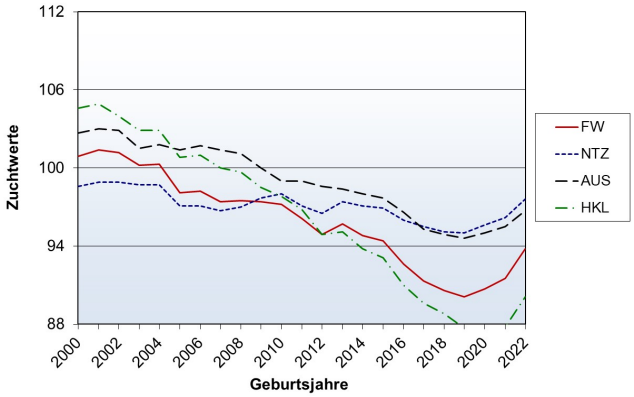


Abb. 2: Genetische Trends für die Fleischleistungsmerkmale von Brown Swiss-Kühen.

4.6 Interpretation der Zuchtwerte

Tabelle 4: Durchschnittswerte nach Fleischwert (Fleckvieh)

FW	NTZ (g)	AUS (%)	HKL[1]	E+U (%)
80	695	55,9	3,48	48,9
90	704	56,7	3,56	57,0
100	716	57,1	3,62	62,8
110	726	57,6	3,67	66,8
120	741	58,0	3,72	70,4

[1] HKL: EUROP-Handelsklasse: E=5, … P=1

Aus Tabelle 4 kann man erkennen, dass die Durchschnittswerte der Nachkommen bei steigendem Fleischwert deutlich ansteigen. Die Söhne von Stieren mit einem FW von 120 haben um ca. 50 g höhere Zunahmen und eine um ca. 0,3 Klassen bessere EUROP-Fleischklasse als Nachkommen von Stieren mit FW 80. Der Anteil an den Handelsklassen E und U steigt von ca. 50 auf 70% (siehe auch Abbildung 3).

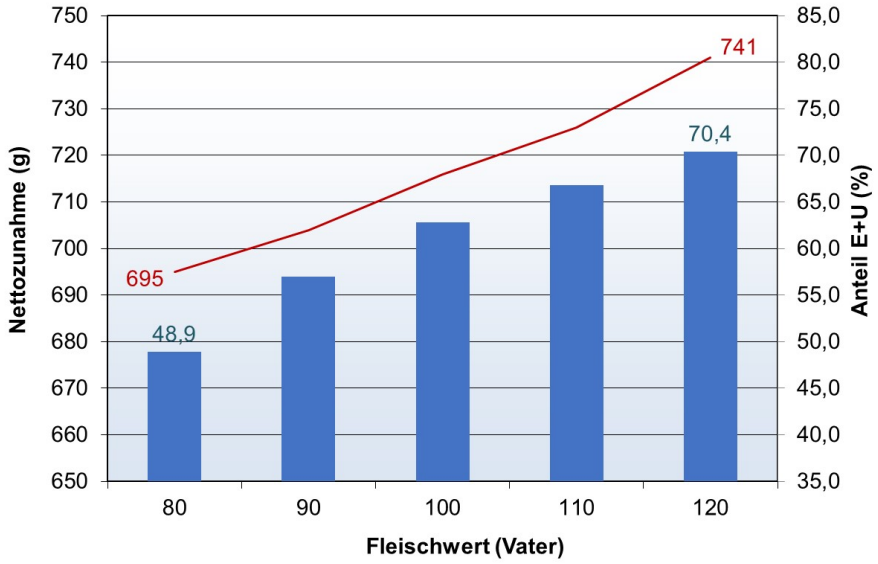


Abb. 3: Zusammenhang zw. dem Fleischwert (FW) des Vater und der Nettozunahme (g) und dem Anteil an Handelsklassen E und U (%) ihrer Söhne (Fleckvieh).

5. Zuchtwertschätzung Exterieur[1]

5.1 Allgemeines

Tierbeurteilung spielt schon seit dem Beginn der Tierzucht eine wichtige Rolle. Aus dem anfänglichen Formalismus, bei dem versucht wurde, Leistungseigenschaften aus Form- und Farbmerkmalen abzuleiten, entwickelte sich über die Jahrzehnte eine systematische Tierbeurteilung. Aus der Erkenntnis heraus, dass hohe Leistungen nur von gesunden und widerstandsfähigen Tieren erbracht werden können, wurden zahlreiche Exterieurmerkmale abgeleitet, die eine planmäßige Zucht auf einen gesunden Körperbau ermöglichen. Im Mittelpunkt der modernen systematischen Tierbeurteilung steht dabei die Bewertung von zufällig ausgewählten Töchtern eines Stieres aus dem Prüfeinsatz.

Wie bei allen züchterisch interessanten Merkmalen steht aber auch bei der Tierbeurteilung nicht die phänotypische Leistung, d.h. das äußere Erscheinungsbild der Tiere, im Vordergrund. Für die züchterische Verbesserung von Eigenschaften ist der genetische Anteil an der Leistung, ausgedrückt als Zuchtwert, entscheidend. Nur so kann das genetische Leistungsvermögen z.B. eines Besamungsstieres, genau erfasst werden.
Die Exterieurzuchtwertschätzung ist wie alle anderen eine internationale Zuchtwertschätzung. Erstmals wurde die gemeinsame Schätzung beim Fleckvieh im Jahr 2000 durchgeführt, bei Brown Swiss 2002. Bei Brown Swiss sind die deutschen Bundesländer Baden-Württemberg, Bayern und Hessen sowie Österreich beteiligt, beim Fleckvieh nehmen zusätzlich Italien und Tschechien an der Zuchtwertschätzung teil.
Eine Beteiligung an der Interbull-Zuchtwertschätzung für Exterieurmerkmale erfolgt bei Brown Swiss seit 2004.

5.2 Daten

Die Leistungsprüfung im Bereich der Exterieurmerkmale ist die Beschreibung/Bewertung von zufällig ausgewählten Töchtern eines Stieres aus dem Prüfeinsatz. Dabei werden 4 bis 5 Hauptnoten vergeben und ca. 20 Einzelmerkmale linear beschrieben. Die Beschreibung erfolgt von einem Extrem zum anderen auf einer Skala von 1 bis 9. Beim Fleckvieh, Brown Swiss und Holstein werden die Hauptnoten auf einer Skala von 60 bis 99 bewertet.
In Italien und manchen Zuchtverbänden werden generell alle Erstlingskühe linear beschrieben. In Deutschland und Österreich werden ansonsten zumindest 30 bis 60 zufällig ausgewählte Töchter von Teststieren beschrieben. Zusätzlich wird auch eine Vergleichstierbewertung (weitere Erstlingskühe am gleichen Betrieb) durchgeführt, um die Datenstruktur zu verbessern, sodass gebietsweise bereits ein großer Teil der Erstlingskühe bewertet wird.

5.3 Modell

Die Exterieur-Zuchtwertschätzung erfolgt mit einem BLUP-Tiermodell, die Durchführung der Zuchtwertschätzung obliegt der LfL Grub (Krogmeier, 2003) für alle Rassen außer Holstein (VIT Verden) und Grauvieh (ZuchtData). Die Schätzung erfolgt mit dem Programmpaket MiX99 von Lidauer et al. (2002).

[1] Quellenhinweis: Dieses Kapitel stammt teilweise von Dr. Dieter Krogmeier, LfL Grub.

Folgende **Effekte** werden im Modell berücksichtigt:

- Beurteiler-Jahr
- Jahr-Saison
- Abstand zur Kalbung
- Region-Herdenklasse-Jahr bzw. Betrieb und Betrieb-Jahr
- Erstkalbealter
- Abstand vom Melken (bei Eutermerkmalen)
- Tier

Im ZWS-Modell wird der Betrieb direkt im Modell verwendet, sofern mindestens von 10 Kühen seit Beginn der ZWS Exterieurdaten vorliegen, für den Rest wird ein Herdenklasseneffekt verwendet. Da sich das Management auch innerhalb eines Betriebes verändert, wird neben dem Betriebseffekt außerdem der zufällige Effekt „Betriebsjahr“ berücksichtigt. Dieser gleicht Unterschiede zwischen verschiedenen Jahren innerhalb eines Betriebes aus.

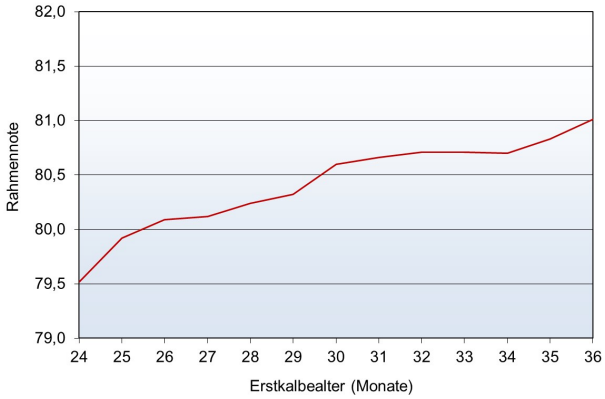


Abb. 1: Einfluss des Erstkalbealters auf die Rahmennote (Fleckvieh-Österreich).

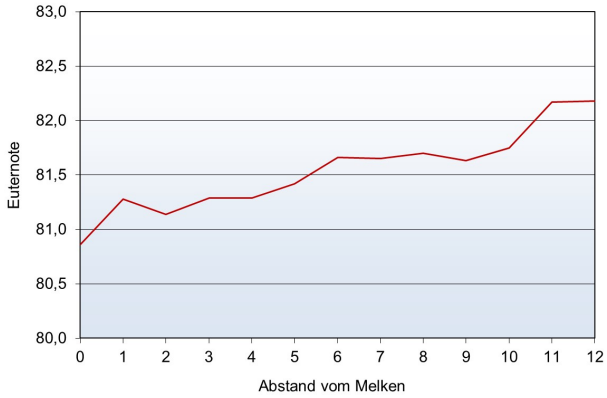


Abb. 2: Einfluss des Abstandes vom Melken auf die Euternote (Fleckvieh-Österreich).

Bedeutung haben ebenfalls die systematischen Umweltfaktoren Erstkalbealter (Abb. 1), Abstand zur Kalbung und der Abstand vom Melken bis zur Beurteilung (Abb. 2).
Das Modell bei Holstein und Grauvieh unterscheidet sich von den anderen Rassen dadurch, dass die einzelnen Merkmale innerhalb der Merkmalsbereiche Milchtyp, Körper bzw. Rahmen, Bemuskelung, Form und Euter multivariat, d.h. unter Berücksichtigung der genetischen Korrelationen zwischen den Merkmalen, geschätzt werden.

Korrektur unterschiedlicher Bewerterstreuungen

Die Bewerterkorrektur erfolgt nicht nur über die Berechnung der sogenannten Bewerterabweichung, d.h. der Abweichung vom Bewerter-Jahres-Mittelwert. Trotz regelmäßiger Bewerterschulungen wird die Bewertungs- bzw. Beschreibungsskala von den einzelnen Bewertern unterschiedlich ausgenutzt. Die sich dadurch ergebenden Unterschiede in der Streuung zwischen den Bewertern wirken sich aber direkt auf die Zuchtwerte aus. Das heißt, höhere Bewerterstreuungen bedeuten auch höhere Streuungen bei den Zuchtwerten. Analog der Korrektur der heterogenen Varianzen in der Milch-ZWS werden diese umweltbedingten Streuungsunterschiede in der ZWS bestmöglich korrigiert.

5.4 Genetische Parameter

Die Heritabilitäten für Fleckvieh, Pinzgauer und Brown Swiss sind in Tabelle 1 zu finden. Die genetischen Parameter für das Grauvieh mit den genetischen Korrelationen sind in Tabelle 2 angegeben.

Tabelle 1: Heritabilitäten (h^2) für Fleckvieh, Pinzgauer und Brown Swiss.

	Fleckvieh, Pinzgauer		Brown Swiss	
	Merkmal	**h^2**	**Merkmal**	**h^2**
Hauptnoten	**Rahmen**	44	**Rahmen**	39
	Bemuskelung	21	**Becken**	14
	Fundament	11	**Fundament**	14
	Euter	24	**Euter**	34
			Gesamtnote	29
Rahmen	**Kreuzhöhe**	47	**Kreuzhöhe**	47
	Beckenlänge	29		
	Hüftbreite	28	**Brustbreite**	23
	Rumpftiefe	23	**Rumpftiefe**	26
			Oberlinie	20
Becken	**Beckenneigung**	27	**Beckenneigung**	29
			Beckenlänge	29
			Beckenbreite	28
			Umdreher	12
Bemuskelung	**Bemuskelung**	28	**Bemuskelung**	29
Fundament	**Sprunggelenkswinkel**	21	**Sprunggelenkswinkel**	22
	Sprunggelenksauspr.	21	**Sprunggelenksauspr.**	26
	Fessel	21	**Fessel**	18
	Trachten	8	**Trachten**	8
Euter	**Voreuterlänge**	23	**Voreuterlänge**	21
	Schenkeleuterlänge	26	**Hintereuterbreite**	20
			Hintereuterhöhe	18
	Zentralband	17	**Zentralband**	22
	Voreuteraufhängung	21	**Voeuteraufhängung**	26
	Euterboden	33	**Eutertiefe**	37
			Euterbalance	12
	Strichlänge	41	**Strichlänge**	48
	Strichdicke	32	**Strichdicke**	26
	Strichplatzierung vo.	28	**Strichplatzierung vo.**	35
	Strichplatzierung hi.	23	**Strichplatzierung hi.**	35
	Strichstellung hi.	31	**Strichstellung hi.**	31
	Euterreinheit	28	**Euterreinheit**	22

Tabelle 2: Genetische Parameter für Grauvieh (Diagonale: Heritabilitäten, über Diagonale: genet. Korrelationen)

	Rahmen	Kreuzh.	Brustumf.	Größe	Länge	Breite	Tiefe
Rahmen	**55**	0,99	0,63	0,98	0,93	0,18	-0,04
Kreuzhöhe		**63**	0,60	0,98	0,91	0,16	-0,05
Brustumfang			**45**	0,60	0,76	0,76	0,67
Größe				**56**	0,94	0,15	-0,09
Länge					**27**	0,38	0,18
Breite						**25**	0,83
Tiefe							**18**

	Bemusk.
Bemuskelung	**33**

	Form	Schulter	Rücken	Becken	Spr.-steil	Spr.-gesäb.	Spr.-auspr.	Fessel	Trachten	Klauen
Form	**27**	0,43	0,57	0,36	0,40	0,55	0,34	0,45	0,37	0,32
Schulter		**15**	0,41	0,12	-0,04	0,36	0,25	0,10	0,11	0,13
Rücken			**26**	0,27	-0,02	0,33	0,13	0,32	0,25	0,32
Becken				**22**	0,52	0,19	0,37	0,25	0,06	0,17
Spr.-steil					**9**	0,04	0,75	0,21	0,23	0,30
Spr.-gesäbelt						**11**	0,46	0,19	0,03	0,13
Spr.auspräg.							**13**	0,07	0,24	0,18
Fessel								**16**	0,70	0,44
Trachten									**14**	0,52
Klauen										**8**

	Euter	Baucheu.	Schenk.eu.	Eutersitz	Str.ausb.	Str.stell.	Reinheit
Euter	**43**	0,81	0,85	0,57	0,92	0,90	0,08
Baucheuter		**28**	0,75	0,57	0,60	0,61	0,27
Schenkeleuter			**33**	0,46	0,71	0,71	-0,16
Eutersitz				**37**	0,41	0,36	0,19
Str.ausbildung					**35**	0,88	0,11
Str.stellung						**25**	-0,24
Reinheit							**7**

5.5 Darstellung der Zuchtwerte

Die geschätzten Zuchtwerte der einzelnen Merkmale werden standardisiert und als Relativzuchtwerte mit einem Mittelwert von 100 und einer Streuung von 12 Punkten (bei einer Sicherheit von 100%) ausgewiesen. Als Information zur Sicherheit eines Relativzuchtwertes wird in der Regel die Anzahl der Töchter und teilweise auch die Sicherheit für das Euter bzw. für die Gesamtnote angegeben. Bei den Rassen Fleckvieh, Brown Swiss und Pinzgauer werden die Exterieur-Zuchtwerte nur veröffentlicht, wenn Daten von mindestens 20 Töchtern vorliegen bzw. bei Vorliegen von genomischen Zuchtwerten. Beim Grauvieh werden die Zuchtwerte bereits mit 10 Töchtern veröffentlicht.
Die Relativzuchtwerte Exterieur werden meist in Form eines Balkendiagramms veröffentlicht (Abb. 3 und 4). Zur leichteren Orientierung wird bei Merkmalen mit intermediärem Optimum der erwünschte Bereich mit einem Rechteck gekennzeichnet (Tab. 3).
Beim Grauvieh gibt es keine Merkmale mit intermediärem Optimum.

Abb. 3: Ergebnisdarstellung der Exterieur-Zuchtwerte (Fleckvieh, Zazu, zuchtwert.at).

Abb. 4: Ergebnisdarstellung der Exterieur-Zuchtwerte (Brown Swiss, Amorie, zuchtwert.at).

Tabelle 3: Optimal-Zuchtwerte bei Fleckvieh, Brown Swiss und Pinzgauer.

	Fleckvieh			Brown Swiss			Pinzgauer		
Merkmal	**Optimum**	**Min**	**Max**	**Optimum**	**Min**	**Max**	**Optimum**	**Min**	**Max**
Rahmen	**100**	97	103						
Kreuzhöhe				**100**	97	103			
Bemuskelung				**103**	100	106			
Oberlinie				**108**	105	111			
Beckenneigung	**100**	97	103	**100**	97	103	**100**	97	103
Umdreher				**108**	105	111			
Sprunggelenkswinkel	**93**	90	96	**100**	97	103	**93**	90	96
Fessel				**108**	105	111			
Euterbalance				**100**	97	103			
Strichlänge	**100**	97	103	**103**	100	106	**100**	97	103
Strichdicke	**100**	97	103	**103**	100	106	**100**	97	103
Strichplatzierung vorne	**116**	113	119	**108**	105	111	**116**	113	119
Strichplatzierung hinten	**100**	97	103	**97**	94	100			
Strichstellung hinten	**100**	97	103	**100**	97	103	**115**	112	118

Die Entwicklung der Exterieurmerkmale war in den letzten Jahren überwiegend positiv. Sowohl beim Fleckvieh als auch bei Brown Swiss haben sich die Hauptmerkmale Rahmen, Fundament/Form und Euter relativ deutlich verbessert. Die Bemuskelung, die nur bei Fleckvieh ein Hauptmerkmal darstellt, ist jedoch merklich rückläufig. Die genetischen Trends (ausgedrückt als durchschnittliche Zuchtwerte pro Kuh-Geburtsjahrgang) sind in den Abbildungen 5 und 6 dargestellt.

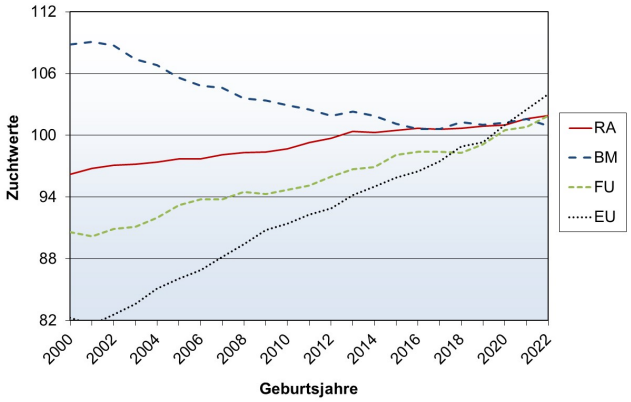


Abb. 5: Genetische Trends für die Exterieurmerkmale (Rahmen, Bemuskelung, Fundament, Euter) von Fleckviehkühen.

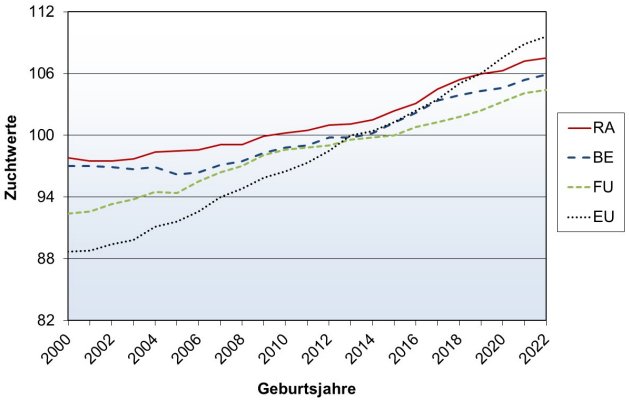


Abb. 6: Genetische Trends für die Exterieurmerkmale (Rahmen, Becken, Fundament, Euter) von Brown Swiss-Kühen.

Veröffentlichung der Mängel bzw. Besonderheiten

Neben der linearen Beschreibung der Exterieurmerkmale werden zusätzlich je nach Rasse ca. 20 Exterieurmängel erfasst, die eine wirtschaftliche Bedeutung besitzen bzw. diese bei verstärktem Auftreten erlangen können. Treten diese Mängel in einer bestimmten Häufigkeit in der Nachzucht eines Prüfstieres auf, dann erfolgt bisher nur beim Fleckvieh eine Veröffentlichung. Besonders häufig treten die Fundamentmängel "lockere Schulter" und "hessig gestellt" sowie das Eutermerkmal "gestuftes Euter" auf.

Da der Einsatz eines Prüfstieres sich auf ein regional begrenztes Gebiet beschränkt, wird die Bewertung der Töchter eines Prüfstieres nur durch wenige Nachzuchtbewerter erfolgen. Hier könnten subjektive Vorlieben oder Abneigungen eine gewichtige Rolle spielen. Dies macht eine Bewerterkorrektur, wie sie für die Exterieurmerkmale im Verlaufe der Zuchtwertschätzung erfolgt, auch bei den Mängeln unumgänglich.

Für die Veröffentlichung eines Mangels als "gelegentlich" und "häufig" müssen mehrere Kriterien erfüllt sein. Zur Korrektur nach Bewerter werden der Mittelwert und die Standardabweichung über alle Bewerter aus den festgestellten Mängeln aller bewerteten Tiere berechnet. Die Abweichung einer Prüfstiergruppe vom Bewerterdurchschnitt entscheidet dann über die Veröffentlichung des Mangels.

Für die Veröffentlichung als "häufig" bzw. "gelegentlich" gilt, dass wenn die Abweichung der Stiergruppe größer als 2 Standardabweichungen des Bewerterdurchschnitts ist, der Vermerk "häufiger" angegeben wird. Beträgt die Abweichung 1,5 bis 2,0 Standardabweichungen wird "gelegentlich" vermerkt. Bei Normalverteilung erhalten bei diesem Verfahren 2-3% der Stiere den Vermerk "häufiger".

5.6 Interpretation der Zuchtwerte

Die Exterieur-Zuchtwertschätzung ist zwar im Allgemeinen sehr gut akzeptiert, manchmal gibt es jedoch Kritik daran, dass die Abstammung und hier im Speziellen der Vater einen zu starken Einfluss auf die Zuchtwerte hat. Wie bei allen Tiermodell-Zuchtwertschätzungen hat die Abstammung natürlich eine große Bedeutung wie es der genetischen Situation (Heritabilität) entspricht. Trotzdem ist bei einer entsprechenden Töchterzahl die Bedeutung des Exterieurs der Töchter mit Abstand wichtiger als die Abstammung. Da es zwischen den Beurteilern oft sehr große Unterschiede im Niveau bei der Beschreibung gibt, ist es notwendig, die Beschreibungsergebnisse als Abweichung vom Beurteilermittelwert auszudrücken. Die Korrelationen zwischen dieser Beurteiler-korrigierten Absolutleistung und den Zuchtwerten für die Hauptmerkmale ist in Tabelle 4 angegeben. Daraus sieht man, dass die Korrelationen mit Werten über 0,90 sehr hoch sind. Das unterstreicht, dass sich die Zuchtwerte bei entsprechender Töchterzahl in erster Linie aus den Nachkommenergebnissen errechnen.

Tabelle 4: Korrelationen zwischen der Abweichung vom Beurteilermittel und den Zuchtwerten (Fleckvieh, mind. 20 beschriebene Töchter).

	Korrelation
Rahmen	0,93
Bemuskelung	0,90
Fundament	0,93
Euter	0,92

In Abbildung 7 ist der Zusammenhang zwischen der durchschnittlichen Bewertung und den Zuchtwerten für die Hauptmerkmale beim Fleckvieh (FleckScore) dargestellt. Als Richtwert gilt z.B. für den Euter-Zuchtwert, dass 10-ZW-Punkte bei Fleckvieh und Brown Swiss ca. 1 Note Unterschied entsprechen.

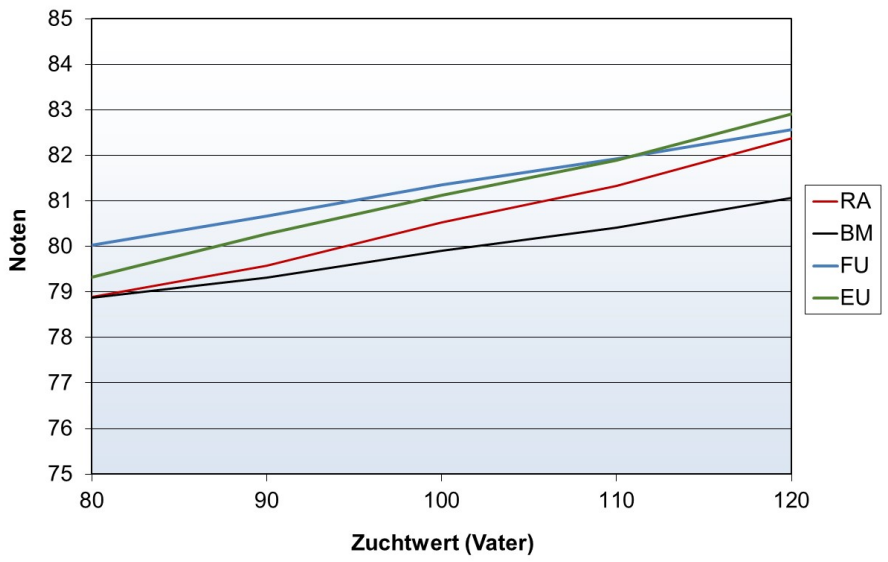


Abb. 7: Zusammenhang zw. den Zuchtwerten und der durchschnittlichen Bewertung (Fleckvieh-Österreich, FleckScore).

6. Zuchtwertschätzung Nutzungsdauer

6.1 Allgemeines

Die Nutzungsdauer ist im Bereich der funktionalen Merkmale das wirtschaftlich wichtigste Merkmal in der Milchviehhaltung. Durch eine lange Nutzungsdauer kommt es zu einer vollen Ausnutzung des altersbedingten Leistungsmaximums, zu einer Reduzierung der anteiligen Aufzuchtkosten und zu einer höheren innerbetrieblichen Selektionsschärfe.

Die tatsächliche Nutzungsdauer hängt aber auch ganz entscheidend von der Milchleistung einer Kuh ab, weil einerseits Kühe mit schlechter Leistung früher gemerzt werden, andererseits der Bauer aber Kühen mit besonders hoher Milchleistung eine Sonderbehandlung zukommen lässt (z.B. bei der Anzahl der Besamungen). Daraus ist ersichtlich, dass diese direkt beobachtbare Nutzungsdauer nicht als Maßstab für die biologische Fitness herangezogen werden kann. Für die Selektion auf Fitness ist es notwendig, die Nutzungsdauer unabhängig von ihrer Leistung zu erfassen. Bei den möglichen Ursachen für das Ausscheiden einer Kuh ist zwischen leistungs- und fitnessabhängigen Faktoren zu unterscheiden. Eine „freiwillige“ (=leistungsabhängige) Merzung liegt vor, wenn eine gesunde, aber unwirtschaftliche Kuh aus der Herde ausscheidet, während der Abgang einer profitablen, aber z.B. unfruchtbaren Kuh eine „unfreiwillige“ (=leistungsunabhängige) Merzung darstellt. Tierzüchterisch interessant ist die sogenannte funktionale oder **leistungsunabhängige Nutzungsdauer**, bei der der Effekt der leistungsbedingten Merzung im Rahmen der Zuchtwertschätzung rechnerisch ausgeschaltet wird, weil diese als Maßstab für Fitness und Vitalität angesehen werden kann.

Generell ist eine Zuchtwertschätzung für die Nutzungsdauer problematisch, weil diese erst am Ende des Lebens eines Tieres bekannt ist und damit zu spät für die Zuchtwahl kommt. Eine Lösung stellt die korrekte Berücksichtigung auch von noch lebenden Tieren (sogenannten zensierten Beobachtungen) mit Hilfe der sogenannten **Lebensdaueranalyse** (Survivalanalyse) in der Zuchtwertschätzung dar. Eine weitere Möglichkeit ist auch die Unterteilung der Nutzungsdauer in mehrere Abschnitte/Merkmale mithilfe eines **multivariaten BLUP-Tiermodells**.

Die Zuchtwertschätzung für Nutzungsdauer wird bereits seit 1995 (Österreich) bzw. 1996 (Deutschland) durchgeführt. Seit 2001 erfolgt die ZWS durch die ZuchtData im Rahmen der gemeinsamen ZWS Deutschland-Österreich (Fuerst und Egger-Danner, 2002). Im Jahre 2021 erfolgte eine größere Umstellung, bei der von der Lebensdaueranalyse auf ein BLUP-Tiermodell umgestellt wurde. In die gemeinsame ZWS fließen auch Fleckvieh-Daten aus Tschechien (seit 2016), Italien (seit 2018), Slowakei (seit 2023) und Ungarn (seit 2024) ein.
Die Holstein-Zuchtwertschätzung wird vom VIT Verden in sehr ähnlicher Weise durchgeführt.

6.2 Daten

In die ZWS ND gehen alle Kühe aus Deutschland, Österreich, Tschechien, Italien, Slowakei und Ungarn ein, die seit 1995 abgekalbt haben.
In der ZWS wird die Nutzungsdauer der Kühe nur bis maximal zur 7. Abkalbung berücksichtigt. Das Überleben in höheren Laktationen ist besonders stark durch Managemententscheidungen beeinflusst und könnte so zu Verzerrungen führen. Im neuen Modell wird die Nutzungsdauer einer Kuh bis zur 7. Abkalbung in insgesamt 9 Abschnitte unterteilt. Dabei wird die 1. Laktation in drei (bis 50., 51.-250. und 251. Laktationstag bis 2. Abkalbung), die 2. Laktation in zwei (bis 150. und

151. Tag bis 3. Abkalbung) und die 3. bis 6. Laktation jeweils als ein Abschnitt betrachtet. In jedem Abschnitt wird unterschieden, ob die Kuh den Abschnitt überlebt hat oder nicht.

Die tatsächliche Nutzungsdauer war in den letzten Jahren in Österreich stabil bis leicht steigend (Abb. 1).

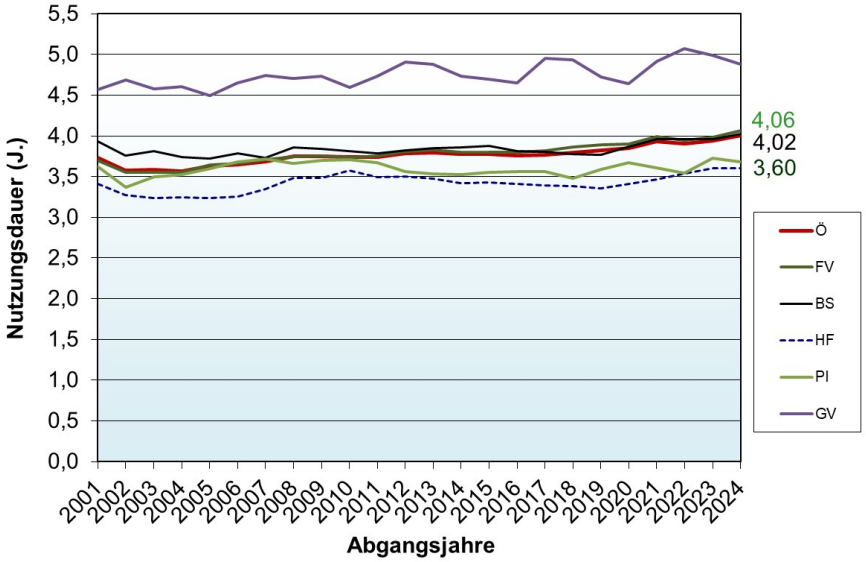


Abb. 1: Phänotypischer Trend für die Nutzungsdauer in Österreich.

6.3 Modell

Für die ZWS ND wird für das **multivariate BLUP-Tiermodell** das Programm MiX99 (Lidauer et al.) verwendet.

Als **Einflussfaktoren** werden folgende Effekte berücksichtigt.

- **Region-Erstkalbejahr und Region-Jahr-Saison des Abschnitts**:

Mit diesem Effekt werden regionale, saisonale bzw. managementbedingte Unterschiede im Hinblick auf die ND berücksichtigt.

- **Alpung-Betrieb-Jahr (zufällig)**
- **Erstkalbealter:** 17 Klassen von 24 bis 40 Monaten
- **(Änderung der) Herdengröße:** 9 Klassen (1 Klasse bis 20 Kühe, 4 Klassen bis 49 Kühe, 4 Klassen ab 50 Kühe, <-20%, -20 bis -10%, -10 bis +10%, >+10%)

Das Abgangsrisiko einer Kuh hängt stark davon ab, ob ein Betrieb expandiert oder reduziert. Bei einer Betriebsverkleinerung steigt das Abgangsrisiko deutlich an (siehe Abb. 2).

- **Relative Leistung** (Fett- und Eiweißmenge) **innerhalb Herde** (pro 5 Jahre): 8 Klassen nach Summe Fkg+Ekg

Dieser Effekt stellt den Korrekturfaktor dar, um auf die leistungs**un**abhängige Nutzungsdauer zu kommen. Dabei wird (überwiegend) die Leistung vor dem jeweiligen Abschnitt in Kategorien innerhalb Betrieb eingestuft, um das Selektionsrisiko einer Kuh aufgrund der Milchleistung einschätzen zu können. Für den ersten Abschnitt (bis 50. Tag) erfolgt keine Leistungskorrektur. Das Risiko für das Ausscheiden einer mit ihrer Milchleistung deutlich unter dem Durchschnitt liegenden Kuh ist wesentlich höher als das einer Durchschnittskuh (siehe Abb. 3).

- **Heterosis und Rekombinationsverlust:** jeweils 10 Klassen bei Fleckvieh und Pinzgauer

Durch die Berücksichtigung der Kreuzungseffekte verlieren reine (Red) Holstein-Stiere bis zu 5 ZW-Punkte.

- **genetischer Effekt der Kuh**

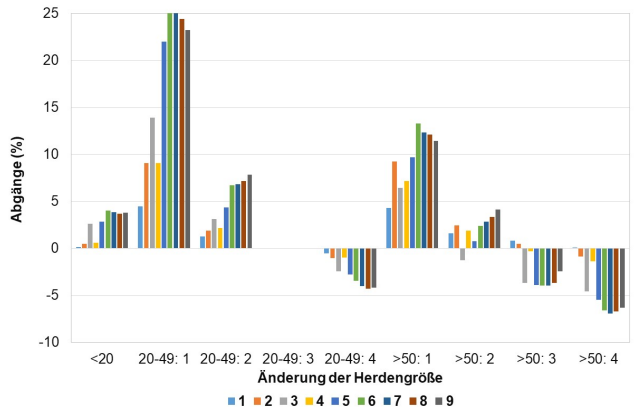


Abb. 2: Abgangsrisiko nach Änderung der Herdengröße.

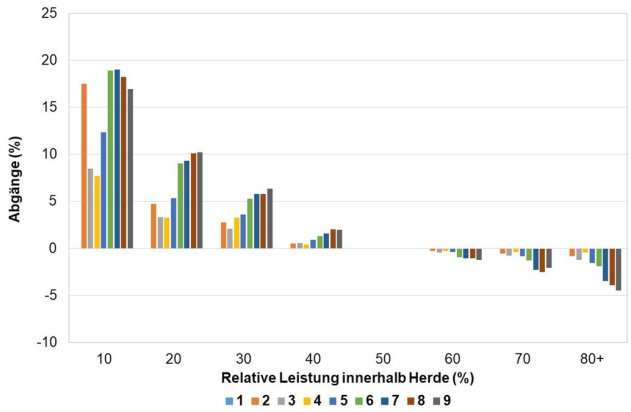


Abb. 3: Abgangsrisiko nach relativer Leistung innerhalb Herde.

Kombinierte Nutzungsdauer:
Aufgrund der Natur des Merkmals weist der Zuchtwert für ND speziell bei jungen Stieren, wenn noch keine Töchter in höheren Laktationen vorliegen, nur niedrige Sicherheiten auf. Für eine möglichst zuverlässige Grundlage für Selektionsentscheidungen bieten sich andere Merkmale, die einen genetischen Zusammenhang zur ND aufweisen, als Hilfsmerkmale an.
In Tabelle 1 sind die genetischen Korrelationen des reinen ND-Zuchtwerts zu den als Hilfsmerkmale verwendeten Exterieur-Merkmalen dargestellt. Diese Merkmale werden mit Hilfe der Indexmethode mit dem reinen ND-ZW kombiniert. Das Ergebnis daraus stellt den offiziellen (kombinierten) ND-ZW dar, der auch in den GZW eingeht.

Tab. 1: Genetische Korrelationen der Hilfsmerkmale zum reinen Zuchtwert Nutzungsdauer

Merkmal	Fleckvieh	Brown Swiss	Pinzgauer	Grauvieh	Gelbvieh	Vorder-wälder
Rahmen	-0,09		-0,08	-0,09	-0,11	-0,12
Kreuzhöhe		-0,11				
Becken		+0,20				
Bemuskelung		+0,24				
Fundament/Form	+0,30	+0,25	+0,36	+0,39	+0,31	+0,32
Euter	+0,40	+0,28	+0,39	+0,45	+0,50	+0,40

6.4 Genetische Parameter

Tab. 2: Genetische Parameter für Fleckvieh und weitere Rassen für die einzelnen Abschnitte
(Heritabilitäten auf Diagonale, genet. Korr. oberhalb Diagonale) und Gewichtung der Abschnitte.

	Abschnitte									Gewichtung (%)				
	1	**2**	**3**	**4**	**5**	**6**	**7**	**8**	**9**	**FV**	**PI**	**GV**	**GE**	**VW**
1	**1,2**	0,57	0,48	0,69	0,68	0,58	0,49	0,52	0,51	**4,9**	5,3	4,7	6,1	4,6
2		**1,2**	0,65	0,71	0,66	0,57	0,60	0,60	0,64	**12,6**	12,4	10,6	14,3	11,0
3			**2,0**	0,56	0,77	0,69	0,61	0,67	0,59	**13,4**	15,0	13,4	16,9	13,6
4				**1,3**	0,67	0,65	0,71	0,65	0,67	**12,0**	11,4	10,4	12,2	10,4
5					**1,8**	0,75	0,82	0,83	0,82	**13,3**	13,5	12,7	14,5	13,1
6						**3,0**	0,84	0,83	0,74	**18,7**	17,7	17,7	17,9	18,5
7							**3,9**	0,87	0,87	**12,6**	12,1	13,5	10,2	13,5
8								**4,1**	0,88	**7,9**	7,9	10,0	5,4	9,3
9									**4,3**	**4,5**	4,6	7,0	2,6	6,0

Tab. 3: Genetische Parameter für Brown Swiss für die einzelnen Abschnitte (Heritabilitäten auf Diagonale, genet. Korr. oberhalb Diagonale) und Gewichtung der Abschnitte.

	Abschnitte									Gew.
	1	**2**	**3**	**4**	**5**	**6**	**7**	**8**	**9**	**BS**
1	**1,2**	0,79	0,57	0,66	0,56	0,60	0,60	0,59	0,53	**4,7**
2		**1,2**	0,58	0,63	0,60	0,65	0,70	0,62	0,70	**11,8**
3			**2,9**	0,69	0,73	0,75	0,74	0,69	0,78	**11,2**
4				**1,2**	0,71	0,78	0,84	0,78	0,70	**11,7**
5					**2,3**	0,89	0,90	0,88	0,88	**12,2**
6						**3,7**	0,89	0,80	0,89	**18,8**
7							**3,8**	0,88	0,88	**13,9**
8								**4,8**	0,90	**9,6**
9									**4,5**	**6,1**

Bei der Gewichtung der einzelnen Abschnitte zur Berechnung des ND-Zuchtwerts wird die Realisierung im jeweiligen Abschnitt (weniger Kühe in höheren Abschnitten), der Wert des Kalbes und der produzierten Milch berücksichtigt. Dadurch errechnen sich für die „kleinen“ Rassen leicht unterschiedliche Heritabilitäten für den ND-Zuchtwert trotz Verwendung der Fleckvieh-Parameter (Tab. 4).

Tab. 4: Heritabilitäten (h^2) für den Nutzungsdauer-ZW für die einzelnen Rassen.

Rasse	h^2
Fleckvieh	10,6
Brown Swiss	13,1
Pinzgauer	10,6
Grauvieh	11,8
Gelbvieh	9,3
Vorderwälder	11,5

6.5 Darstellung der Zuchtwerte

Die Zuchtwertschätzung erfolgt dreimal pro Jahr durch die ZuchtData. Die Zuchtwerte werden wie üblich als Relativ-Zuchtwerte mit einem Mittelwert von 100 und einer Streuung von 12 Punkten aufgrund der genetischen Standardabweichung ausgewiesen. Die Richtung wird so eingestellt, dass höhere Werte züchterisch wünschenswert sind. Die geschätzten Zuchtwerte werden für Stiere und z.T. auch für Kühe veröffentlicht.

Der **genetische Trend** für die Nutzungsdauer ist in den letzten Jahren für Fleckvieh und Brown Swiss jeweils relativ deutlich steigend (siehe Abbildungen 4 und 5).

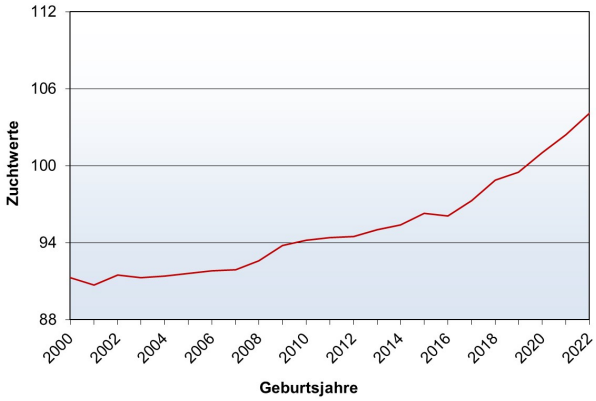


Abb. 4: Genetischer Trend für die Nutzungsdauer von Fleckviehkühen.

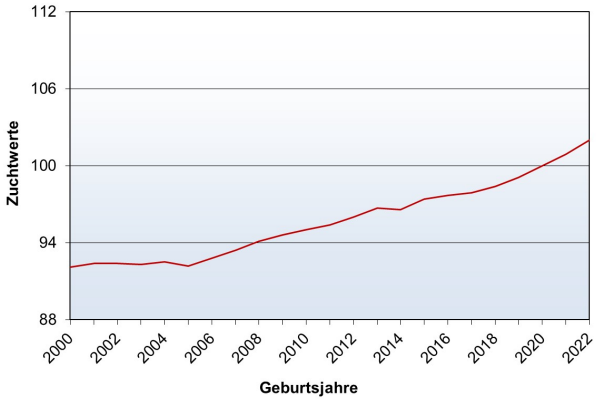


Abb. 5: Genetischer Trend für die Nutzungsdauer von Brown Swiss-Kühen.

6.6 Interpretation der Zuchtwerte

Die besondere Schwierigkeit bei der Interpretation der Nutzungsdauer-Zuchtwerte liegt darin, dass das Merkmal leistungsunabhängige Nutzungsdauer in der Praxis nicht existiert. Als theoretischer Richtwert gilt, dass 12 Zuchtwertpunkte ungefähr einem halben Jahr Nutzungsdauer entsprechen. Um die grundsätzliche Interpretation der Nutzungsdauer-Zuchtwerte zu veranschaulichen, wurde der Zusammenhang zwischen dem ND-Zuchtwert des Vaters der Kühe und der Abgangslaktation der Töchter ausgewertet (Abb. 6). Töchter von Stieren mit hohem ND-ZW erreichen eine Laktation mehr als Töchter von Stieren mit sehr niedrigem ND-ZW. Kühe. Der Anteil an Kühen, die mind. 7 Abkalbungen erreichen, ist bei einem Vater mit ZW ND von 120 fast 3x so hoch wie bei einem ZW von 80 (Abb. 7).

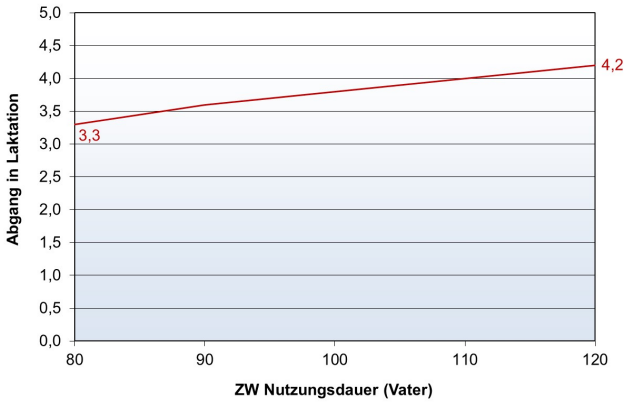


Abb. 6: Zusammenhang zw. ZW ND des Vaters und der Abgangslaktation der Töchter beim Fleckvieh.

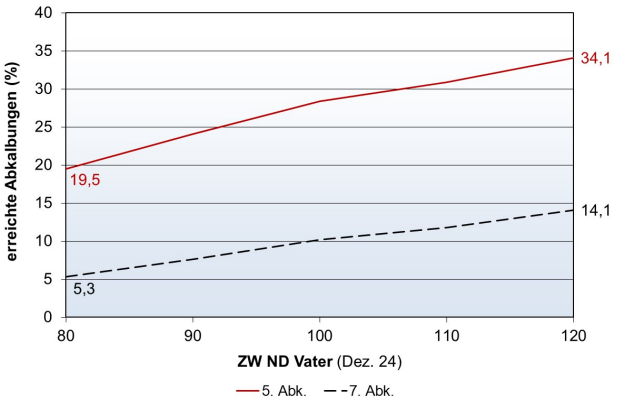


Abb. 7: Anzahl mind. erreichter Abkalbungen (5 bzw. 7) in Abhängigkeit vom ZW ND des Vaters beim Fleckvieh.

7. Zuchtwertschätzung Fruchtbarkeit

7.1 Allgemeines

Die Bedeutung der Fruchtbarkeit wird dann sehr stark ins Bewusstsein gerückt, wenn einerseits die Besamungskosten dadurch stark ansteigen und andererseits die Zwischenkalbezeiten so hoch werden, dass die geregelte Remontierung der weiblichen Nachzucht in Frage gestellt wird. Obwohl Fruchtbarkeitsmerkmale eine niedrige Heritabilität aufweisen, kann durch eine lang andauernde Selektion auf ein negativ korreliertes Merkmal (z.B. die Milchleistung) ein entsprechend unerwünschter Effekt eintreten. Die Behebung dieses unerwünschten Effektes auf genetischem Weg dauert wegen der niedrigen Heritabilität allerdings ebenfalls sehr lange.
Die Zuchtwertschätzung für Fruchtbarkeit existiert in Deutschland seit 1994 und in Österreich seit 1995. Seit 2002 wird die Zuchtwertschätzung gemeinsam für Deutschland und Österreich bei jedem ZWS-Termin von der ZuchtData GmbH in Wien durchgeführt. Seit 2017 sind beim Fleckvieh Tschechien und seit 2018 auch Italien inkludiert. Die Holstein-Zuchtwertschätzung wird vom VIT Verden durchgeführt.

7.2 Daten

Als **Datengrundlage** werden alle Belegungen (KB und Natursprung) von allen Kalbinnen und Kühen seit 2000 verwendet. Zusätzlich werden auch frühe Fruchtbarkeitsstörungen und Zysten in der ZWS verwendet (siehe Kapitel 12).
Die Daten werden einer strengen Plausibilitätsprüfung unterzogen, da z.B. eine unvollständige Besamungsmeldung zu falschen Fruchtbarkeitskennzahlen führt. Die Verzögerungszeit wird nur verwendet, wenn eine nachfolgende Abkalbung mit plausibler Trächtigkeitsdauer vorliegt. Die Non-Return-Rate muss in Abhängigkeit von der Betriebsgröße in einem plausiblen Bereich liegen. Werden nur oder fast nur erfolgreiche Belegungen gemeldet, werden die Daten dieses Jahres von der ZWS ausgeschlossen. Die mittlere Non-Return-Rate pro Betrieb und Jahr darf maximal 3 Standardabweichungen über dem Durchschnitt für diese Betriebsgröße liegen. Diese Prüfung kommt allerdings bei kleinen Betrieben praktisch nicht zum Tragen, da z.B. bei einem 5-Kuh-Betrieb tatsächlich in einem Jahr alle Kühe bei der Erstbesamung trächtig geworden sein können.

Merkmale:

- Non-Return-Rate 56 Kalbin: wurde innerhalb von 56 Tagen nach der Erstbesamung eine Belegung gemeldet ja oder nein
- Non-Return-Rate 56 Kuh
- Rastzeit: Zeit von Abkalbung bis zur ersten Belegung in Tagen
- Verzögerungszeit Kalbin: Zeit von der ersten bis zur erfolgreichen Belegung in Tagen
- Verzögerungszeit Kuh
- frühe Fruchtbarkeitsstörungen: Gebärmutterentzündung, Nachgeburtsverhaltung, puerperale Erkrankungen (bis 90 Tage nach der Abkalbung plus Abgänge wegen Unfruchtbarkeit im gleichen Zeitraum, von tierärztlichen Diagnosen und geburtsnahen Beobachtungen)
- Zysten (30 bis 150 Tage nach der Abkalbung, von tierärztlichen Diagnosen)

7.3 Modell

Die ZWS wird mit einem Mehrmerkmals-BLUP-Tiermodell durchgeführt. Das bedeutet, dass die 7 Fruchtbarkeitsmerkmale unter Berücksichtigung der genetischen Beziehungen gemeinsam (multivariat) geschätzt werden.
Folgende Effekte werden im ZWS-Modell berücksichtigt:

- Region-Jahr-Monat
- Laktation-Belegalterklasse (Kalbin) bzw. Kalbealterklasse (Kuh)
- Betrieb
- Betrieb-Jahr (zufällig)
- Besamer-Jahr (für NR)
- Belegstier-Besamungsart (Gefriersperma, Natursprung, Frischsperma, gesext)
- Datentyp (nur Diagnosen, Diagnosen+Beobachtungen, nur Beobachtungen) –Erfassungsart (LKV, elektron., …)-Jahr (nur fFRU und Zyst)
- permanente Umwelt Kuh
- genetischer Effekt Kalbin/Kuh

In die ZWS gehen die Nachgeburtsverhaltungen aus Beobachtungen als Ergänzung der Diagnosen für frühe Fruchtbarkeitsstörungen ein. Der Einbeziehung der Beobachtungen wird durch einen zusätzlichen fixen Effekt im ZWS-Modell Rechnung getragen. Dieser Datentyp wird dabei in drei Kategorien eingeteilt: Betrieb mit ausschließlich Diagnosedaten, Betrieb mit ausschließlich geburtsnahen Beobachtungen und Betrieb mit Diagnosen und Beobachtungen im jeweiligen Jahr. Mit dem Effekt Erfassungsart wird die Art der überwiegenden Erhebungsmethode am Betrieb (elektronisch oder vom Kontrollorgan) berücksichtigt. Werden mehr als die Hälfte der Diagnosen auf einem Betrieb pro Jahr vom Kontrollorgan erfasst, geht das Kontrollorgan direkt in die ZWS ein. Kontrollorgane mit weniger als 5 Betrieben werden in einer Klasse zusammengefasst. Kommt der überwiegende Teil der Diagnosen elektronisch vom Tierarzt, so werden diese in eine Klasse zusammengefasst, nur bei Betrieben über 20 Kühen wird noch zwischen 50-75% und über 75% elektronisch unterschieden.

7.4 Genetische Parameter

Tab. 1: Genetische Parameter für Fleckvieh und weitere Rassen (Heritabilitäten auf Diagonale, genetische Korrelationen oberhalb Diagonale):

	$NR56_{Kal}$	**$NR56_{Kuh}$**	**Rast**	**$Verz_{Kal}$**	**$Verz_{Kuh}$**	**fFRU**	**Zyst**
$NR56_{Kalbin}$	**1,7**	0,58	0,41	-0,53	-0,34	-0,13	-0,05
$NR56_{Kuh}$		**1,1**	0,37	-0,27	-0,65	-0,30	-0,24
Rastzeit			**4,7**	0,03	0,33	0,29	0,44
$Verz_{Kalbin}$				**1,8**	0,50	0,12	0,09
$Verz_{Kuh}$					**2,3**	0,46	0,60
fFRU						**2,1**	0,43
Zyst							**2,1**

Tab. 2: Genetische Parameter für Brown Swiss (Heritabilitäten auf Diagonale, genetische Korrelationen oberhalb Diagonale):

	$NR56_{Kal}$	$NR56_{Kuh}$	Rast	$Verz_{Kal}$	$Verz_{Kuh}$	fFRU	Zyst
$NR56_{Kalbin}$	**2,0**	0,54	0,15	-0,40	-0,17	-0,23	-0,15
$NR56_{Kuh}$		**1,2**	0,33	-0,38	-0,61	-0,14	-0,37
Rastzeit			**5,0**	0,14	0,37	0,28	0,32
$Verz_{Kalbin}$				**1,4**	0,64	0,26	0,21
$Verz_{Kuh}$					**2,7**	0,33	0,63
fFRU						**2,2**	0,57
Zyst							**1,0**

7.5 Darstellung der Zuchtwerte

Töchterfruchtbarkeit:
Das Ergebnis der ZWS sind 7 Einzelzuchtwerte für die Töchterfruchtbarkeit. Diese werden zum **Fruchtbarkeitswert (FRW)** zusammengefasst (Tab. 3), der auch in den GZW eingeht.

Tabelle 3: Gewichtung der Merkmale zur Berechnung des Fruchtbarkeitswertes FRW.

	Fleckvieh	Brown Swiss	PI, GV, VW	Gelbvieh
NR56 Kalbin	6,6	6,4	10	10
NR56 Kuh	19,9	19,1	25	35
Rastzeit	0	0	0	0
Verzögerungszeit Kalbin	6,6	6,6	10	10
Verzögerungszeit Kuh	19,9	19,1	25	35
Frühe Fruchtbarkeitsstörungen	33,0	34,0	20	10
Zysten	14,0	15,0	10	0

Die Zuchtwerte werden wie gewohnt als Relativzuchtwerte auf einen Mittelwert von 100 und eine genetische Standardabweichung von 12 Punkten standardisiert. Zu beachten ist, dass Werte über 100 züchterisch positiv zu sehen sind. Das bedeutet, dass die Skala bei Rastzeit, Verzögerungszeit, frühe Fruchtbarkeitsstörungen und Zysten gedreht wird. Die Zuchtwerte geben Auskunft über die Fruchtbarkeit der Töchter eines Stieres.
Die Fruchtbarkeitszuchtwerte von Stieren werden ab einer Sicherheit von 30% veröffentlicht. Die Kuh-Zuchtwerte gehen in die Berechnung des Gesamtzuchtwertes ein.

Stierfruchtbarkeit:
Für die Stierfruchtbarkeit wird **kein Zuchtwert** geschätzt, weil die Heritabilität nahe 0 liegt und somit keine ZWS rechtfertigt. Stattdessen wird der um alle sonstigen Effekte im ZWS-Modell korrigierte fixe Belegstier-Effekt für NR56 für Gefriersperma veröffentlicht, sofern dieser auf mindestens 200 (Fleckvieh, Brown Swiss) bzw. 100 (alle anderen Rassen) Daten beruht. Dieser Wert für die Stierfruchtbarkeit (**Befruchtungswert Bef**) wird als ganzzahlige Prozentabweichung für NR56 veröffentlicht. Bef wird nur veröffentlicht, wenn in den letzten 5 Jahren die Mindestanzahl an Beobachtungen vorliegt.

Der **genetische Trend** ist in den Abbildungen 1 (Fleckvieh) und 2 (Brown Swiss) dargestellt. Die Fruchtbarkeitsentwicklung war längere Zeit leicht negativ, hat sich inzwischen allerdings stabilisiert und ist leicht ins Positive gedreht.

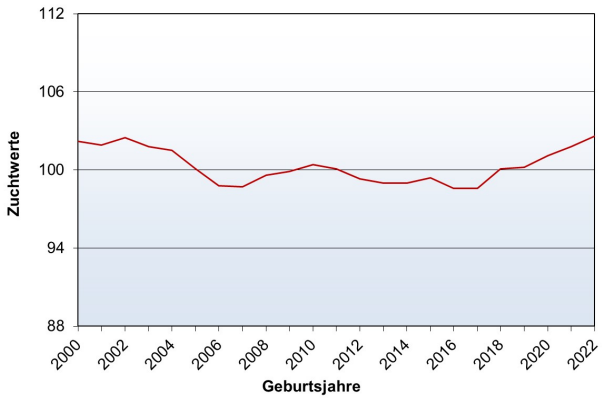


Abb. 1: Genetischer Trend für die Fruchtbarkeit (FRW) von Fleckviehkühen.

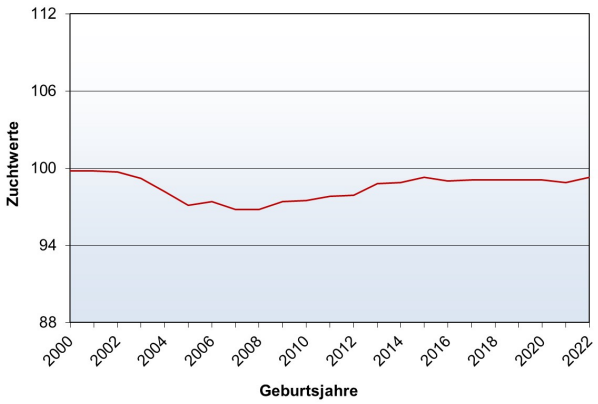


Abb. 2: Genetischer Trend für die Fruchtbarkeit (FRW) von Brown Swiss-Kühen.

7.6 Interpretation der Zuchtwerte

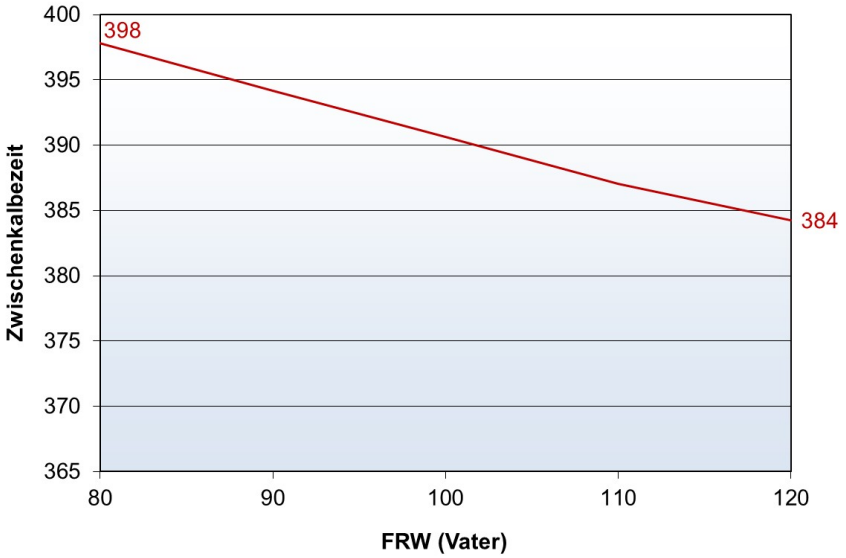


Abbildung 3: Zusammenhang zwischen Fruchtbarkeitswert (FRW) und Zwischenkalbezeit (Fleckvieh).

8. Zuchtwertschätzung Kalbeverlauf

8.1 Allgemeines

Die Zuchtwertschätzung für Kalbeverlauf und Totgeburtenrate existiert in Deutschland seit 1994 und in Österreich seit 1995 bzw. 1998 (Totgeburtenrate). Seit 2016 erfolgt die ZWS für Kalbeverlauf bei den Rassen Fleckvieh und Brown Swiss mit dem Hilfsmerkmal Trächtigkeitsdauer, seit 2021 auch bei den anderen Rassen. Die Totgeburtenrate wird seither mit den Aufzuchtverlusten mitgeschätzt (Kapitel 9). Seit 2017 sind tschechische und seit 2024 ungarische Daten beim Fleckvieh inkludiert.
Die Zuchtwertschätzung wird von der ZuchtData GmbH in Wien, die Holstein-Zuchtwertschätzung vom VIT Verden durchgeführt.

8.2 Daten

In die Zuchtwertschätzung für Kalbeverlauf gehen alle Abkalbungen seit 1. 1. 2000 ein.

Als Merkmal für Kalbeverlauf bzw. Leichtkalbigkeit wird in Österreich die 5-stufige Einteilung der Rinderzucht Austria verwendet:

- Leichtgeburt (keine Geburtshilfe erforderlich)
- Normalgeburt (Geburtshilfe von einer Person erforderlich)
- Schwergeburt (Geburtshilfe von mehr als einer Person oder mechanischer Geburtshelfer erforderlich)
- Kaiserschnitt
- Embryotomie (Zerstückeln des Kalbes)

Für die Zuchtwertschätzung werden Kaiserschnitt und Embryotomie zusammengefasst. Je nach Häufigkeit der einzelnen Klassen wird jeder dieser Klassen der Durchschnittswert einer normalverteilten Zufallsvariable zugeordnet. Die Transformation erfolgt dabei innerhalb Region-Jahr. In der folgenden Tabelle ist die prozentuelle Verteilung der Kalbeverlaufscodes bei den österreichischen Rinderpopulationen zu finden.

Tabelle 1: Prozentuelle Verteilung der Kalbeverlaufscodes und Totgeburtenrate bzw. Verendet innerhalb 48 Stunden in Österreich 2024.

	FL	BV	HF	PI	GR	alle
1 – leicht	67,8	63,6	67,6	60,0	41,6	**67,1**
2 – normal	30,9	34,2	31,2	37,3	56,2	**31,5**
3 – schwer	1,3	2,1	1,1	2,6	2,2	**1,4**
4 – Kaiserschnitt	0,04	0,09	0,03	0,03	0,05	**0,04**
5 – Embryotomie	0,01	0,02	0,01	0,06	0,00	**0,01**
Tot+verendet innerhalb 48h	2,8	4,0	4,8	4,0	3,2	**2,9**

Es ist bekannt, dass eine längere **Trächtigkeitsdauer** zu größeren Kälbern führt und damit auch zu mehr Geburtsproblemen. Pro 10 Tagen längerer Trächtigkeitsdauer steigt die Schwergeburtenrate um ca. 2-3%. Ein Vorteil des Merkmals liegt auch in der Verfügbarkeit ohne Zusatzkosten.

8.3 Modell

Für die Zuchtwertschätzung wird das Programmpaket MiX99 von Lidauer et al. (2015) verwendet. In der multivariaten BLUP-Tiermodell-ZWS werden Kalbeverlauf und Trächtigkeitsdauer gemeinsam geschätzt. Außerdem werden die 1. und weitere Abkalbungen als verschiedene Merkmale behandelt.
Einflussfaktoren:
Region-Jahr-Kalbemonat + Geschlecht + Laktation-Kalbealtersklasse + Betrieb + Betrieb-Jahr (zufällig) + permanenter Umwelteffekt der Kuh + genetischer Effekt des Kalbes (paternaler Effekt) + genetischer Effekt der Kuh (maternaler Effekt)

Bei der Wahl des genetischen Modells wurde berücksichtigt, dass bei der Abkalbung verschiedene genetische Effekte von Bedeutung sind. Dies wird durch eine Trennung in eine direkte (paternale) und eine maternale Komponente erreicht. Durch diese Trennung in zwei genetische Effekte wird bei der Zuchtwertschätzung der direkte Kalbeverlauf eines Stieres simultan mit dem maternalen Zuchtwert der besamten Kühe berücksichtigt. Dies entspricht der Berücksichtigung des Anpaarungsniveaus in der Zuchtwertschätzung für Milchleistungsmerkmale und hat sehr große Bedeutung bei den sogenannten Leichtkalbsstieren (Kalbinnenstieren), da diese üblicherweise auch auf die Problemkühe bei weiteren Kalbungen eingesetzt werden. Durch diese simultane Berücksichtigung des maternalen Zuchtwertes sollte der paternale Zuchtwert nach der Empfehlung als Kalbinnenstier nicht schlechter werden, während sich die Schwergeburtenrate meist erhöht.
Der Kalbeverlauf wird von der **Laktationsnummer** der Kuh und dem Geschlecht des Kalbes sehr stark beeinflusst. Wie die Abbildung 1 zeigt, sind die weiteren Abkalbungen deutlich leichter als die Erstlingskalbungen.
Beim **Kalbealter** scheint ein mittlerer Bereich am besten zu sein. Bei sehr niedrigem und höherem Kalbealter gibt es mehr Probleme mit den Abkalbungen.
Der Einfluss des **Geschlechtes** des Kalbes auf den Kalbeverlauf ist ebenfalls sehr stark (siehe Abbildung 2). Männliche Kälber führen zu deutlich schwierigeren Kalbungen als weibliche Kälber. Bei der ersten Kalbung ist dabei die Differenz noch größer als bei den weiteren Kalbungen. Im Vergleich zu diesen beiden Einflussfaktoren übt das **Kalbemonat** nur einen geringen Einfluss auf den Kalbeverlauf aus.

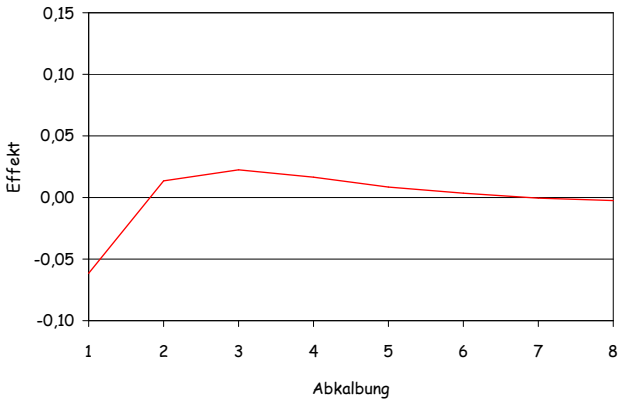


Abb. 1: Effekt der Laktationsnummer (Fleckvieh).

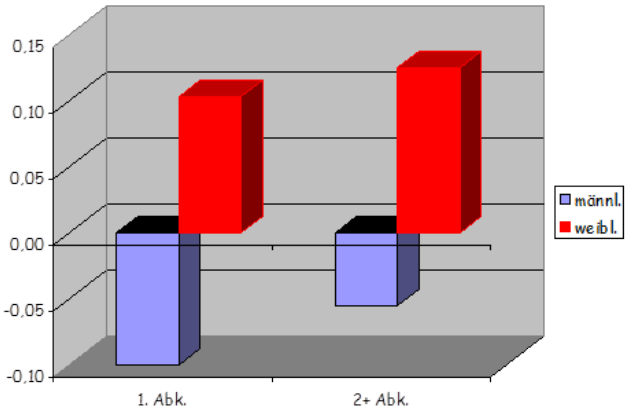


Abb. 2: Effekt des Geschlechts (Fleckvieh)

8.4 Genetische Parameter

Tabelle 2: Genetische Parameter (auf der Diagonale Heritabilitäten, über der Diagonale genet. Korrelationen) für das Fleckvieh.

	KVL1p	KVL2p	TKDp	KVL1m	KVL2m	TKDm
KVL1p	**4,5**	0,75	0,41	-0,03	-0,31	-0,29
KVL2p		**3,9**	0,45	-0,20	-0,35	-0,11
TKDp			**56,8**	0,01	-0,15	-0,29
KVL1m				**8,5**	0,90	0,27
KVL2m					**3,9**	0,45
TKDm						**7,3**

Tabelle 3: Genetische Parameter (auf der Diagonale Heritabilitäten, über der Diagonale genet. Korrelationen) für Brown Swiss.

	KVL1p	KVL2p	TKDp	KVL1m	KVL2m	TKDm
KVL1p	**4,0**	0,73	0,36	-0,12	-0,40	-0,24
KVL2p		**3,2**	0,43	-0,26	-0,41	-0,08
TKDp			**56,6**	-0,07	-0,21	-0,24
KVL1m				**5,7**	0,86	0,26
KVL2m					**2,8**	0,43
TKDm						**6,9**

8.5 Darstellung der Zuchtwerte

Die beiden Zuchtwerte für die 1. Abkalbung bzw. die weiteren Abkalbungen werden bei den Rassen Fleckvieh und Brown Swiss im Verhältnis 75 zu 25% gewichtet, bei den anderen Rassen 50 : 50%. Die daraus resultierenden Zuchtwerte werden wie gewohnt als Relativzuchtwerte mit einem Mittel von 100 und einer wahren genetischen Streuung von 12 Punkten veröffentlicht. Die Basispopulation ist wie bei den anderen Merkmalen definiert. Die Zuchtwerte für Trächtigkeitsdauer werden nicht veröffentlicht.
Die Sicherheit wird approximativ berechnet. Die Zuchtwerte von Stieren werden ab einer Mindestsicherheit von 30% veröffentlicht. Die Kuh-Zuchtwerte gehen in die Berechnung des Gesamtzuchtwertes ein.
Die **genetischen Trends** sind überwiegend stabil bzw. leicht steigend (siehe Abbildungen 3 und 4).

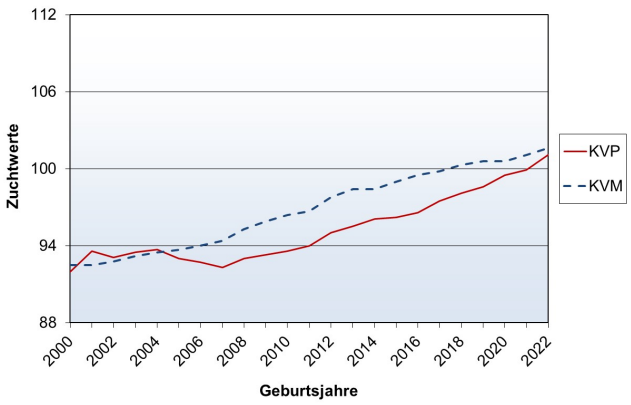


Abb. 3: Genetischer Trend für Kalbeverlauf von Fleckviehkühen.

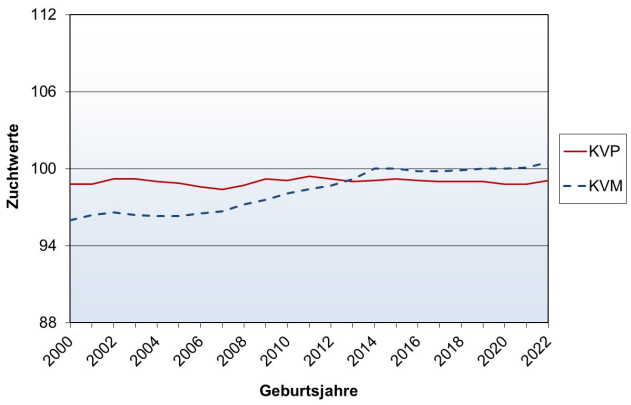


Abb. 4: Genetischer Trend für Kalbeverlauf von Brown Swiss-Kühen.

8.6 Interpretation der Zuchtwerte

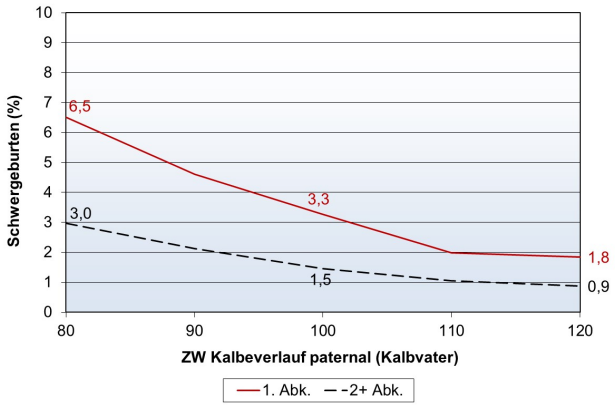


Abb. 5: Zusammenhang zw. ZW paternaler Kalbeverlauf und pat. Schwergeburtenrate beim Fleckvieh.

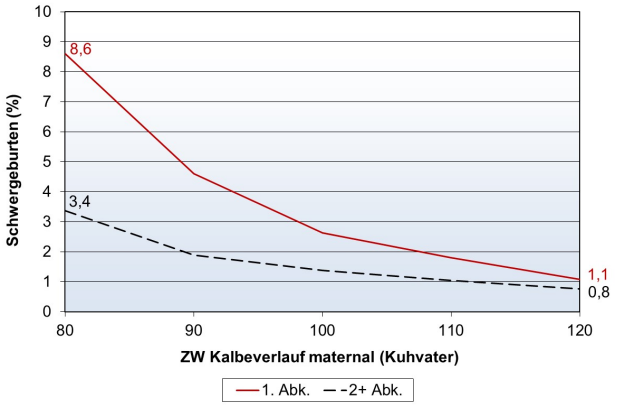


Abb. 6: Zusammenhang zw. ZW maternaler Kalbeverlauf und mat. Schwergeburtenrate beim Fleckvieh.

9. Zuchtwertschätzung Aufzuchtverluste

9.1 Allgemeines

In der ZWS wird im Fitnessbereich bereits eine sehr breite Palette an Merkmalen angeboten, der Zeitraum der gesamten Aufzuchtphase wurde in der ZWS aber bisher völlig vernachlässigt. Es geht dabei um die Zeit zwischen dem 3. Tag nach der Geburt und der Belegung bzw. Abkalbung. Kälberverluste in der Aufzuchtphase sind zwar etwas seltener als Totgeburten bzw. Verendungen bis zum 2. Tag, wirken sich allerdings wirtschaftlich umso negativer aus je später im Leben der Abgang passiert. Tierschutzaspekte dürfen hier ebenfalls nicht außer Acht gelassen werden.
Basierend auf Vorarbeiten von Fuerst-Waltl und Sorensen (2010) und Fuerst-Waltl und Fuerst (2010, 2012) wurde 2016 eine Routine-ZWS für Aufzuchtverluste für die Rassen Fleckvieh und Brown Swiss eingeführt. Seit 2017 gehen auch tschechische und seit 2024 auch ungarische Fleckvieh-Daten in die ZWS ein. Seit dem Jahr 2021 wird die ZWS Aufzuchtverluste für alle Rassen durchgeführt.
Die Zuchtwertschätzung wird von der ZuchtData GmbH in Wien durchgeführt.

9.2 Daten

Datengrundlage für die ZWS sind Verendungsmeldungen aus der Tierkennzeichnung (HIT, AMA) seit dem Jahr 2000 inkl. der Totgeburtenmeldungen. Es wird hier nur unterschieden, ob ein Kalb in einem bestimmten Zeitabschnitt verendet ist oder nicht. Die Verendungsursache ist in der Regel nicht bekannt und kann daher nicht berücksichtigt werden. Geschlachtete oder exportierte Tiere werden für diesen und nachfolgende Abschnitte auf fehlend gesetzt.
Folgende Abschnitte werden definiert:

- Tot geboren oder verendet bis 2. Tag (=Totgeburtenrate)
- Aufzuchtphase 1: 3. bis 30. Tag (männlich und weiblich)
- Aufzuchtphase 2: 31. Tag bis 10 Monate (männlich)
- Aufzuchtphase 3: 31. Tag bis 15 Monate (weiblich)

Die Totgeburtenrate wird als Ja/Nein-Merkmal in der ZWS verwendet, wobei auch die Todesfälle bis 48 Stunden nach der Geburt mitgezählt werden. Aus tierärztlicher Sicht kann eine Infektion nach der Geburt nicht so schnell zum Tod des Kalbes führen.
In Österreich werden fehlende Totgeburten- bzw. Verendungsmeldungen aufgrund der Daten aus der Tierkennzeichnung korrigiert. Dabei werden Tiere, die innerhalb von 2 Tagen nach der Geburt einen Systemaustritt hatten, auf verendet gesetzt.

In Abbildung 1 ist zu sehen, dass von allen in der Aufzuchtphase verendeten Kälbern und Jungrindern mit Abstand die meisten Verendungen im ersten Lebensmonat passieren, danach gehen die Verendungen deutlich zurück.

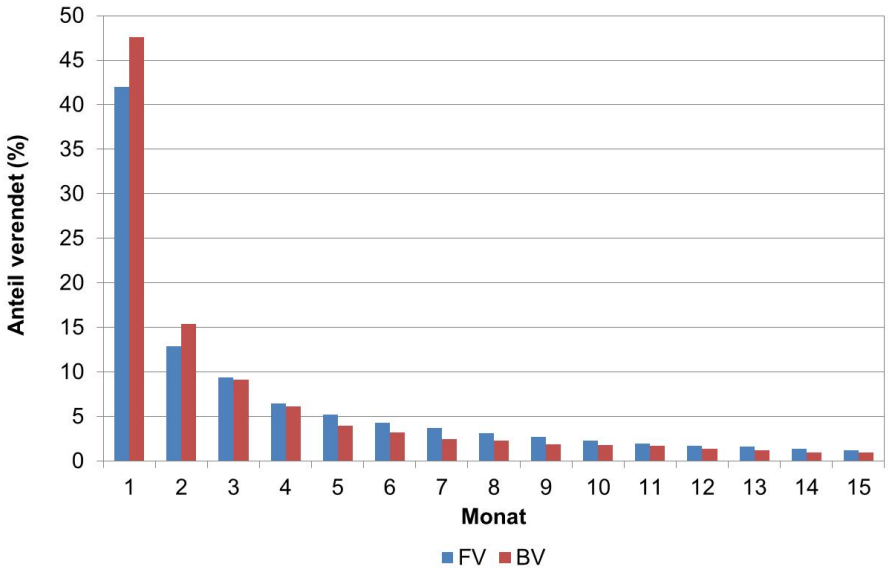


Abb. 1: Altersverteilung der Verendungen ab dem 3. Tag von allen verendeten Kälbern (Beispiel Österreich).

9.3 Modell

Die ZWS Aufzuchtverluste wird als multivariates BLUP-Tiermodell mit dem Programm MiX99 (Lidauer et al., 2015) durchgeführt.
Folgende Effekte werden im ZWS-Modell berücksichtigt:

- Region-Jahr-Monat
- wievielte Abkalbung (1., 2+)
- Geschlecht (TOT und AUF1)
- Betriebswechsel in ersten 60 Tagen (AUF2 und AUF3)
- Betrieb-Kalbejahr
- Permanente Umwelt der Mutter (zufällig, nur TOT)
- Genetischer Effekt der Mutter (nur TOT)
- Genetischer Effekt des Kalbes

9.4 Genetische Parameter

Tabelle 1: Genetische Parameter (auf der Diagonale Heritabilitäten, über der Diagonale genet. Korrelationen) für das Fleckvieh und weitere Rassen.

	TOTp	AUF1	AUF2	AUF3	TOTm
TOTp	**1,2**	0,47	0,31	0,31	-0,01
AUF1		**1,1**	0,47	0,53	0,23
AUF2			**2,2**	0,48	0,14
AUF3				**1,6**	0,35
TOTm					**1,1**

Tabelle 2: Genetische Parameter (auf der Diagonale Heritabilitäten, über der Diagonale genet. Korrelationen) für Brown Swiss.

	TOTp	AUF1	AUF2	AUF3	TOTm
TOTp	**1,3**	0,57	0,42	0,47	-0,35
AUF1		**2,0**	0,30	0,61	-0,10
AUF2			**2,8**	0,44	-0,03
AUF3				**2,8**	-0,15
TOTm					**1,0**

9.5 Darstellung der Zuchtwerte

Aus den einzelnen Zuchtwerten wird entsprechend der wirtschaftlichen Bedeutung (Tabelle 3) der sogenannte **Vitalitätswert (VIW)** errechnet.

Tabelle 3: Gewichtung der Merkmale zur Berechnung des Vitalitätswerts VIW (%).

	Fleckvieh, Grauvieh, Gelbvieh	Brown Swiss	Pinzgauer, Vorderwälder
Totgeburten (paternal)	52	46	50
Aufzucht 1	24	27	25
Aufzucht 2 (M)	12	0	0
Aufzucht 3 (W)	12	27	25

Die Zuchtwerte werden wie gewohnt als Relativ-Zuchtwerte mit einem Mittelwert von 100 und einer genetischen Standardabweichung von 12 berechnet, wobei Werte über 100 wünschenswert sind. Die Sicherheiten werden mit dem Programm ApaX (Stranden, 2015) nach der Methode von Jamrozik et al. (2000) geschätzt. Es wird nur der VIW, aber nicht die Einzelzuchtwerte veröffentlicht.

Die **genetischen Trends** sind überwiegend stabil bzw. leicht positiv (siehe Abbildungen 2 und 3).

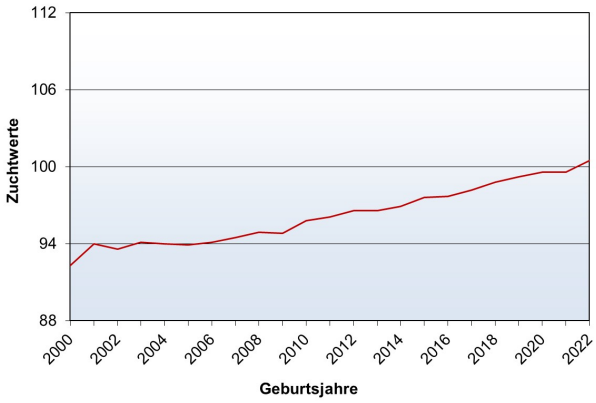


Abb. 2: Genetischer Trend für den Vitalitätswert von Fleckviehkühen.

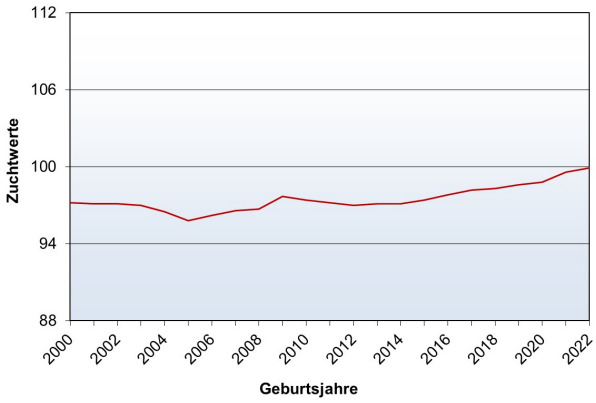


Abb. 3: Genetischer Trend für den Vitalitätswert von Brown Swiss-Kühen.

9.6 Interpretation der Zuchtwerte

Abbildung 4 zeigt, dass bei den schlechtesten Stieren mehr als doppelt so viele Kälber wie bei den besten verenden.

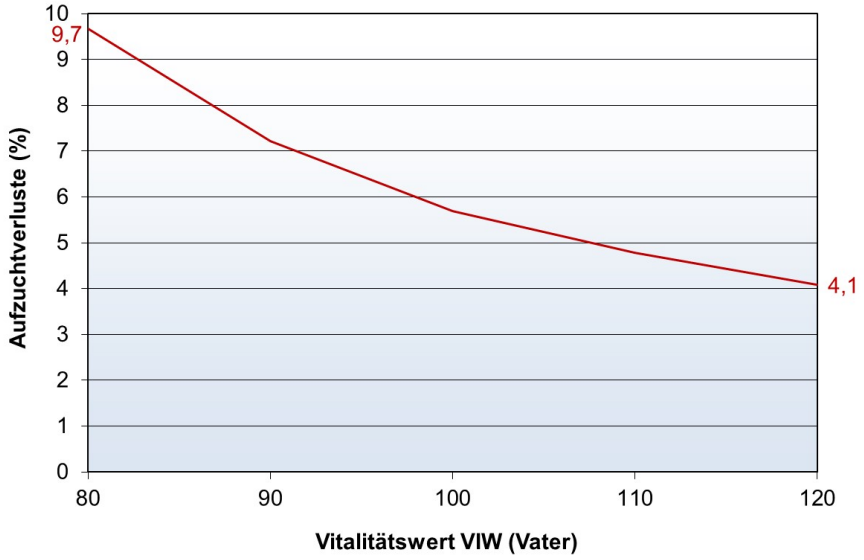


Abb. 4: Zusammenhang zw. Vitalitätswert und Aufzuchtverlusten beim Fleckvieh.

10. Zuchtwertschätzung Zellzahl und Melkbarkeit[1]

10.1 Allgemeines

Wie für alle anderen Merkmale so gibt es auch für die Merkmale Zellzahl und Melkbarkeit eine länderübergreifende Zuchtwertschätzung mit einem Mehrmerkmalsmodell in Österreich und Deutschland. Sie wurde im August 2002 eingeführt und später auf Tschechien und die Slowakei erweitert.
Die Holstein-Zuchtwertschätzung für Zellzahl und Melkbarkeit wird vom VIT Verden für beide Merkmale separat durchgeführt.

10.2 Daten

Zellzahl:
In der Zuchtwertschätzung werden die seit 1990 angefallenen Zellzahlergebnisse vom 8. bis zum 312. Laktationstag der Laktationen 1 bis 3 berücksichtigt. Die Verteilung der Zellzahlen in der Praxis – mit den meisten Werten im niedrigen bis mittleren Bereich und relativ wenigen extrem hohen Werten – entspricht nicht einer Normalverteilung, wie sie bei der Zuchtwertschätzung angenommen wird. Um die gewünschte Form der Verteilung zumindest näherungsweise zu erreichen, erfolgt vor der Zuchtwertschätzung eine logarithmische Transformation der Zellzahlen zum **Linear Somatic Cell Score (SCS)**: SCS = log2 (Zellzahl /100,000) + 3. Eine Zellzahl von 25,000 entspricht einem SCS von 1, eine Zellzahl von 50,000 einem SCS von 2, eine Zellzahl von 100,000 einem SCS von 3, usw.

Melkbarkeit:
Die Melkbarkeitsergebnisse stammen aus verschiedenen Formen der Leistungsprüfung. In Österreich, Baden-Württemberg und Hessen wird die Melkbarkeitsprüfung nach der Stoppuhr-Methode (Einfachprüfung) durchgeführt. Es wird das durchschnittliche Minutengemelk (DMG) erhoben. In Bayern gibt es keine gesonderte Melkbarkeitsprüfung, sondern es werden die im Rahmen der Milchleistungsprüfung mit dem LactoCorder erhobenen Ergebnisse verwendet. Hier wird das DMG aus den Parametern Milchmenge aus Haupt- und Nachgemelk und Dauer des Haupt- und Nachgemelks berechnet. Die Blindmelkzeit geht also nicht in die Berechnung des LactoCorder-DMG ein, da auch bei der DMG-Prüfung mit der Stoppuhr kaum Blindmelken auftreten dürfte. Wie Untersuchungen gezeigt haben, handelt es sich bei den DMGs aus den verschiedenen Ländern trotz vergleichbarer Definition um genetisch unterschiedliche Merkmale, so dass sie in der Zuchtwertschätzung als zwei verschiedene Merkmale berücksichtigt werden müssen (DMG AUT/BW bzw. DMG BY). Um eine Normalverteilung zu erreichen, werden beide Merkmale durch das Ziehen der Quadratwurzel transformiert.
In die Zuchtwertschätzung gehen Melkbarkeitsergebnisse vom 8. bis zum 275. Tag der ersten Laktation ein. Für DMG AUT/BW liegen seit 1990 Ergebnisse vor, für DMG BY seit 1998. Voraussetzung ist wie bei der Zellzahl, dass die Tiere auch Milchleistungsergebnisse aufweisen.
Bei Brown Swiss in Vorarlberg wird im Rahmen der linearen Nachzuchtbeschreibung der Milchfluss durch Befragung der Bauern erhoben. Seit 2006 werden die Melkbarkeits-Befragungsergebnisse in der ZWS verwendet.

[1] Quellenhinweis: Dieses Kapitel stammt großteils von Dr. Jörg Dodenhoff, LfL Grub.

10.3 Modell

Die Zuchtwertschätzung wird für die einzelnen Rassen getrennt mit einem Mehrmerkmals-Testtags-Tiermodell (Fixed Regression) durchgeführt. Bei den Merkmalen handelt es sich um den SCS aus den drei Laktationen sowie um die beiden Melkbarkeitsmerkmale DMG AUT/BW und DMG BY. Es werden zwei verschiedene statistische Modelle angewendet, da für DMG AUT/BW keine wiederholten Beobachtungen vorliegen. Die in diesen Modellen berücksichtigten Effekte sind in Tabelle 1 dargestellt. Für SCS erfolgt die Schätzung des Herdentesttags-Effektes über Laktationen hinweg. Für DMG BY werden jeweils zwei Herdentesttage zusammengefasst. Für DMG AUT/BW variiert die Bildung der Betrieb*Kalbejahr-Klassen zwischen den Rassen in Abhängigkeit von der Anzahl der vorliegenden Beobachtungen. Der Effekt der Melkzeit im Modell für DMG BY bezieht sich darauf, ob es sich bei der Beobachtung um ein Morgen- oder ein Abendgemelk handelt (in Abhängigkeit von der Prüfmethode können zwei Beobachtungen pro Herdentesttag vorliegen).
Die Schätzung der Zuchtwerte wie auch die Approximation der Sicherheiten der geschätzten Zuchtwerte erfolgt mit dem Programmpaket MiX99.

Tabelle 1: In den statistischen Modellen berücksichtigte Effekte

	Zellzahl	**DMG AUT/BW**	**DMG BY**	**Milch-fluss**
Fixe Effekte				
Herdentesttag	X		X	
Betrieb*Kalbejahr		X		X
Bewerter				X
Melkzeit			X	
Region*Kalbejahr*Kalbesaison*Kalbealter	X	X	X	X
Abstand zum Kalben	X	X	X	X
Kalbealter	X	X	X	X
Zufällige Effekte				
Tier (Zuchtwert)	X	X	X	X
Permanenter Umwelteffekt der Kuh	X		X	
Resteffekt	X	X	X	X

10.4 Genetische Parameter

Tabelle 2: Heritabilitäten und genetische Korrelationen für die Merkmale Zellzahl (SCS), Melkbarkeit (DMG) und Milchfluss.

	ZZ 1. Lakt.	**ZZ 2. Lakt.**	**ZZ 3. Lakt.**	**DMG AT/BW**	**DMG BY**	**Milchfluss**
ZZ 1. Lakt.	**10%**	0,88	0,83	0,30	0,30	0,30
ZZ 2. Lakt.		**12%**	0,95	0,20	0,20	0,20
ZZ 3. Lakt.			**13%**	0,20	0,20	0,20
DMG AUT/BW				**35%**	0,88	0,80
DMG BY					**28%**	0,80
Milchfluss						**20%**

10.5 Darstellung der Zuchtwerte

10.5.1 Zellzahl - Eutergesundheit

Bei dem für SCS veröffentlichten Zuchtwert handelt es sich um den Durchschnittswert der für die drei Laktationen geschätzten Einzelzuchtwerte. Formell werden die Einzelzuchtwerte im Verhältnis 1:1:1 gewichtet, aber de facto haben die 2. und 3. Laktation ein höheres Gewicht, da in diesen Laktationen die genetische Streuung höher ist. Der Zuchtwert SCS wird als Relativzuchtwert veröffentlicht. Die Bezugsbasis für alle Zuchtwerte wird wie bei den anderen Merkmalen gebildet. Der Relativzuchtwert ist so standardisiert, dass die Basis einen Mittelwert von 100 Punkten hat. Die Streuung der wahren Relativzuchtwerte wird auf 12 Punkte eingestellt.
Die Einbeziehung der Zellzahl in den GZW erfolgt über den **Eutergesundheitswert EGW**. Der EGW errechnet sich aus den Merkmalen Zellzahl und Mastitis mit wirtschaftlichen Gewichten im Verhältnis von 70% : 30%. Zusätzlich werden bei Fleckvieh und Brown Swiss einzelne Euter-exterieurmerkmale als reine Hilfsmerkmale ohne ökonomisches Gewicht berücksichtigt (Tab. 3 und 4). Es sind dies Voreuteraufhängung, Euterboden bzw. Eutertiefe und Strichplatzierung vorne (Fleckvieh) bzw. hinten (Brown Swiss). Der EGW wird mit der Indexmethode berechnet und als zusätzlicher ZW veröffentlicht.

Tab. 3: Genetische Korrelationen zur Berechnung des Eutergesundheitswertes EGW beim Fleckvieh.

	ZZ	Mas	Voreu.aufh.	Eu.boden	Str.platz.
Zellzahl	1,00	0,71	0,28	0,40	0,18
Mastitis		1,00	0,38	0,64	0,28
Voreuteraufh.			1,00	0,62	0,41
Euterboden				1,00	0,34
Strichplatz.vo.					1,00

Tab. 4: Genetische Korrelationen zur Berechnung des Eutergesundheitswertes EGW bei Brown Swiss.

	ZZ	Mas	Voreu.aufh.	Eu.tiefe	Str.platz.hi.
Zellzahl	1,00	0,60	0,24	0,30	0,15
Mastitis		1,00	0,60	0,51	0,16
Voreuteraufh.			1,00	0,65	0,39
Eutertiefe				1,00	0,33
Strichplatz.hi.					1,00

10.5.2 Melkbarkeit

Bei der Melkbarkeit werden die beiden geschätzten Einzelzuchtwerte nicht kombiniert, sondern es wird der Zuchtwert für DMG AUT/BW als Relativzuchtwert veröffentlicht. Auch dieser Relativzuchtwert ist so wie oben beschrieben standardisiert.

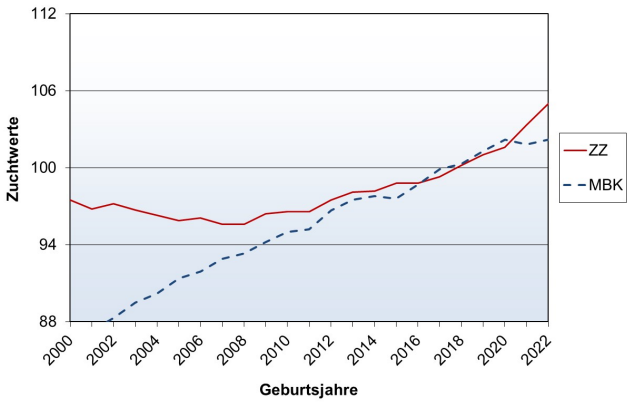


Abb. 1: Genetischer Trend für Zellzahl und Melkbarkeit von Fleckviehkühen.

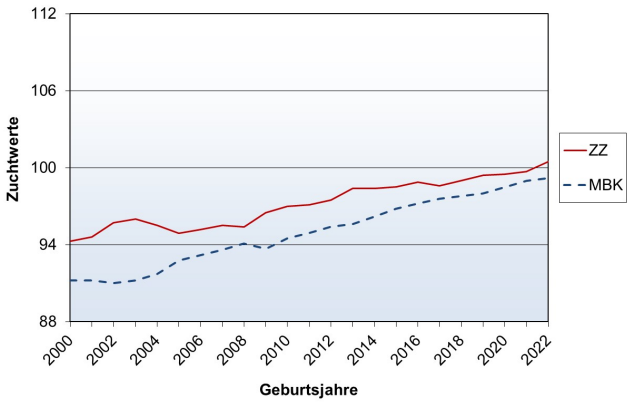


Abb. 2: Genetischer Trend für Zellzahl und Melkbarkeit von Brown Swiss-Kühen.

10.6 Interpretation der Zuchtwerte

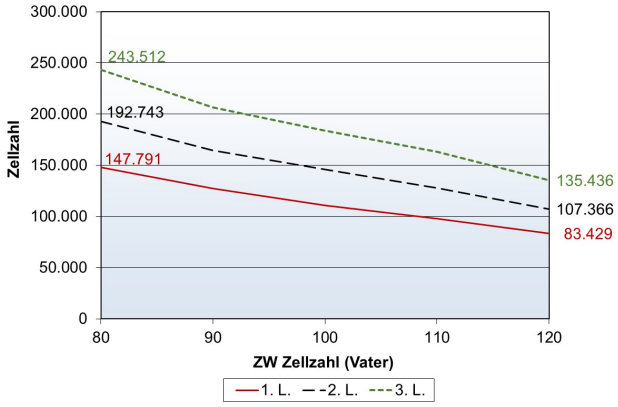


Abb. 3: Zusammenhang zw. ZW Zellzahl des Vaters und Zellzahl der Töchter beim Fleckvieh.

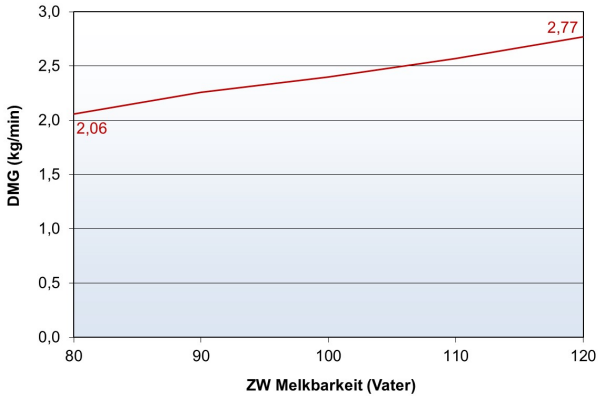


Abb. 4: Zusammenhang zw. ZW Melkbarkeit des Vaters und DMG der Töchter beim Fleckvieh.

11. Zuchtwertschätzung Melkverhalten[1]

11.1 Allgemeines

Dem Tierverhalten und besonders dem Melkverhalten (MVH) einer Kuh wird in der Praxis große Bedeutung zugemessen. Neben dem Aspekt der Unfallverhütung beeinträchtigen nervöse, teilweise auch aggressive Tiere den Betriebsablauf und den Melkvorgang in nicht unerheblichem Maße.
Zwar gab es schon seit einigen Jahren eine genomische Two-Step-Zuchtwertschätzung für das Merkmal, da aber die Vorhersagekraft des Zuchtwerts bei genomischen Jungvererbern für den später vorliegenden töchterbasierten Zuchtwert zu unsicher war, wurde auf die Veröffentlichung von Zuchtwerten verzichtet. Bis zum Jahr 2021 erfolgte auf der Basis des (unveröffentlichten) genomischen Zuchtwerts, nur die Kennzeichnung des Mangels „Nervosität“ im Balkendiagramm Exterieur bei geprüften Bullen mit mindestens 20 Töchtern. Informationen für genomische Jungvererber lagen nicht vor.
Mit der Einführung der Single-Step-ZWS und der rasanten Zunahme von Informationen genotypisierter Kühe hat sich die Situation geändert. Umfangreiche Validierungsstudien zeigen eine ausreichende Sicherheit für die züchterische Nutzung und die Einführung offizieller Zuchtwerte, die erstmals im August 2021 erfolgte. Die Zuchtwertschätzung wird vom LfL Grub durchgeführt.
Die Holstein-Zuchtwertschätzung für Melkverhalten wird vom VIT Verden durchgeführt.

11.2 Daten

Die Erfassung des Melkverhaltens erfolgt in Deutschland und Tschechien im Rahmen der linearen Nachzuchtbeschreibung Exterieur durch Befragung des Melkpersonals. In Österreich wird das Melkverhalten seit 2021 ausschließlich im Zuge der Milchleistungskontrolle durch Befragung des Bauern/der Bäuerin erhoben.
Um eine Vergleichbarkeit der Ergebnisse über Ländergrenzen hinweg zu erreichen, wurden die Ausprägungen der einzelnen Stufen der Skala länderübergreifend einheitlich umgesetzt. Das Melkverhalten wird in die vier Stufen ‚sehr ruhig‘, ‚unauffällig‘, ‚leicht nervös‘ und ‚stark nervös‘ eingeteilt. ‚Unauffälliges Melkverhalten‘ entspricht der normalen Kuh in der Herde, die der Bauer beim Melken und in der Herde als unauffällig bezeichnet oder gar nicht bewusst wahrnimmt.

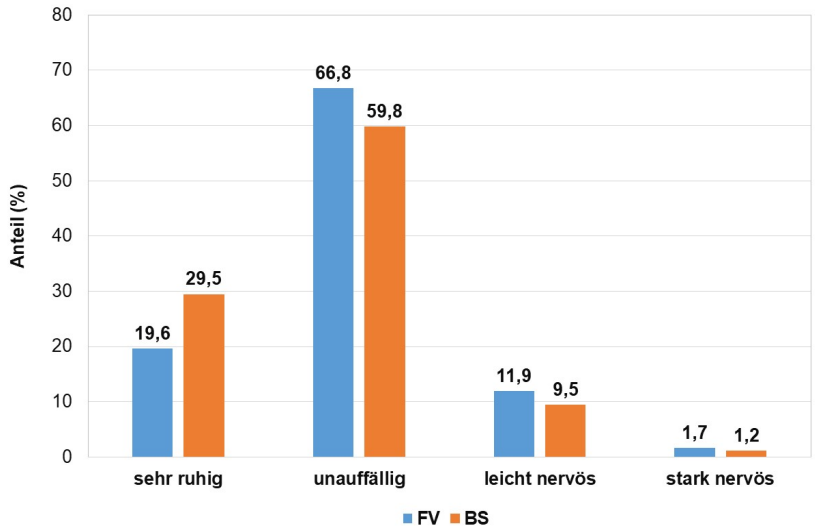


Abb. 1: Verteilung des Melkverhaltens bei Fleckvieh (FV) und Brown Swiss (BS) in Österreich

[1] Quellenhinweis: Dieses Kapitel stammt teilweise von Dr. Dieter Krogmeier und Dr. Eduardo Pimentel, LfL Grub.

11.3 Modell

Um alle vorliegenden Ergebnisse zum Melkverhalten nutzen zu können, erfolgt vor der ZWS eine Umsetzung der Daten auf eine länder- und erfassungsspezifische Skala. Hierdurch wird eine vergleichbare Datenbasis über die verschiedenen Zeiträume und Skalen sowie über die an der Zuchtwertschätzung beteiligten Länder, geschaffen. Dies ermöglicht eine Eingliederung der ZWS Melkverhalten als Einmerkmalsmodell in die Abläufe der ZWS für Exterieurmerkmale. Im Gegensatz zu den übrigen Exterieurmerkmalen, existieren für das Melkverhalten bei Brown Swiss keine internationalen MACE-Zuchtwerte.
Im Modell der Zuchtwertschätzung mit dem Programm MiX99 werden folgende Einflussfaktoren berücksichtigt:

- Beurteiler-Jahr
- Jahr-Saison
- Betrieb bzw. Herdenjahreseffekt (fix)
- Betrieb-Jahr (zufällig)
- Erstkalbealter
- Abstand zur Kalbung
- Abstand vom Melken
- Kalbenummer der Mutter
- genetischer Effekt der Kuh

11.4 Genetische Parameter

Für das MVH wurde bei Fleckvieh eine Heritabilität von 5,3% und bei Brown Swiss von 5,0% geschätzt.

11.5 Darstellung der Zuchtwerte

Die Zuchtwerte werden wie üblich als Relativ-Zuchtwert mit Mittelwert 100 und Streuung 12 veröffentlicht, wobei höhere Zuchtwerte einen höheren Anteil ruhiger und unauffälliger Töchter bedeuten.
Der Zuchtwert Melkverhalten stellt ein weiteres interessantes Hilfsmerkmal dar, allerdings sollte er in erster Linie dazu dienen, extreme Ausreißer nach unten zu identifizieren, aber nicht um ein weiteres zu strenges Selektionskriterium auf Kosten anderer wichtiger Merkmale einzuführen.
Die genetischen Trends für das Melkverhalten sind stabil bis leicht positiv (Abb. 2 und 3).

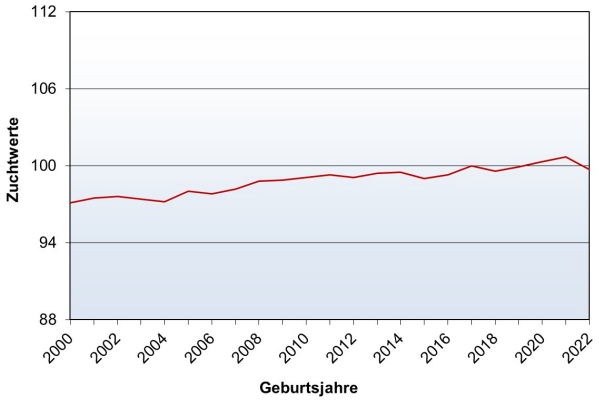


Abb. 2: Genetischer Trend für das Melkverhalten von Fleckviehkühen.

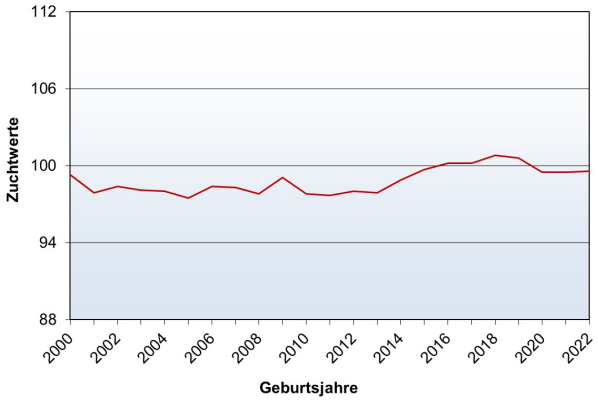


Abb. 3: Genetischer Trend für das Melkverhalten von Brown Swiss-Kühen.

11.6 Interpretation der Zuchtwerte

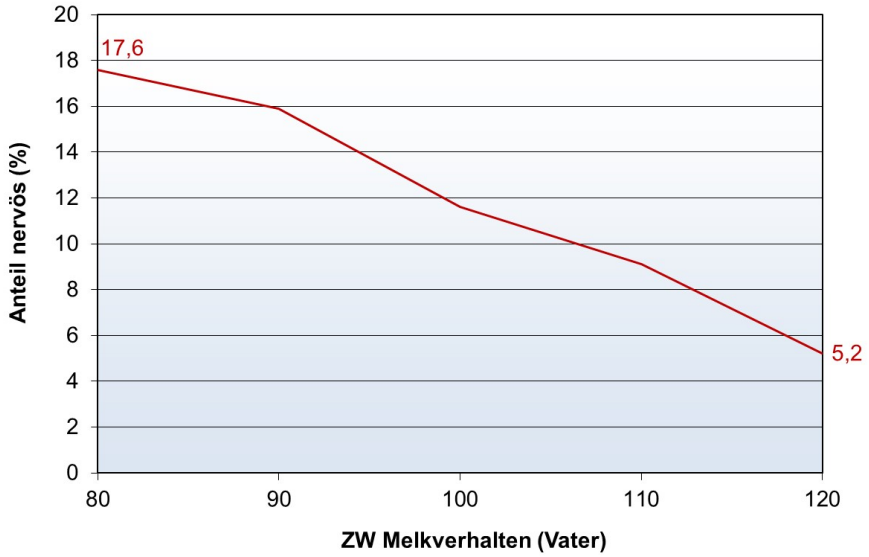


Abb. 4: Zusammenhang zw. ZW Melkverhalten des Vaters und Anteil leicht und stark nervöser Töchter beim Fleckvieh.

12. Zuchtwertschätzung Gesundheitsmerkmale

12.1 Allgemeines

Im Jahr 2009 wurden im Rahmen des Projekts Gesundheitsmonitoring erstmals Zuchtwerte für Gesundheitsmerkmale für Fleckvieh-Stiere geschätzt und von der ZuchtData den österreichischen Zuchtorganisationen und Züchtern zur internen Information zur Verfügung gestellt. Seit 2010 sind die Gesundheitszuchtwerte der Fleckvieh-Stiere offizielle Zuchtwerte in der gemeinsamen ZWS Österreich/Deutschland, Brown Swiss folgte im Jahr 2013, die weiteren Rassen im Jahr 2021.

12.2 Daten

Datengrundlage für die ZWS sind tierärztliche Diagnosen von den Arzneimittelabgabe- und Anwendungsbelegen, die im Rahmen des Gesundheitsmonitorings in Österreich (seit 2006) und in Baden-Württemberg und Bayern erhoben werden und die geburtsnahen Beobachtungen aus Österreich, Bayern und Baden-Württemberg.
Die **tierärztlichen Diagnosen** werden entweder elektronisch direkt vom Tierarzt übermittelt oder im Rahmen der Leistungskontrolle von den Kontrollorganen erfasst. Für die ZWS wird überprüft, ob die Kuh im jeweiligen Zeitraum gesund war oder vom Tierarzt behandelt wurde. Wiederholte tierärztliche Behandlungen werden nicht berücksichtigt.
Mit der Datenvalidierung wird gewährleistet, dass nur Daten von Betrieben in die ZWS eingehen, die aktiv am Gesundheitsmonitoring teilnehmen und die Diagnosen weitgehend vollständig vorliegen. Bevor die Diagnosedaten in der Datenbank (Rinderdatenverbund) gespeichert werden, wird eine Plausibilitätsprüfung durchgeführt. Weiters werden verschiedene Datenüberprüfungen durchgeführt, um Betriebe mit unvollständiger Erfassung von Betrieben mit niedriger Frequenz zu unterscheiden. Diese Betriebe werden weitgehend ausgeschlossen bzw. nur der Zeitraum einer validen Datenerfassung für die ZWS berücksichtigt. Es liegt in der Verantwortung des Landwirts, dass die Daten zuverlässig und vollständig sind.
Seit 2012 werden in leicht unterschiedlicher Form in Deutschland und Österreich sogenannte ‚**geburtsnahe Beobachtungen**' erfasst. In Österreich werden diese Daten vom Landwirt aufgezeichnet und bei der ersten Leistungskontrolle nach der Abkalbung vom Kontrollorgan erfasst. Dabei handelt es sich um die Merkmale Nachgeburtsverhaltung, Festliegen, Mastitis und Lahmheiten. In Deutschland erfolgt die Erfassung direkt vom Landwirt bei der Geburtsmeldung (HIT). Dabei handelt es sich um die Nachgeburtsverhaltung, das Festliegen und den Nabelbruch. Für die ZWS werden vorerst nur die Merkmale Nachgeburtsverhaltung und Festliegen berücksichtigt. Es werden nur Daten von Betrieben mit möglichst vollständiger Datenerfassung verwendet, so müssen von mindestens der Hälfte der Kalbungen pro Jahr beide Merkmale vorliegen.
Folgende Merkmale gehen in die Zuchtwertschätzung ein:

- **Mastitis:** akute und chronische Mastitis
  -10 bis 150 Tage nach der Abkalbung plus Abgänge wegen Eutererkrankungen im gleichen Zeitraum
- **Milchfieber** (Gebärparese): -10 bis 10 Tage nach der Abkalbung plus Abgänge wegen Stoffwechselerkrankungen im gleichen Zeitraum
- **frühe Fruchtbarkeitsstörungen und Zysten:** siehe ZWS Fruchtbarkeit (Kapitel 7)

Es gehen nur Daten von Kühen in die ZWS ein, die während des Beobachtungszeitraums auf einem validierten Betrieb gestanden sind. Bei den abgegangenen Tieren werden nur Kühe berücksichtigt,

die zumindest die Möglichkeit hatten bei der Mastitis bis zum 150. Tag unter Beobachtung zu sein. D.h. Kühe, die aufgrund anderer Ursachen abgehen (Leistung, Verkauf zur Zucht, usw.), werden nur dann als gesund berücksichtigt, wenn sie nach dem 150. Laktationstag abgegangen sind.

12.3 Modell

Die Zuchtwertschätzung wird mit einem univariaten BLUP-Tiermodell mit dem Programmpaket MiX99 (Lidauer et al., 2015) durchgeführt. Die Sicherheitsberechnung erfolgt mit dem Programm ApaX (Stranden et al., 2001) nach dem Ansatz von Tier und Meyer (2004).
In der ZWS ergänzt das Festliegen aus geburtsnahen Beobachtungen die Milchfieber-Diagnosen. Der Einbeziehung der Beobachtungen wird durch einen zusätzlichen fixen Effekt im ZWS-Modell Rechnung getragen. Dieser Datentyp wird dabei in drei Kategorien eingeteilt: Betrieb mit ausschließlich Diagnosedaten, Betrieb mit ausschließlich geburtsnahen Beobachtungen und Betrieb mit Diagnosen und Beobachtungen im jeweiligen Jahr. Mit dem Effekt Erfassungsart wird die Art der überwiegenden Erhebungsmethode am Betrieb (elektronisch oder vom Kontrollorgan) berücksichtigt. Werden mehr als die Hälfte der Diagnosen auf einem Betrieb pro Jahr vom Kontrollorgan erfasst, geht das Kontrollorgan direkt in die ZWS ein. Kontrollorgane mit weniger als 5 Betrieben werden in einer Klasse zusammengefasst. Kommt der überwiegende Teil der Diagnosen elektronisch vom Tierarzt, so werden diese in eine Klasse zusammengefasst, nur bei Betrieben über 20 Kühen wird noch zwischen 50-75% und über 75% elektronisch unterschieden.

Somit werden folgende Effekte für Mastitis und Milchfieber im ZWS-Modell verwendet:

- Laktation-Kalbealter
- Region-Kalbejahr-Monat
- Datentyp-Datenerfassungsart (LKV, elektron., …)-Jahr
- Betrieb-Kalbejahr (zufällig)
- Permanente Umwelt der Kuh (zufällig)
- Genetischer Effekt der Kuh

Die beiden Merkmale Mastitis und Milchfieber werden jeweils univariat geschätzt. Die beiden Fruchtbarkeitsmerkmale frühe Fruchtbarkeitsstörungen und Zysten sind Teil der Fruchtbarkeits-ZWS und werden multivariat mit den anderen Fruchtbarkeitsmerkmalen geschätzt (siehe Kapitel 7).

12.4 Genetische Parameter

Tabelle 1: Heritabilitäten (%).

	Fleckvieh und weitere Rassen	Brown Swiss
Mastitis	2,0	3,0
Milchfieber	3,6	1,7

12.5 Darstellung der Zuchtwerte

Die Zuchtwerte werden wie gewohnt auf einen Mittelwert von 100 und eine Streuung von 12 Punkten aufgrund der wahren genetischen Standardabweichung eingestellt. Zu beachten ist, dass die Skala gedreht wurde, damit höhere Werte züchterisch wünschenswert sind.
Die Zuchtwerte werden ab einer Sicherheit von 30% ausschließlich für Stiere veröffentlicht. Eine Einbeziehung in FIT und GZW erfolgt über die Indices Fruchtbarkeitswert FRW (siehe Kapitel 7)

und Eutergesundheitswert EGW (siehe Kapitel 10). Das Milchfieber ist vorerst nicht im GZW enthalten.

Der **genetische Trend** (Abb. 1 und 2) kann als weitgehend stabil bis leicht positiv angesehen werden.

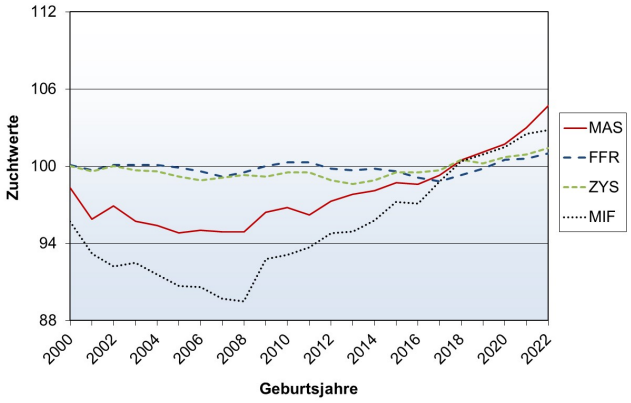


Abb. 1: Genetischer Trend für die Gesundheitsmerkmale von Fleckviehkühen.

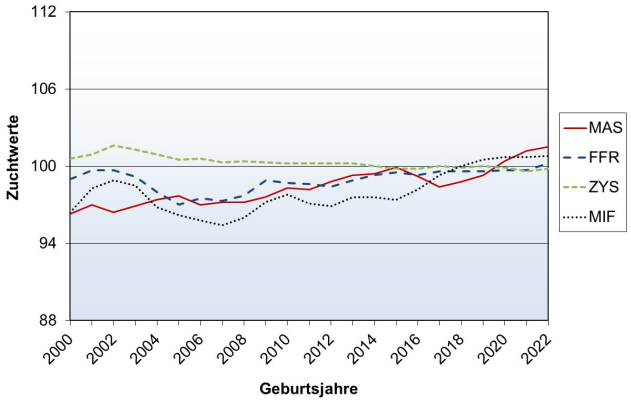


Abb. 2: Genetischer Trend für die Gesundheitsmerkmale von Brown Swiss-Kühen.

12.6 Interpretation der Zuchtwerte

Abbildung 3 zeigt, dass bei den schlechtesten Stieren nach Mastitis-ZW fast 3-mal so viele Eutererkrankungen auftreten als bei den besten Stieren nach Mastitis-ZW.

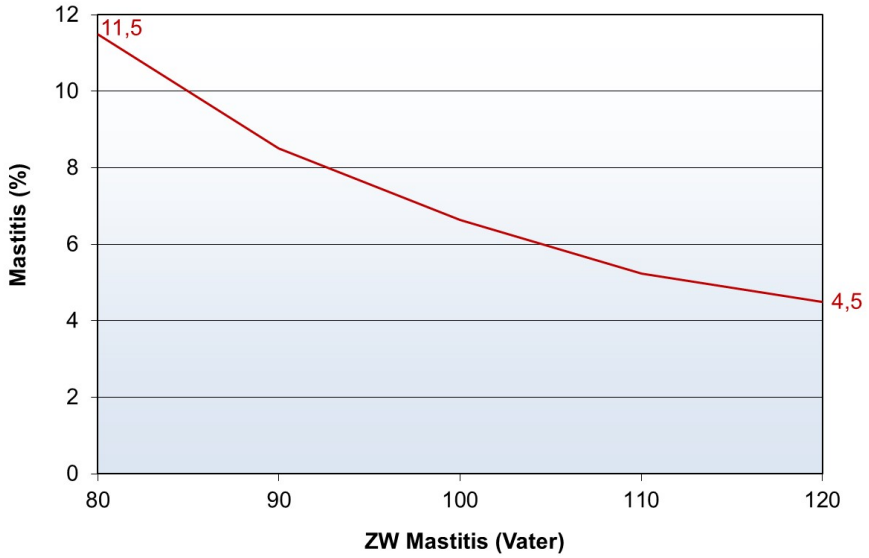


Abb. 3: Zusammenhang zw. Mastitis-ZW und Mastitisinzidenz beim Fleckvieh.

13. Zuchtwertschätzung Klauengesundheit

13.1 Allgemeines

Ohne Zweifel handelt es sich bei der Klauengesundheit hinsichtlich Tierwohl und Wirtschaftlichkeit um einen sehr wichtigen Merkmalskomplex. Klauenerkrankungen sind mit einer verringerten Milchleistung, häufigeren Mastitis- und Stoffwechselerkrankungen und mehr Fruchtbarkeitsstörungen verbunden. Die Behandlung bzw. Betreuung der Tiere bedeutet einen hohen Arbeitsaufwand, sodass erkrankte, lahme Kühe zu deutlich erhöhten Kosten führen. Klauen- und Gliedmaßenerkrankungen sind nach Unfruchtbarkeit und Eutererkrankungen der dritthäufigste Abgangsgrund. Daraus ergibt sich die hohe Wichtigkeit der züchterischen Bearbeitung dieses Merkmalskomplexes.
Die Zuchtwertschätzung Klauengesundheit wurde im Dezember 2023 für die Rassen Fleckvieh und Brown Swiss eingeführt und wird durch die ZuchtData durchgeführt (Holstein: VIT Verden).

13.2 Daten

Die Schwierigkeit bei der Klauengesundheit ist die Verfügbarkeit ausreichender Daten. **Tierärztliche Diagnosen** stehen zwar teilweise schon länger zur Verfügung (in Österreich seit 2006), stellen aber nur die Spitze des Eisbergs dar. In den letzten Jahren wurden viele Daten von Klauenpflegern aber auch von Landwirten z.B. im Rahmen verschiedener Projekte (z.B. Klauen-Q-Wohl, FleQS, Fleckfficient, Braunvieh Vision, FoKUHs, D4Dairy, usw.) erfasst. Insgesamt liegen Daten zu ca. 20 verschiedenen Klauenerkrankungen aus den unterschiedlichen Meldewegen vor.
Bei den tierärztlichen Diagnosen wird für die ZWS nur unterschieden, ob überhaupt irgendeine Klauendiagnose vorliegt oder nicht. Aufgrund der sehr niedrigen Frequenzen ist es nicht möglich, spezifische Diagnosen als Merkmal zu verwenden.
Bei den **Klauenbefunden der Klauenpfleger und Landwirte** wurden aus der Vielzahl an Einzelmerkmalen 6 Merkmale mit höherer Frequenz und verwertbarer Erblichkeit für die ZWS ausgewählt. Es sind dies Mortellaro, Limax, Weiße-Linie-Defekt, Klauengeschwür, Ballenhornfäule und Klauenrehe. Zusätzlich wird ein Merkmal definiert, das alle sonstigen Klauenbefunde umfasst.
Wichtig ist eine ordentliche Validierung der Daten, um eine bestmögliche Datenqualität in der ZWS zu gewährleisten. Es gehen nur Betriebe in die ZWS ein, die eine weitgehend vollständige Datenerfassung vorweisen können. Dazu muss für mindestens 50% aller Kühe pro Jahr ein Klauenbefund (inklusive ‚ohne Befund'-Meldungen) vom Klauenpfleger bzw. Landwirt selbst erfasst worden sein. Betriebe bzw. Klauenpfleger müssen außerdem zumindest einen Befund für das jeweilige Merkmal aufweisen, um für dieses Merkmal berücksichtigt zu werden.
Idealerweise sollten alle Kühe einer Herde klauengepflegt werden und der Status aller Kühe, einschließlich derjenigen mit normalen/gesunden Klauen, bei der Klauenpflege erfasst werden. In den meisten Fällen wird aber nicht bei allen Kühen eine Klauenpflege durchgeführt. Die Annahme, dass alle Kühe ohne Beobachtung gesund sind, unterschätzt die Häufigkeit von Klauenerkrankungen (leichte Fälle könnten vorhanden sein, aber nicht entdeckt werden), während die Einbeziehung nur gepflegter Kühe die Inzidenz überschätzt (nicht gepflegte Kühe sind mit größerer Wahrscheinlichkeit nicht erkrankt). In der ZWS werden Kühe ohne Ergebnis nicht automatisch als gesund gewertet, sondern es wird mit dem korrelierten Hilfsmerkmal Pflegestatus (gepflegt ja/nein), dem Umstand Rechnung getragen, dass nicht gepflegte Kühe mit höherer Wahrscheinlichkeit gesund sind.

Bei den tierärztlichen Diagnosen werden nur validierte Betriebe verwendet, bei denen auch Klauendiagnosen erhoben werden.

Hilfsmerkmale

Da der Zeitraum mit ausreichender Datenerfassung sehr kurz ist und aus manchen Regionen in der gemeinsamen ZWS noch keine oder kaum Klauendaten vorliegen, werden Hilfsmerkmale in der ZWS verwendet, um die Sicherheit der Zuchtwerte zu erhöhen. Nach ausführlichen Voranalysen haben sich die Abgangsursache Klauen- und Gliedmaßenerkrankungen und die Exterieurmerkmale Rahmen und Fundament als geeignet herausgestellt.

Abgangsursache Klauen- und Gliedmaßenerkrankungen
Ein sehr wichtiges Hilfsmerkmal ist die Abgangsursache Klauen- und Gliedmaßenerkrankungen (AB). Der große Vorteil dieses Merkmals ist, dass es auch aus Regionen bzw. von Betrieben ohne Klauenbefunde ohne Zusatzaufwand zur Verfügung steht. Die Parameterschätzung bzw. ZWS wird weitgehend analog zur Routine-ZWS für Nutzungsdauer mit 9 Abschnitten durchgeführt, wobei nur Abgänge wegen Klauen- oder Gliedmaßenerkrankungen als Abgang zählen. Die Heritabilitäten für die einzelnen Abschnitte liegen aufgrund der niedrigen Frequenzen nur bei 1% oder darunter. In der Kombination der 9 Abschnitte errechnen sich allerdings Heritabilitäten von 2,2 bzw. 2,7% für Fleckvieh bzw. Brown Swiss.

Exterieur
Neben der Abgangsursache haben sich nach umfangreichen phänotypischen und genetischen Analysen die Hauptnoten für Rahmen (RA) und Fundament (FU) als informative Hilfsmerkmale für die Klauengesundheit erwiesen. Einerseits zeigen rahmigere und damit schwerere Kühe mehr Klauenprobleme, andererseits weist eine höhere Fundamentnote in der Tendenz auf weniger Klauenprobleme hin.

13.3 Modell

Als Merkmal wird jeweils ein 0/1-Merkmal, also Befund ja/nein, pro Monat verwendet. Da die Frequenzen zwischen Klauenpflegern/Landwirten sehr unterschiedlich sein können, werden die Frequenzen pro Klauenpfleger und Jahr auf die Standardnormalverteilung transformiert.
Im Modell werden folgende Einflussfaktoren berücksichtigt:

- Region-Kalbejahr-Monat
- Laktation-Kalbealter (7 Klassen)
- Laktation-Laktationsstadium (9 Klassen)
- Person-Erfassungsart-Jahr
- Betrieb und Betrieb-Jahr-Monat
- permanente Umwelt
- genetischer Effekt der Kuh

13.4 Genetische Parameter

Die Heritabilitäten für Fleckvieh und Brown Swiss für die einzelnen Merkmale sind in den Tabellen 1 und 2 zu finden. Die Erblichkeiten für die Einzelmerkmale liegen zwischen etwa 2 und 9%.

Tabelle 1: Heritabilitäten (Diagonale) und genetische Korrelationen (über Diagonale) für die Rasse Fleckvieh.

Merkmal	DD	LI	WL	KG	BF	KR	SO	PF	TA
Mortellaro DD	**4,8**	0,43	-0,05	0,20	0,32	0,17	0,11	0,42	0,41
Limax LI		**9,1**	-0,19	0,13	0,22	0,10	0,23	0,39	0,48
Weiße-Linie WL			**3,7**	0,39	0,00	0,57	0,27	0,48	0,26
Klauengeschwür KG				**4,0**	0,11	0,74	0,25	0,55	0,56
Ballenfäule BF					**6,6**	0,03	-0,14	0,13	0,28
Klauenrehe KR						**2,1**	0,67	0,70	0,53
Sonstige SO							**3,0**	0,65	0,52
Pflegestatus PF								**1,9**	0,63
Tierarzt TA									**1,5**

Tabelle 2: Heritabilitäten (Diagonale) und genetische Korrelationen (über Diagonale) für die Rasse Brown Swiss.

Merkmal	DD	LI	WL	KG	BF	KR	SO	PF	TA
Mortellaro DD	**8,5**	0,47	-0,12	0,10	0,28	0,05	0,08	0,35	0,32
Limax LI		**5,9**	-0,15	0,24	0,13	-0,03	0,49	0,44	0,44
Weiße-Linie WL			**6,4**	0,27	0,03	0,28	0,21	0,40	0,41
Klauengeschwür KG				**6,6**	0,23	0,60	0,65	0,64	0,42
Ballenfäule BF					**9,0**	-0,06	-0,03	0,03	0,25
Klauenrehe KR						**4,2**	0,71	0,47	0,43
Sonstige SO							**3,8**	0,57	0,55
Pflegestatus PF								**1,7**	0,66
Tierarzt TA									**1,9**

Tabelle 3: Wirtschaftliche Gewichte zur Berechnung des Klauengesundheitswerts KGW.

Merkmal	wG (%)
Mortellaro DD	20
Limax LI	5
Weiße-Linie WL	15
Klauengeschwür KG	15
Ballenfäule BF	5
Klauenrehe KR	10
Sonstige SO	10
Tierarzt TA	20

Die Einzelmerkmale werden entsprechend ihrer wirtschaftlichen Bedeutung zu einem Index, dem **Klauengesundheitswert KGW**, kombiniert. Diese Gewichtung wurde anhand der Inzidenzen der einzelnen Merkmale, dem Milchleistungsrückgang und besonders anhand der Häufigkeit der mit einem Klauenproblem verbundenen Abgänge näherungsweise abgeleitet und mit Tierärzten und Klauenpflegern abgestimmt. Diese Gewichte sind in Tabelle 3 aufgelistet. Durch die Kombination der Einzelmerkmale mit dieser Gewichtung errechnet sich die **Heritabilität für den KGW beim Fleckvieh mit 6,3% und bei Brown Swiss mit 10,6%**.

In den Tabellen 4 und 5 sind die Heritabilitäten und genetischen Korrelationen der Hilfsmerkmale zum KGW zu finden. Die Bedeutung der Abgangsursache Klauen- und Gliedmaßenerkrankungen ist aus der hohen genetischen Korrelation von über 0,60 ersichtlich. Der Rahmen ist negativ korreliert, das Fundament positiv.

Tabelle 4: Heritabilitäten (Diagonale) und genetische Korrelationen (über Diagonale) der Hilfsmerkmale beim Fleckvieh.

Merkmal	KGW	AB	RA	FU
KGW	**0,063**	**0,68**	**-0,17**	**0,17**
Abgang Klaue AB		0,022	-0,22	0,28
Rahmen RA			0,440	0,15
Fundament FU				0,110

Tabelle 5: Heritabilitäten (Diagonale) und genetische Korrelationen (über Diagonale) der Hilfsmerkmale bei Brown Swiss.

Merkmal	KGW	AB	RA	FU
KGW	**0,106**	**0,61**	**-0,28**	**0,11**
Abgang Klaue AB		0,027	-0,34	0,10
Rahmen RA			0,390	0,18
Fundament FU				0,140

13.5 Darstellung der Zuchtwerte

Die ZWS für Klauengesundheit erfolgt, wie aus Abbildung 1 ersichtlich ist, in mehreren Schritten. Erster Schritt ist eine Mehrmerkmals-Single-Step-ZWS (ssGBLUP) mit insgesamt 9 Merkmalen, 8 Klauenpflegemerkmalen (inkl. dem Hilfsmerkmal Pflegestatus) und dem Merkmal tierärztliche Diagnosen. Aus den 8 Merkmalen mit wirtschaftlichen Gewichten (Tabelle 3) wird der KGW ermittelt und ein um alle Umweltfaktoren korrigierter Phänotypwert für KGW, der sogenannte deregressierte KGW errechnet.
Parallel dazu wird die ebenfalls neu entwickelte ZWS für die Abgangsursache Klauen- und Gliedmaßenerkrankungen in Form eines multivariaten BLUP-Tiermodells durchgeführt. Wie bei den Klauenmerkmalen wird auch hier ein um alle Einflussfaktoren korrigierter phänotypischer Indexwert ermittelt.
Analog dazu werden umweltkorrigierte Phänotypen (sogenannte ‚yield deviations‘) aus der Routine-ZWS für Exterieur für Rahmen und Fundament benötigt. Bei Brown Swiss ist hier auch die Information von ausländischen Töchtern in Form der Interbull-Daten (MACE) inkludiert.
Diese vier Merkmale – KGW, Abgang Klaue, Rahmen und Fundament – gehen als Phänotypen in den letzten Schritt ein, ebenfalls eine **Mehrmerkmals-Single-Step-ZWS** (ssGBLUP). Diese Methode der Kombination von vorkorrigierten Phänotypen anstatt der Berechnung eines Index mit der „Methode Miesenberger“ hat sich im Rahmen des Projekts OptiGene (2015) als überlegene Methode erwiesen und ist auch als „Methode Ducrocq“ bekannt. Der finale Zuchtwert aus diesem Single-Step-Lauf ist schließlich der **Klauengesundheitswert KGW**, der einerseits alle direkten Klauenmerkmale enthält, aber auch die Information der Hilfsmerkmale beinhaltet. Der KGW wird als einziger Zuchtwert aus diesem neuen ZWS-System und wie üblich als Relativ-Zuchtwert mit Mittelwert 100 und Streuung 12 veröffentlicht.

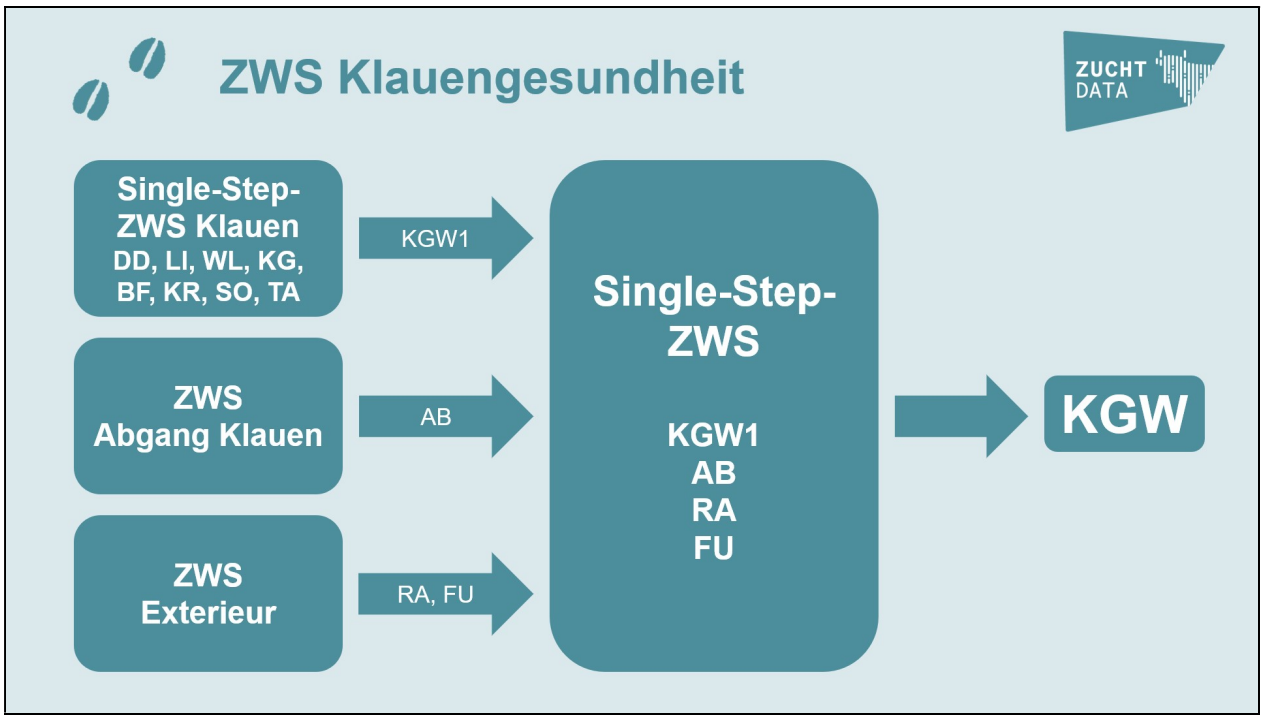


Abb. 1: Schematische Darstellung der ZWS für Klauengesundheit.

Der genetische Trend für den KGW ist beim Fleckvieh leicht negativ (Abb. 2.) und bei Brown Swiss stabil (Abb. 3).

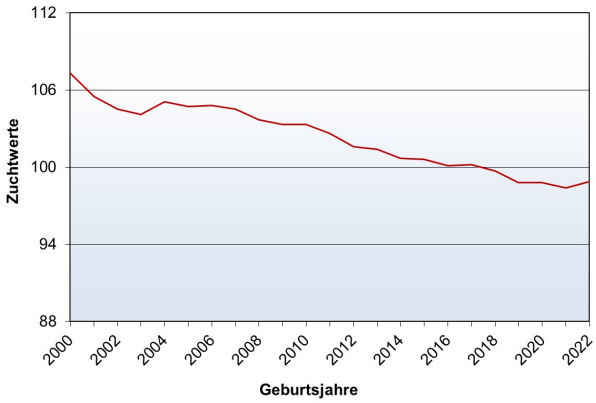


Abb. 2: Genetischer Trend für den Klauengesundheitswert KGW von Fleckvieh-Kühen

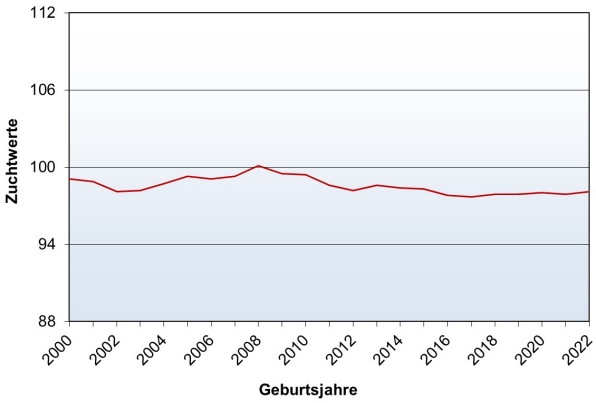


Abb. 3: Genetischer Trend für den Klauengesundheitswert KGW von Brown Swiss-Kühen

13.6 Interpretation der Zuchtwerte

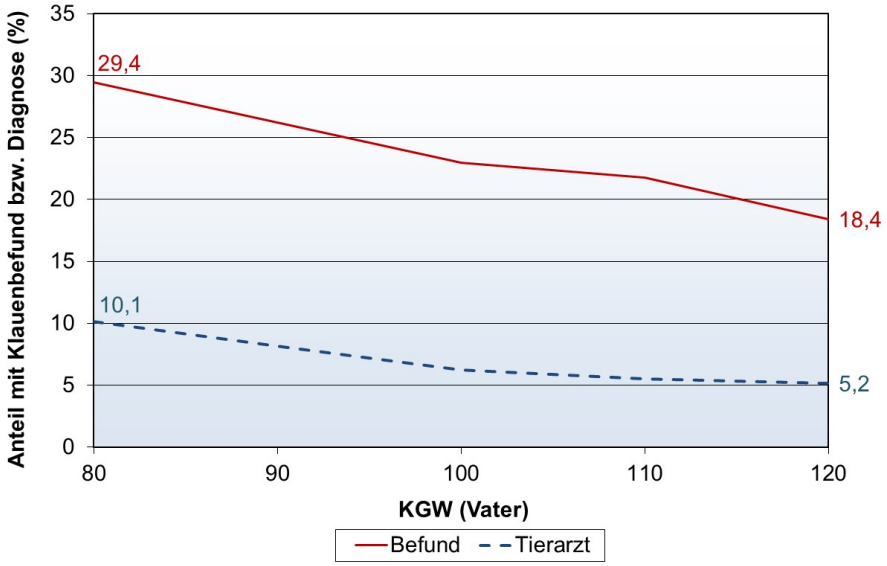


Abb. 4: Zusammenhang zw. Klauengesundheitswert KGW und dem Anteil an Kühen mit Klauenbefunden bzw. tierärztlichen Klauendiagnosen beim Fleckvieh.

14. Gesamtzuchtwert[1]

14.1 Allgemeines

Jahrzehntelang beschränkte sich die Selektion in der Rinderzucht weltweit weitgehend auf Produktionsmerkmale wie Milch und Fleisch. Mit der Sättigung der Märkte und teils beträchtlichen Preisrückgängen für Milch und Fleisch ist die Bedeutung kostensenkender Merkmale deutlich gestiegen. Mit der zunehmenden Bedeutung funktionaler Merkmale hat auch die Anzahl der Merkmale, für die Zuchtwerte geschätzt werden, stark zugenommen. Zusätzlich stehen auch Zuchtwerte für zahlreiche Exterieurmerkmale zur Verfügung, die zum Teil ebenfalls als funktionale, kostensenkende Merkmale anzusehen sind. Mittlerweile stehen den Zuchtorganisationen und Züchtern bis zu ca. 60 Zuchtwerte pro Tier dreimal im Jahr zur Verfügung. Eine Zusammenfassung der Zuchtwerte entsprechend ihrer züchterischen bzw. wirtschaftlichen Bedeutung in einem Gesamtzuchtwert ist daher international üblich.
Die Grundlagen für den Gesamtzuchtwert in Österreich wurden in einem vom Bundesministerium für Land- und Forstwirtschaft unterstützten Forschungsprojekt zum Thema „Zuchtzieldefinition und Indexselektion in der österreichischen Rinderzucht“, welches am Institut für Nutztierwissenschaften der Universität für Bodenkultur Wien unter der Leitung von Prof. Johann Sölkner und Prof. Alois Eßl durchgeführt wurde, erarbeitet. Modelle, Methoden, Annahmen und Ergebnisse wurden bei Miesenberger (1997) beschrieben. Der Gesamtzuchtwert wird von der ZuchtData GmbH für alle genannten Rassen (außer Holstein) errechnet und veröffentlicht.

In einem auf die Verbesserung der Wirtschaftlichkeit ausgerichteten Zuchtziel sollten alle wirtschaftlich wichtigen Merkmale berücksichtigt werden. Werden mehrere Merkmale im Zuchtziel berücksichtigt, gilt die Überlegenheit der Indexselektion gegenüber allen anderen Selektionsmethoden als erwiesen. Die Problematik bei der Zuchtzielfestlegung besteht in der Berechnung der wirtschaftlichen Bedeutung für die einzelnen Merkmale, welche unter Berücksichtigung der zukünftigen wirtschaftlichen Rahmenbedingungen erfolgen soll.

Der Gesamtzuchtwert ist ein Selektionsindex und stellt die mathematische Definition des Zuchtzieles dar. Mit der Berechnung eines ökonomischen Gesamtzuchtwertes können alle wirtschaftlich wichtigen Merkmale in einer Zahl kombiniert werden, nach welcher die Tiere objektiv gereiht werden können. Entscheidend für die Berechnung des ökonomischen Gesamtzuchtwertes beim Einzeltier sind die für die einzelnen Merkmale geschätzten Zuchtwerte mit den jeweiligen Genauigkeiten. Für die Berechnung eines Gesamtzuchtwertes müssen die wirtschaftlichen Gewichte der Zuchtzielmerkmale und die entsprechenden genetischen Parameter bekannt sein. Vereinfacht ausgedrückt, werden die geschätzten Zuchtwerte für die einzelnen Merkmale unter Berücksichtigung der jeweiligen Genauigkeit und den Korrelationen zwischen den Merkmalen bzw. geschätzten Zuchtwerten mit den entsprechenden Wirtschaftlichkeitskoeffizienten multipliziert.
Der Gesamtzuchtwert wird bei allen Rassen außer Brown Swiss wie die sonstigen Relativ-Zuchtwerte als Relativ-ZW mit Mittelwert 100 und einer Streuung von 12 Punkten ausgedrückt. Zu beachten ist, dass bei Brown Swiss (auf Beschluss der jeweiligen Arbeitsgemeinschaften in Deutschland und Österreich) der GZW mit einer Streuung von 15 Punkten ausgewiesen wird!

[1] Quellenhinweis: Teile dieses Kapitels stammen von Dr. Josef Miesenberger, FIH und OÖ Besamungsstation GmbH.

14.2 Wirtschaftliche Gewichte

Hazel (1943) definierte das wirtschaftliche Gewicht als die Änderung des Gewinnes, welcher sich aus der genetisch bedingten Produktionsänderung des betreffenden Merkmales um eine Einheit, bei Konstanthaltung aller übrigen Merkmale, die im Gesamtzuchtwert enthalten sind, ergibt. Entscheidend für die Berechnung des Gesamtzuchtwertes sind dabei nicht die absoluten wirtschaftlichen Gewichte, sondern das Verhältnis der wirtschaftlichen Gewichte je genetischer Standardabweichung für die einzelnen Merkmale zueinander. Grundsätzlich wird der ökonomische Gesamtzuchtwert wie der Selektionsindex nach Hazel (1943) berechnet, jedoch mit dem Unterschied, dass geschätzte Zuchtwerte anstelle von phänotypischen Abweichungen als Informationen zur Verfügung stehen.

Da die Zusammensetzung und Gewichtung im GZW von den erwarteten wirtschaftlichen Rahmenbedingungen abhängt, ist eine laufende Überprüfung und etwaige Anpassung notwendig. Für die letzte Änderung bei den Rassen Fleckvieh und Brown Swiss im April 2016 wurde eine Arbeitsgruppe Zuchtziel, bestehend aus Vertretern der Zucht-Dachverbände ASR, AGÖF, ARGE Brown Swiss Deutschland und Österreich sowie Vertretern der Zuchtwertschätzstellen eingerichtet, um die fachliche Basis für einen neuen GZW vorzubereiten. Wichtige Grundlagen wurden dabei auch im Rahmen des Projekts OptiGene von Rinderzucht Austria/ZuchtData und BOKU Wien (Fürst-Waltl, 2015, Egger-Danner et al., 2015) erarbeitet. Die Gewichtung im Gesamtzuchtwert und damit das Zuchtziel wurden in einem ausgiebigen Diskussionsprozess mit den Züchtervereinigungen und der Züchterschaft bestimmt.

In Österreich stellt der Gesamtzuchtwert bereits seit 1998 das primäre Selektionskriterium bei Stieren und Kühen dar, seit 2002 gemeinsam mit Deutschland und seit 2016 gemeinsam mit Tschechien (Fleckvieh).
Der **Gesamtzuchtwert** ist auf die Maximierung des wirtschaftlichen Gesamtnutzens ausgerichtet. Die wirtschaftlichen Gewichte zur Berechnung des GZW sind für alle Rassen in Tabelle 1 angegeben.

Tabelle 1: Wirtschaftliche Gewichte pro genetischer Standardabweichung (in %) für die einzelnen Merkmale im Gesamtzuchtwert.

	Merkmal	Fleckvieh		Brown Sw.		Holstein		Pinzgauer		Grauvieh	
Milch	**Fettmenge**	18,6	**38**	20,7	**50**	14	**36**	17	**36**	9	**20**
	Eiweißmenge	19,4		27,8		22		19		11	
	Eiweißgehalt			1,5							
Fleisch	**Nettozunahme**	4	**18**	3	**5**		**0**	7	**14**	12,5	**25**
	Ausschlachtung	7		1							
	Handelsklasse	7		1				7		12,5	
Fitness	**Nutzungsdauer**	10	**44**	12	**45**	18	**49**	18	**50**	18	**55**
	Persistenz	3		3				2		7	
	Fruchtbarkeit	14		15		7		12		10	
	Kalbeverlauf	1		1		3		2		3	
	Vitalitätswert	5		4		3		3		4	
	Eutergesundheit#	10		10		18#		10		11	
	Melkbarkeit	1						3		2	
Exterieur						15	**15**				

RZ Gesund bei Holstein

Nur bei Holstein ist das **Exterieur** mit einem Gewicht von 15% im RZG enthalten (Milchtyp : Körper : Fundament : Euter = 10 : 20 : 30 : 40%). Bei den anderen Rassen ist das Exterieur zwar nicht direkt im GZW enthalten, indirekt über die Nutzungsdauer (siehe auch Kapitel 6) und den Eutergesundheitswert (siehe auch Kapitel 10) geht das Exterieur aber sehr wohl in den GZW ein.

14.3 Genetische Korrelationen

Im Rahmen des Projekts OptiGene wurden die genetischen Korrelationen zwischen allen Merkmalen im GZW anhand von Fleckvieh- und Brown Swiss-Daten neu geschätzt (Pfeiffer, 2015). Dazu wurde die sogenannte Methode Ducrocq verwendet, mit der es möglich ist, in einem zweistufigen Verfahren mit deregressierten Zuchtwerten genetische Korrelationen zwischen Merkmalen aus verschiedensten ZWS-Modellen zu schätzen.

Tabelle 2: Genetische Korrelationen im GZW (fehlende Werte = 0).

	Fkg	Ekg	NTZ	AUS	HKL	ND	Pers	FRW	KVM	VIW	EGW	DMG
Fkg	1,00											
Ekg	0,75	1,00										
NTZ		0,10	1,00									
AUS	-0,15	-0,15	0,50	1,00								
HKL	-0,20	-0,15	0,45	0,55	1,00							
ND	-0,25	-0,25	-0,10	0,15		1,00						
Pers	-0,15	-0,15	-0,10	-0,10	-0,10	0,50	1,00					
FRW	-0,40	-0,40	-0,10	-0,05	-0,10	0,50	0,20	1,00				
KVM	0,10	0,10		-0,05	-0,10	0,15		0,40	1,00			
VIW	0,10	0,10			-0,10	0,20		0,10	0,10	1,00		
EGW	-0,25	-0,25			-0,10	0,50	0,30	0,10		0,10	1,00	
DMG	0,35	0,35		-0,10	-0,10		-0,10	-0,10			-0,20	1,00

14.4 Zuchtfortschritt und Selektionserfolg

Die wirtschaftlichen Gewichte zur Berechnung des Gesamtzuchtwertes dürfen auf keinen Fall mit den zu erwartenden **Zuchtfortschritten** bei Selektion nach dem GZW verwechselt werden. Für den Zuchtfortschritt sind nicht nur die wirtschaftlichen Gewichte, sondern auch die Heritabilitäten und Sicherheiten und die genetischen Beziehungen der einzelnen Merkmale entscheidend.

In Tabelle 3 sind die theoretisch zu erwartenden ökonomischen Zuchtfortschritte in den einzelnen Merkmalsblöcken bei Selektion nach dem GZW beim Fleckvieh und Brown Swiss dargestellt. Daraus kann man erkennen, dass der mit Abstand größte Selektionserfolg bei der Milch zu erwarten ist. In den Bereichen Fleisch und Fitness kann man erwarten, dass es zu einer geringfügigen Verbesserung bzw. zumindest zu keiner Verschlechterung kommen sollte. Wenn man jedoch nur nach dem Milchwert selektieren würde, würde der Zuchtfortschritt in der Milch zwar größer sein, aber es wäre vor allem im Fitnessbereich und auch bei den Schlachtleistungsmerkmalen eine deutliche Verschlechterung zu erwarten.

Tabelle 3: Wirtschaftliche Gewichte pro genetischer Standardabweichung (in %) und erwarteter Selektionserfolg bei Selektion nach GZW für Fleckvieh und Brown Swiss.

	Wirtschaftl. Gewichte pro genet. Stdabw. (%)		Selektionserfolg/ Zuchtfortschritt	
	Fleckvieh	**Brown Swiss**	**Fleckvieh**	**Brown Swiss**
MILCH	38	50	70	90
FLEISCH	18	5	10	0
FITNESS	44	45	20	10
Milch-kg	0	0	325	371
Fett-kg	18,6	20,7	13	14,6
Eiweiß-kg	19,4	27,8	10	12,1
Eiweiß-%	0	1,5		-0,013
Nettozunahme	4	3	3	1
Ausschlachtung	7	1	2	-1
Handelsklasse	7	1	1	-3
Nutzungsdauer	10	12	4	2
Persistenz	3	3	2	2
Fruchtbarkeit (FRW)	14	15	0	-1
Kalbeverlauf pat.	0	0	0	0
Kalbeverlauf mat.	1	1	4	4
Vitalitätswert (VIW)	5	4	4	4
Eutergesundheit (EGW)	10	10	2	1
Melkbarkeit	1	0	3	4

Die Entwicklung der **genetischen Trends** in den Abbildungen 1 und 2 spiegelt die erwartete Entwicklung wider. Eine sehr positive Entwicklung bei der Milch und damit auch im GZW bei stabilem Fleisch- und günstigem Fitnesswert.

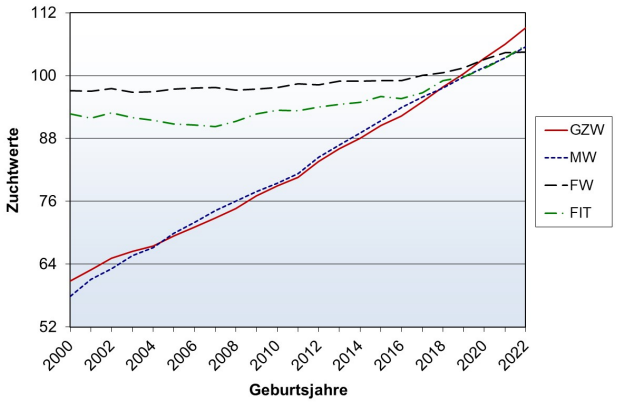


Abb. 1: Genetische Trends für GZW und Teilzuchtwerte von Fleckviehkühen.

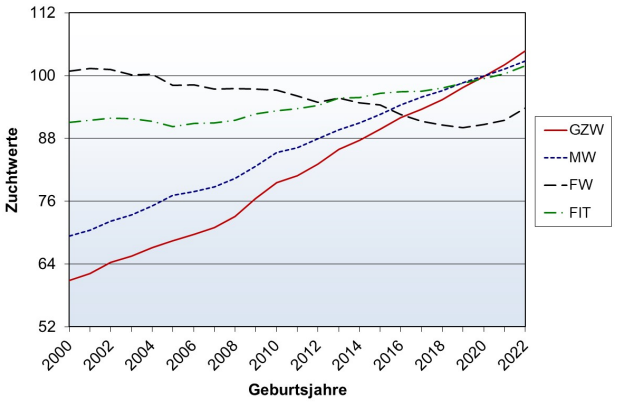


Abb. 2: Genetische Trends für GZW und Teilzuchtwerte von Brown Swiss-Kühen. Achtung: GZW-Streuung 15!

14.5 Ökologischer Zuchtwert ÖZW

Der Ökologische Zuchtwert (ÖZW) ist ein Index, der den Zielsetzungen und Rahmenbedingungen des ökologischen Landbaus in besonderer Weise Rechnung tragen soll und ist kein offizieller ZW. Der ÖZW wurde in Bayern entwickelt und wird dort bereits seit mehr als 20 Jahren veröffentlicht. Seit Dezember 2017 wird der ÖZW von der ZuchtData als zusätzliche Zuchtwertinformation berechnet und auch in Österreich veröffentlicht. Die Veröffentlichung beschränkt sich allerdings derzeit auf die Zuchtwert-Datenbank und die Gemeinsame Zuchtwertliste GZL. Auf den ZW-Seiten der genomischen Kandidaten wird der ÖZW (inkl. Rangierung) ebenfalls angegeben. Da es sich um keinen offiziellen ZW handelt, wird der ÖZW auf Stammscheinen nicht angedruckt.
Der ZW **Leistungssteigerung** (Steigerung von der ersten auf die zweite bzw. höhere Laktationen) wird in der Zuchtwert-Datenbank ebenfalls angegeben, da es sich um einen Bestandteil des ÖZW handelt.
Die Gewichtung der einzelnen Merkmale im ÖZW ist in der Tabelle 4 zu finden.

Tabelle 4: Wirtschaftliche Gewichte pro genetischer Standardabweichung (in %) für den ÖZW für Fleckvieh und Brown Swiss.

	Fleckvieh	Brown Swiss
MILCH	**20**	**25**
FLEISCH	**15**	**10**
FITNESS	**56**	**56**
EXTERIEUR	**9**	**9**
Fett-kg	9,8	11,8
Eiweiß-kg	10,2	13,2
Nettozunahme	3	2
Ausschlachtung	6	4
Handelsklasse	6	4
Nutzungsdauer	11	11
Persistenz	5,6	5,6
Leistungssteigerung	8,4	8,4
Fruchtbarkeit (FRW)	9	9
Kalbeverlauf pat.	3	3
Kalbeverlauf mat.	6	6
Vitalitätswert (VIW)	6	6
Eutergesundheit (EGW)	5	5
Melkbarkeit	2	2
Trachten	1	1
Fundament	3	3
Euter	5	5

15. Genomische Zuchtwertschätzung[1]

Die Einführung der genomischen Zuchtwertschätzung (gZWS) im Jahr 2010 bei der Rasse Holstein und 2011 bei den Rassen Fleckvieh und Brown Swiss in Österreich und Deutschland brachte gravierende Änderungen bei den Zuchtprogrammen mit sich. Die EU-Verordnung 2016/1012 definiert eine Mindestsicherheit von 50% beim Milchwert, um Samenportionen eines Besamungsstieres von Milch- und Doppelnutzungsrassen über den Prüfeinsatz hinaus vermarkten zu dürfen. Diese Mindestsicherheit wird bei genomischen Zuchtwerten (gZW) in der Regel deutlich überschritten, womit einem breiten Einsatz von Jungstieren in der Besamung nichts im Wege steht. In wissenschaftlichen Publikationen (z.B. Meuwissen et al., 2001; Schaeffer, 2006) wurde durch die genomische Selektion eine Verdoppelung des Zuchtfortschritts pro Jahr in Aussicht gestellt.
Bei Brown Swiss gibt es über Interbull auch ein länderübergreifendes Projekt (InterGenomics). Für kleinere Rassen dürfte es nach derzeitigem Wissensstand eher schwierig sein, diese neue Methode gewinnbringend zu nutzen.

Wie funktioniert die genomische Zuchtwertschätzung?

Vor der Einführung der Genomik musste auf Nachkommenleistungen gewartet werden, bis abgeschätzt werden konnte, ob ein Zuchttier eine wünschenswerte Veranlagung (Abweichung vom Durchschnitt der Eltern „**Zufallshälfte**“) von den Eltern geerbt hat. Dieser **Zufallsprozess** in jeder Generation ist von enormer Bedeutung in der Zucht, da er **50% der genetischen Unterschiede** in der Gesamtpopulation ausmacht. Es geht daher darum, **möglichst früh und möglichst genau** zu erkennen, welche Tiere wünschenswerte Zufallshälften tragen.
Die **genomische ZWS erlaubt die Schätzung der Zufallshälfte bereits beim Kalb** und steigert daher den Zuchtfortschritt, vor allem durch das kürzere Generationsintervall. Dies ist durch sogenannte **SNP-Marker** möglich. Das sind punktuelle Variationen an einzelnen Bausteinen in der Erbinformation, die aus insgesamt rund 3 Mrd. derartigen Bausteinen besteht. Beim Rind werden derzeit rund 40.000 SNP-Marker einbezogen. Dies wird technisch über die sogenannten **SNP-Chips** bewerkstelligt. Mit dem aktuellen Chip können 96 Tiere an jeweils 40.000 SNPs gleichzeitig genotypisiert werden. Diese Marker haben meist keinen direkten Einfluss auf unsere Merkmale, sondern erlauben es, die **Weitergabe der Erbanlagen** über die Generationen genau zu **verfolgen**.
Als im August 2011 die genomische ZWS eingeführt wurde, war die Typisierung mit € 200 vergleichsweise teuer. Daher hat man sich beim Aufbau der Genomik-Lernstichprobe auf die informativsten Tiere, die geprüften Altstiere, konzentriert. Aus der **Lernstichprobe** wird über die Beziehung zwischen Leistung und Genotyp jene Information abgeleitet, aus der Genomzuchtwerte für Jungtiere geschätzt werden können. Als Leistungsdaten für Altstiere wurden umweltkorrigierte, durchschnittliche Leistungen von Töchtern bzw. bei Fleischleistungsmerkmalen von Söhnen, herangezogen. Diese kommen aus einer vorgelagerten konventionellen ZWS, was erklärt, warum dieses Schätzsystem auch als **Two-Step** („Zwei-Schritt“) Methodik bezeichnet wird.

In den letzten Jahren wurde die Genotypisierung immer **günstiger**. Mehr und mehr Züchter nutzen daher die Genomik zur Selektion der **weiblichen Nachzucht** am Betrieb. Dieser Trend wird maßgeblich durch Förderprogramme zur **Herdentypisierung** unterstützt. Daher laufen nun mehr und **mehr genotypisierte Kühe** mit Eigenleistungsinformationen in Milch-, Fitness- und Gesundheitsmerkmalen auf. Gleiches gilt für den Fleischblock bei genotypisierten Tieren aus der Stiermast.

[1] Dieses Kapitel stammt zu einem wesentlichen Teil von Dr. Hermann Schwarzenbacher (ZuchtData).

Im **Single-Step** („Ein-Schritt“), das im April 2021 eingeführt wurde, kommt es zur Verschmelzung der konventionellen mit der genomischen Schätzung in einem Verfahren. Dies wird über die gemeinsame Betrachtung der Verwandtschaftsbeziehungen für alle Tiere bewerkstelligt, wobei Verwandtschaften für typisierte Tiere (über 800.000 Tiere bei Fleckvieh, April 2025) aus Markerinformationen gerechnet werden, während Verwandtschaften zwischen untypisierten Tieren weiterhin vorwiegend aus der Abstammungsinformation abgeleitet werden. Spannend sind Verwandtschaften zwischen diesen beiden Tiergruppen, da es hier zur Kombination der Verwandtschaft aus Marker- und Abstammungsinformation kommt. Dies ermöglicht einen Informationsrückfluss von typisierten Nachkommen auf untypisierte Vorfahren, wodurch auch untypisierte Tiere vom Informationszuwachs profitieren (z.B.: teils deutliche Anstiege der Zuchtwertsicherheiten von untypisierten Müttern mit mehreren typisierten Kälbern).
Der entscheidende Faktor der Überlegenheit vom Single-Step Verfahren ist jedoch die Tatsache, dass hier nicht mehr nur geprüfte Altstiere, sondern **alle typisierten Tiere mit Leistung** unmittelbar in die Lernstichprobe einbezogen werden. Tabelle 1 gibt eine Aufstellung zur Anzahl von typisierten Tieren, die im Single-Step bei der Rasse Fleckvieh bereits mit einer Eigenleistungsinformation in die Zuchtwertschätzung eingehen. Je nach Merkmal sind dies zwischen 286.000 (beim Vitalitätswert) und 36.000 Tiere (bei Zysten). Insgesamt sind die Datenmengen, die bei Fleckvieh einbezogen werden, überaus beeindruckend. Aktuell sind dies mehr als 13.500.000.000 (13,5 Mrd.) Marker-Genotypen mit stark wachsender Tendenz.

Tabelle 1: Übersicht über die Anzahl von typisierten Tieren, die mit Nachkommen- bzw. Eigenleistung in die Zuchtwertschätzung eingehen (Stand Dez. 2024)

	Fleckvieh		Brown Swiss	
Anzahl Genotypen	**Gtyp. Stiere mit Nachkommen**	**Gtyp. Tiere mit Eigenleistung**	**Gtyp. Stiere mit Nachkommen**	**Gtyp. Tiere mit Eigenleistung**
Milch/Zellzahl	29.259	324.765	12.215	52.357
Exterieur (Euter)	17.358	216.451	8.502	30.854
Nutzungsdauer	29.938	318.400	8.260	46.886
Vitalitätswert	37.781	699.485	9.579	94.900
Mastitis	15.952	164.583	4.203	31.053

Worin bestehen die Stärken des Single-Step Zuchtwertschätzverfahrens?

- Das Verfahren erzielt für alle typisierten Tiere höhere ZW-Sicherheiten, da wesentlich mehr Information für die Vorhersage genutzt wird als im 2-Schritt Verfahren. Besonders profitieren Stiere mit ersten Töchterleistungen. Bei diesen Tieren kommt nun die Genotypen-Information von teilweise hunderten Töchtern mit Eigenleistung hinzu. Dies ermöglicht genauere Genomzuchtwerte, aber auch eine feinere „Auflösung“ hinsichtlich der züchterischen Wertigkeit von Erbgutabschnitten („Haplotypen“), die diese Stiere tragen. Nachkommen dieser Stiere, aber auch alle anderen typisierten Tiere, die diese Haplotypen ebenfalls aufweisen, profitieren somit ebenfalls von der Information aus typisierten Töchtern. Das hat zur Folge, dass der Informationszuwachs nicht auf einer Stierfamilie isoliert bleibt, sondern Auswirkungen auf nahezu die gesamte typisierte FV-Population hat. Das macht es im Einzelfall schwierig, den Ursprung von Zuchtwertänderungen nachzuvollziehen.
- Für direkte Gesundheitsmerkmale (frühe Fruchtbarkeitsstörungen, Zysten und Mastitis) gab es bis 2021 noch keine Genomzuchtwerte, da noch zu wenige Altstiere ausreichende Töchterinformation aufwiesen. Die direkte Berücksichtigung von typisierten Kühen auf Betrieben mit valider Gesundheitsdatenbeobachtung in der Lernstichprobe macht es möglich Single-Step-ZWe für diese Merkmale anzubieten.
- Single-Step stellt für „neue Merkmale“, bei denen Leistungsdaten aus nur wenigen Jahrgängen vorliegen, generell die Methode der Wahl zur genomischen ZWS dar.

Praktischer Ablauf der genomischen ZWS

Die Teilnahme an der genomischen ZWS steht grundsätzlich allen Züchtern offen. Der Zuchtverband ist für die Abwicklung der genomischen Selektion im jeweiligen Bundesland bzw. Zuchtgebiet zuständig. Daher ist bei Interesse der zuständige Zuchtverband zu kontaktieren.
Mehr und mehr Züchter nutzen in den letzten Jahren die Genomik zur Selektion der weiblichen Nachzucht am Betrieb. Dieser Trend wird maßgeblich durch Förderprogramme zur Herdentypisierung unterstützt. Projekte wie FoKUHs fördern die breite Genotypisierung der weiblichen Aufzuchttiere auf Betrieben in Verbindung mit der durchgehenden Erhebung von Klauenpflegeaufzeichnungen, Ketotests, Diagnosedaten durch den Tierarzt sowie Exterieurbeschreibungen.
Der Nutzen für den Landwirt ergibt sich durch

- Reduktion der Aufzuchtkosten durch frühzeitige Selektionsentscheidungen
- Höhere Leistungssicherheit bei den selektierten Tieren
- Bessere An- und Verkaufsentscheidungen
- Gezieltere Anpaarung durch Genomzuchtwerte
- Effektiveres Erbfehlermanagement
- Erkennung von wertvollen Tieren für die Hochzucht

Es ist daher davon auszugehen, dass sich eine Untersuchung auch von weiblichen Tieren für Züchter im Regelfall auch wirtschaftlich rechnet.
Zuchtorganisationen beschränken sich in erster Linie auf Stierkälber bzw. Jungstiere, Stiermutterkandidatinnen werden hauptsächlich im Zusammenhang mit geplanten Spülungen für einen Embryotransfer typisiert.
Tiere mit hohen Genomzuchtwerten weisen meistens deutlich überdurchschnittliche Elternzuchtwerte auf. Dieser Zusammenhang geht aus der Abbildung 1 hervor. Bei steigendem Ahnenindex steigt die Wahrscheinlichkeit für sehr hohe genomische Zuchtwerte erwartungsgemäß deutlich an.

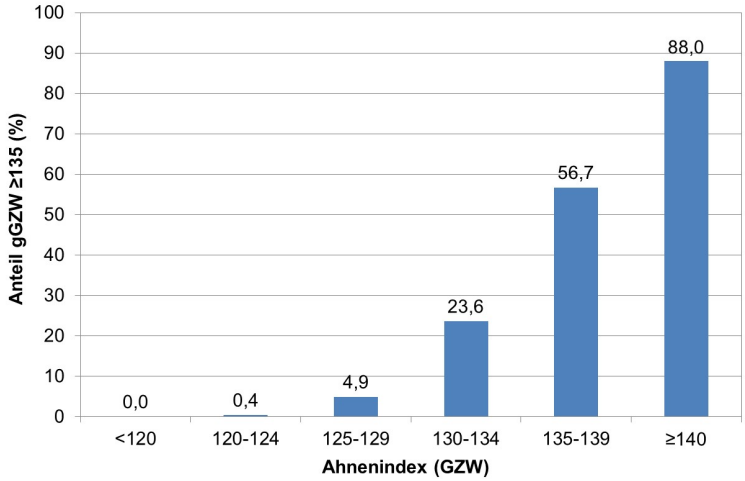


Abb. 1: Zusammenhang zwischen Ahnenindex (GZW) und dem Anteil mit genomischem GZW von mind. 135 beim Fleckvieh (Apr. 25)

Probennahme:
Um die DNA eines Tieres extrahieren zu können, ist eine Gewebeprobe notwendig. Dies erfolgt derzeit am einfachsten mit Hilfe einer Ohrstanzprobe. Für eine Blutprobe ist einerseits ein Tierarzt notwendig und andererseits ist Blut nicht für Zwillingskälber geeignet, weil hier ein sogenannter Blut-Chimärismus auftritt, wodurch die DNA der beiden Zwillinge „vermischt“ wird.
Vom Zuchtverband bekommt der Züchter das Antragsformular für die genomische Zuchtwertschätzung und das Röhrchen mit Barcode für die Probennahme. Das Antragsformular ist mit Tag der Probennahme, Unterschrift des Tierarztes und Unterschrift des Tiereigentümers vollständig auszufüllen. Proben mit unvollständig ausgefüllten Antragsformularen werden nicht bearbeitet. Nach der Gewebe- bzw. Blutentnahme, ist der Barcode abzuziehen und auf das zugehörige Antragsformular zu kleben (siehe Abbildung 2). Es ist sehr wichtig, dass es zu keiner Vertauschung der Proben kommt.
Da für den gesamten Ablauf mit DNA-Extraktion, Genotypisierung, Validierung, genomische Zuchtwertschätzung und Ergebnisbereitstellung mit 4 bis 6 Wochen zu rechnen ist, muss die Gewebeprobe rechtzeitig im Austrian Institute of Technology (AIT) in Tulln eingelangt sein. Die Verarbeitung erfolgt nach der Reihenfolge des Eintreffens der Proben, wobei Proben von männlichen Tieren prioritär behandelt werden. Durch Mindestgrößen für die Verarbeitung (Einheiten von mind. 96 Proben) ist eine Verarbeitung zum jeweiligen Termin nicht zu 100% zu garantieren. Es wird versucht, möglichst alle Proben beim jeweiligen Termin zu berücksichtigen. Eventuell nicht berücksichtigte Proben werden beim nächsten Termin bevorzugt behandelt.
Es wird laufend an der Weiterentwicklung der Probenlogistik gearbeitet. Die Umstellung auf die Single-Step Methodik erlaubte die Verkürzung des Schätzrhythmus auf 2 Wochen.
Zuchtverbände arbeiten schon seit einigen Jahren mit digitalen Genomanträgen, für Betriebe, die an der Herdentypisierung teilnehmen, ist das über das Genomik-Portal auch bereits möglich.

Untersuchungslabor
AIT Austrian Institute of Tech
Seibersdorf
2444 Seibersdorf
T +43(0)50550-0

SNP-Untersuchungsantrag für Tier
AT 123.456.789 HUMBO

Geboren 03.09.10 Geschlecht M
Rasse: Fleckvieh
Vater AT 123.456.789 HUMBA
Mutter AT 123.456.789 SELFTA

Tier ISOlebensnummer
40000123456789

Proberöhrchen
Barcodeetikette
Bitte hier einkleben!

Betrieb
Testbauer Mann
Dorfstraße 123
1234 Testdorf
T 012345678

Probenahmedatum: .....

Ich bestätige die korrekte Zuordnung der Probe
zur Lebensnummer des Tieres

.....
Unterschrift des Tierarztes

Abbildung 2: Auszug aus dem Antragsformular.

Abbildung 3: Ohrstanzprobe mit Probesäckchen sowie Stanzzange (Allflex TSU)

Genotypisierung:
Wenn DNA erfolgreich extrahiert werden konnte, werden die DNA-Proben zur GeneControl nach München zur Genotypisierung gesendet. Diese Informationen werden dann vom Genotypisierungslabor in die Genomdatenbank im Rahmen des Rinderdatenverbundes (RDV) übermittelt.

Überprüfung der Genotypen:
Die ZWS-Rechenstelle des Instituts für Tierzucht der LfL Grub vergleicht die Genotypen der Tiere mit bereits vorhandenen Genotypen von verwandten Tieren. Dadurch können Abstammungsfehler oder Vertauschungen von Proben entdeckt und von der genomischen Zuchtwertschätzung ausgeschlossen werden.

Genomische Zuchtwertschätzung:
Für validierte Genotypen werden von den Rechenstellen genomische Zuchtwerte geschätzt.

Erbfehler und genetische Besonderheiten:
Zusätzlich zu den genomischen Zuchtwerten wird von der ZuchtData ein umfangreiches Monitoring von Erbfehlern und genetischen Besonderheiten durchgeführt. Derzeit wird bei der Rasse Fleckvieh auf 10 Erbfehler (Arachnomelie (AR), Bovine männliche Subfertilität (MS), Braunvieh-Haplotyp 2 (B2), Fleckvieh Haplotyp 1 (F1), Fleckvieh Haplotyp 4 (F4), Fleckvieh Haplotyp 5 (F5), Minderwuchs (F2), Thrombopathie (TP), Zinkdefizienz-like Syndrom (ZL), Zwergwuchs (DW)) bzw. bei der Rasse Brown Swiss auf 8 Gendefekte (Arachnomelie (AR), Braunvieh-Haplotyp 2 (B2), Braunvieh-Haplotyp 6 (B6), Braunvieh-Haplotyp 14 (B14), QRICH2 (QR), Spinale Dysmyelinisierung (SD), Spinale Muskelathrophie (SM), Weaver (WE)) getestet. Beide Rassen werden auf die genetischen Besonderheiten Beta-Kasein, Kappa-Kasein und Hornlosigkeit getestet (https://www.rinderzucht.at/zuchtarbeit/zuchtwertschaetzung/genetische-besonderheiten.html). Bei der Rasse Holstein wird das Erbfehlermonitoring vom VIT durchgeführt.

Veröffentlichung und Abrechnung:
Genomische Zuchtwerte für Kälber werden 2-wöchentlich geschätzt. Zu den Kalibrierungsterminen im April, August und Dezember wird die Single-Step Zuchtwertschätzung für alle Tiere im Pedigree wiederholt. Durch den Informationsrückfluss der Single-Step Methodik profitieren auch untypisierte Tiere von der Information, die sich aus der Typisierung von verwandten Tieren ergibt. Die SNP-Effekte, die aus der Lernstichprobe abgeleitet werden, können bis zur nächsten Re-Kalibrierung zur Schätzung von Kandidatenzuchtwerten herangezogen werden. Zusätzlich zu den Zuchtwerten wird bei männlichen Tieren auch die Reihenfolge nach GZW in der Gruppe der männlichen bzw. weiblichen Halbgeschwister ausgewiesen. Der Tierbesitzer erhält die Informationen vom Zuchtverband. Genomzuchtwerte und Erbfehlerinformationen werden auch in den LKV-Herdenmanager geladen.

Die Kosten belaufen sich für DNA-Extraktion, Genotypisierung und ZWS (ohne Probennahme) auf € 39,- brutto (Stand April 2025). Die Abrechnung erfolgt über den Zuchtverband. Hinsichtlich der Kostenaufteilung gibt es unterschiedliche Regelungen in den einzelnen Zuchtgebieten bis hin zu Anpaarungsverträgen.

Status quo der genomischen Zuchtprogramme

Aufbauend auf den Ergebnissen von verschiedenen Analysen von Einzelmaßnahmen im genomischen Zuchtprogramm wurde mit den Verantwortlichen der Zuchtorganisationen die neuen Zuchtprogramme Fleckvieh AUSTRIA und Brown Swiss AUSTRIA ausgearbeitet (Abb. 4 und 5).

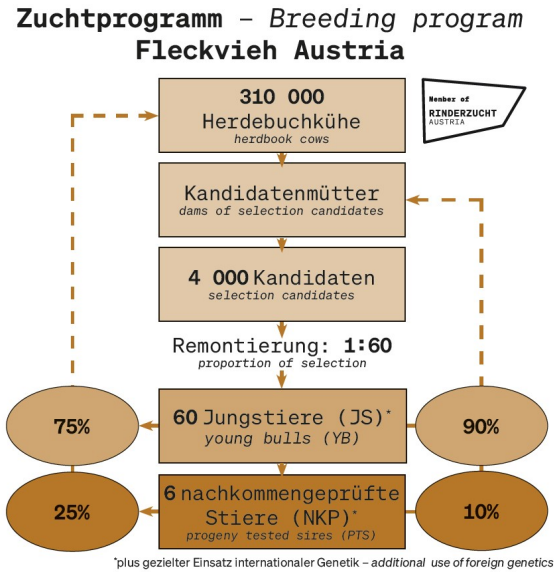


Abb. 4: Genomisches Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA (Kalcher, 2022).

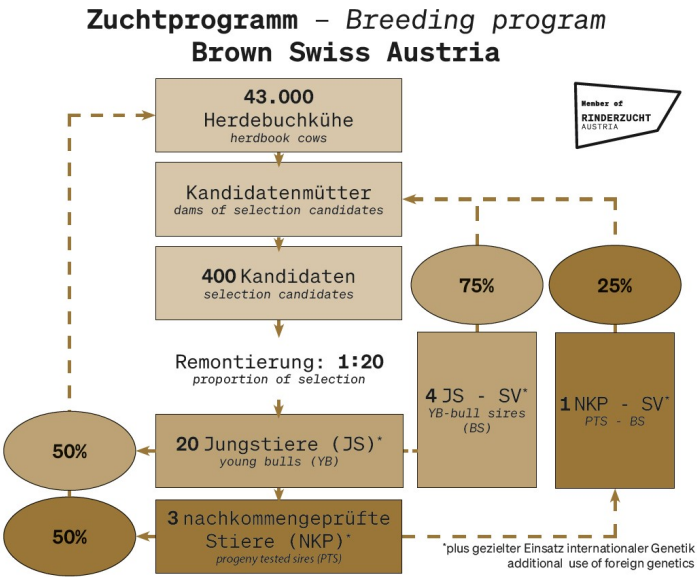


Abb. 5: Genomisches Zuchtprogramm Brown Swiss AUSTRIA (Kalcher, 2022).

In den Fleckvieh- und Brown Swiss-Zuchtprogrammen sollen die besten weiblichen Tiere (Kandidatenmütter) in der gezielten Paarung zu 90 bzw. 75% mit einem genomischen Jungvererber (GJV) belegt werden, bei der Rasse Holstein werden 90% angestrebt. Die daraus geborenen männlichen Kälber werden genotypisiert und daraus in einem Verhältnis von etwa 1 : 60 beim Fleckvieh bzw. 1 : 20 bei Brown Swiss und Holstein die besten Jungstiere selektiert. Diese sollen dann bei Fleckvieh bei 75%, bei Brown Swiss bei der Hälfte bzw. bei Holstein an 70% der Herdebuchkühe in der Besamung eingesetzt werden.

Genotypisierungen

Basis jeder gZWS bzw. jedes genomischen Zuchtprogramms sind Genotypen (SNP-Daten) möglichst vieler untersuchter Tiere. Wie aus Abbildung 6 zu sehen ist, hat sich die Anzahl an Genotypisierungen in Österreich seit Beginn der gZWS deutlich gesteigert. Die Anzahl genotypisierter weiblicher Tiere ist vor allem aufgrund des Herdentypisierungsprojekts FoKUHs (HERDE) deutlich gestiegen.

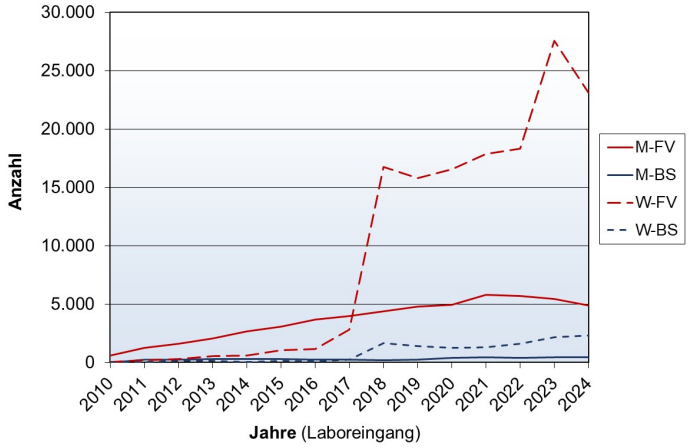


Abb. 6: Anzahl Genotypisierungen für männliche (M) und weibliche (W) Fleckvieh (FV)- und Brown Swss (BS)-Tiere in Österreich.

Insgesamt liegen für die Rassen Fleckvieh und Brown Swiss (Stand April 2025) fast 1 Million Genotypen vor, beim Fleckvieh 860.000, bei Brown Swiss 120.000.

Einsatz genomischer Jungvererber

Da die Sicherheiten der genomischen Zuchtwerte in den Milchmerkmalen normalerweise deutlich über die rechtlich für den breiten Einsatz erforderlichen 50% hinausgehen, können Jungstiere (GJV) über den früheren Prüfeinsatz hinaus eingesetzt werden. Dadurch konnte die Anzahl der angekauften Stiere deutlich reduziert werden – der Ankaufspreis ist aber im Gegenzug deutlich gestiegen. Beim Fleckvieh hat sich seit der Einführung der gZWS die Anzahl von ca. 650 auf 420, bei Brown Swiss von 150 auf etwa 80 pro Jahr reduziert. In Österreich ist der Rückgang beim Fleckvieh von ca. 120 auf 70 bzw. bei Brown Swiss von 25 auf 10 angekaufte Stiere pro Jahr.
Beim Fleckvieh ist das Verhältnis von angekauften Stieren zu untersuchten Kandidaten von ca. 1 : 10 zu Beginn der gZWS auf aktuell ca. 1 : 60 in der Gesamtpopulation Österreich und Deutschland angestiegen. Dieser Wert geht in einzelnen Zuchtgebieten auch darüber hinaus. Bei Brown Swiss hat sich dieser Wert bei ca. 1 : 25 stabilisiert.
Einer der entscheidenden Vorteile der gZWS ist die Verkürzung des Generationsintervalls. In den Abbildungen 7 und 8 ist das durchschnittliche Alter der Eltern bei der Geburt der österreichischen KB-Stiere zu finden. Bei beiden Rassen hat sich das Durchschnittsalter weitgehend halbiert, beim Fleckvieh von 6 auf knapp unter 3, bei Brown Swiss von 7 auf knapp über 3 Jahre. Die Verkürzung des Generationsintervalls rührt ganz besonders von der Vaterseite her und zu einem geringeren Anteil von der Mutterseite.

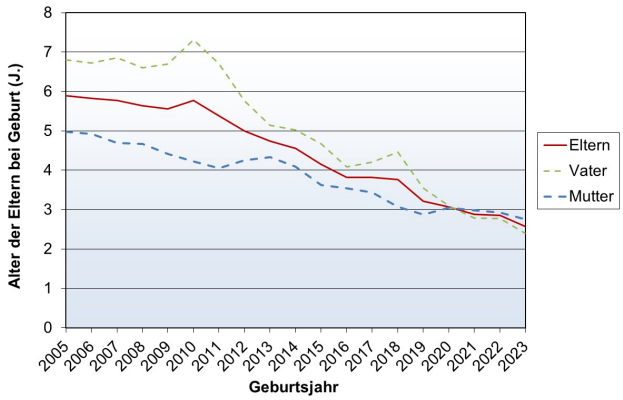


Abb. 7: Alter der Eltern bei Geburt der KB-Stiere getrennt nach Vater und Mutter beim Fleckvieh (DE+AT+CZ)

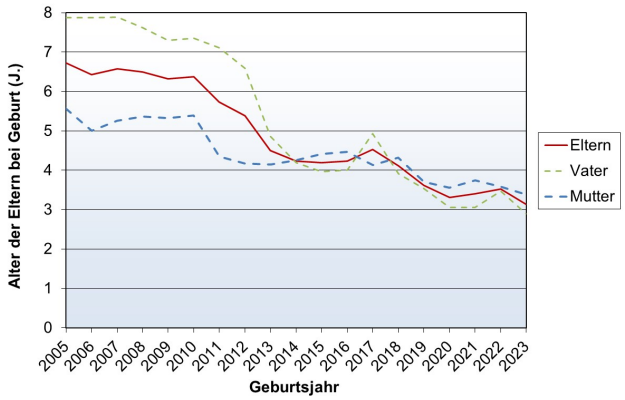


Abb. 8: Alter der Eltern bei Geburt der KB-Stiere getrennt nach Vater und Mutter bei Brown Swiss (DE+AT)

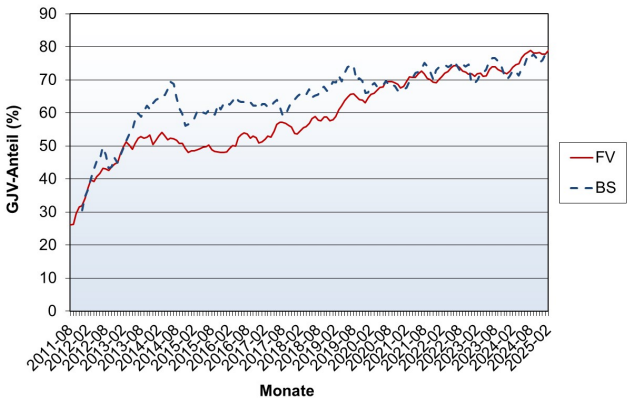


Abb. 9: Anteil Besamungen mit genomischen Jungvererbern (GJV) bei Fleckvieh (FV) und Brown Swiss (BS).

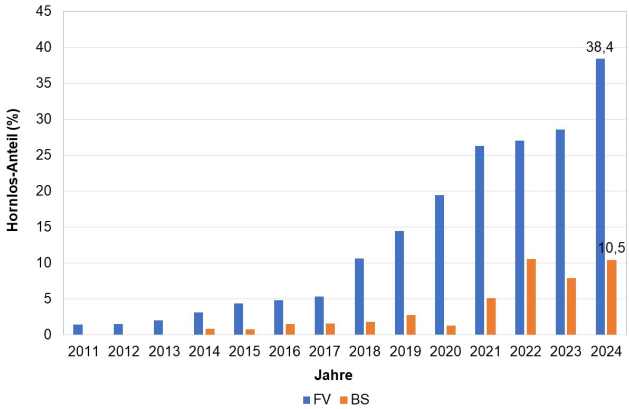


Abb. 10: Anteil Besamungen mit Hornlosstieren (hetero- und homozygot) bei Fleckvieh (FV) und Brown Swiss (BS).

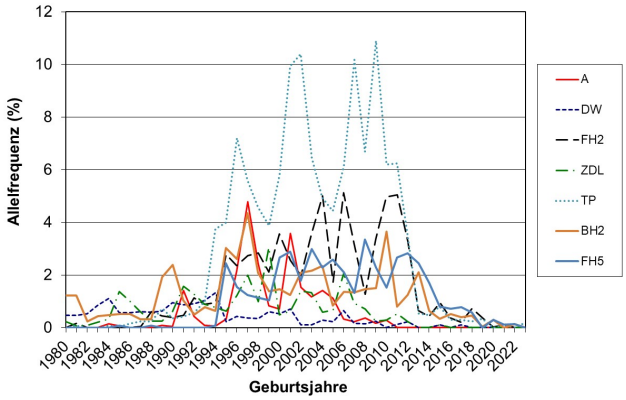


Abb. 11: Genfrequenz der KB-Stiere für die wichtigsten Erbfehler beim Fleckvieh
(A=Spinnengliedrigkeit, DW=Zwergwuchs, FH2=Minderwuchs, ZDL=Zink-defizienz-like Syndrom, TP=Thrombopathie, BH2=Braunvieh-Haplotyp 2, FH5=Fleckvieh-Haplotyp 5).

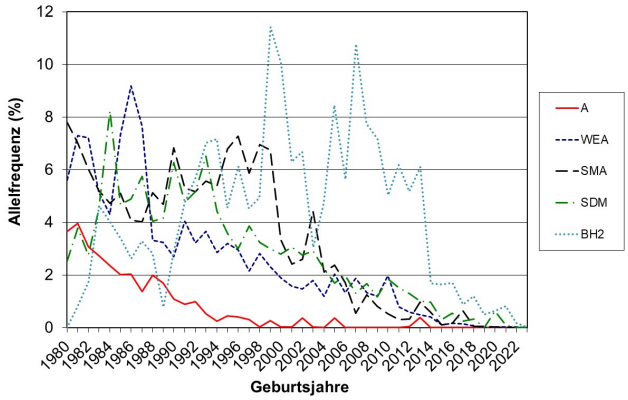


Abb. 12: Genfrequenz der KB-Stiere für die wichtigsten Erbfehler bei Brown Swiss
(A=Spinnengliedrigkeit, WEA=Weaver, SMA= Spinale Muskelatrophie, SDM=Spinale Dysmyeliniserung, BH2=Braunvieh-Haplotyp 2).

In den österreichischen Zuchtprogrammen Fleckvieh, Brown Swiss und Holstein ist ein Besamungsanteil von 75, 50 bzw. 70% mit GJV in der Population vorgesehen. In Abbildung 9 ist die Entwicklung des GJV-Besamungsanteils seit Beginn der gZWS in Österreich zu sehen. In der Auswertung wurden nur Besamungen (KB) von Fleckvieh-Stieren auf Fleckvieh-Kühe bzw. Brown Swiss auf Brown Swiss berücksichtigt. Das heißt, Natursprungbelegungen oder Besamungen mit anderen Rassen (z.B. Gebrauchskreuzungen) wurden hier nicht berücksichtigt. Vor Einführung der gZWS lag der Prüfanteil überwiegend bei ca. 20-30%. Mit der Einführung der gZWS im Jahr 2011 ist der GJV-Anteil in allen Populationen mehr oder weniger rasch gestiegen. Der GJV-Anteil hat sich bei Fleckvieh und Brown Swiss im Bereich der 75%-Marke eingependelt. In einzelnen Regionen werden durch einen zu geringen GJV-Anteil die Möglichkeiten der gZWS bei weitem nicht ausgenutzt. Aus fachlicher Sicht ist ein höherer GJV-Anteil anzustreben (Egger-Danner und Willam, 2019). In manchen Populationen weltweit liegt der GJV-Anteil sogar über 90% (z.B. Stalhammar, 2018).

Ein positiver Nebeneffekt der Verfügbarkeit von Genomdaten ist die deutlich erleichterte Vermeidung von Erbfehler-Risikopaarungen durch die Untersuchung von zahlreichen Erbfehlern und genetischen Besonderheiten. Die genetische Besonderheit der Hornlosigkeit nimmt dabei eine besondere Stellung ein. In Abbildung 10 ist die Entwicklung der Besamungen mit Hornlosstieren (hetero- und homozygot) dargestellt. Vor zehn Jahren lag der Einsatz von hornlosen Stieren noch bei ungefähr 2% aller Besamungen und war damit vernachlässigbar. Seither war bei den Rassen Fleckvieh und Holstein ein enormer Anstieg zu verzeichnen. Beim Fleckvieh wurde im Jahr 2024 bereits fast 40% aller Besamungen mit Hornlos-Stieren durchgeführt, mit weiterhin steigender Tendenz. Bei Brown Swiss ist der Hornlos-Anteil nach wie vor niedrig, dürfte allerdings in nächster Zeit ebenfalls steigen.

So positiv die Verfügbarkeit von Gentestergebnissen für zahlreiche Erbfehler zur Vermeidung von Risikopaarungen ist, so problematisch kann sie für den Zuchtfortschritt sein. In den Abbildungen 11 und 12 sind die durchschnittlichen Genfrequenzen für die wichtigsten Erbfehler bei den Fleckvieh- und Brown Swiss-Besamungsstieren dargestellt. Daraus lässt sich sehr gut erkennen, dass, bis auf einzelne Ausnahmen, in den letzten Jahren keine Träger von bekannten Erbfehlern für den Besamungseinsatz angekauft wurden. Das muss zwangsläufig zu einer Verringerung des Zuchtfortschritts führen. Bei einer besseren Abdeckung der Population mit Anpaarungsprogrammen (z.B. OptiBull), in denen Risikopaarungen ausgeschlossen werden, könnten auch Erbfehlerträger sinnvoll eingesetzt werden.

In der gezielten Paarung (Teststierväter auf Stier- bzw. Kandidatenmütter) sind bei Fleckvieh und Brown Swiss in Österreich 90 bzw. 75% aller Besamungen mit einem GJV vorgesehen (siehe Abbildung 1 und 2). Bei einer Analyse der angekauften KB-Stiere zeigt sich, dass bei über 90% aller angekauften KB-Stiere der Vater zum Zeitpunkt der Belegung noch ein GJV war. Das bedeutet, dass aktuell fast ausschließlich Stiere mit einem GJV als Vater angekauft werden, da diese in der Regel genetisch überlegen sind. Ein Ankauf von Söhnen von NK-Stieren macht nur mehr im Ausnahmefall Sinn, wenn dieser als GJV ‚übersehen' wurde oder im ZW stark gestiegen ist.
Ein Problem beim Einsatz der GJV ist die ungleiche Verteilung. Einzelne, meist sehr teuer angekaufte Top-GJV werden übermäßig stark eingesetzt und erhöhen das Risiko für das genomische Zuchtprogramm durch mögliche Abstürze deutlich.

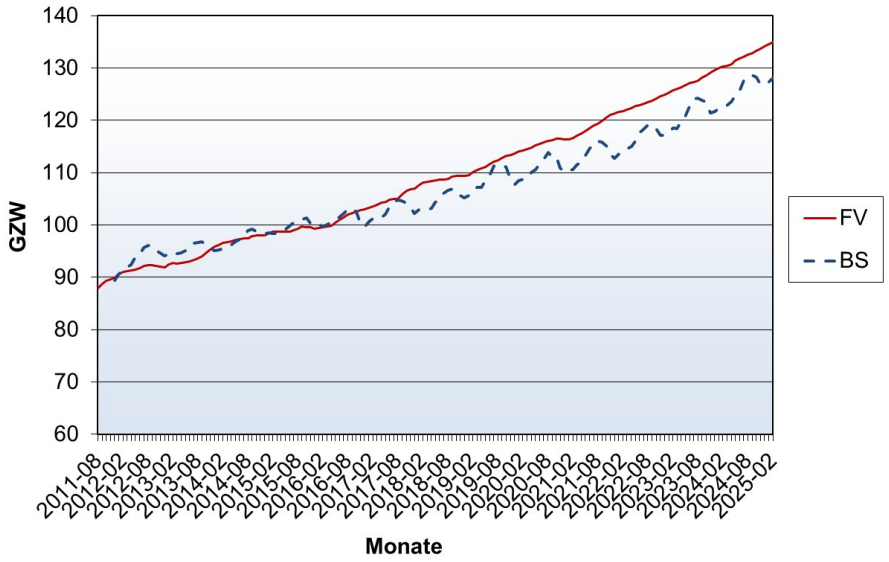


Abb. 13: Entwicklung des GZW-Besamungsniveaus bei Fleckvieh (FV) und Brown Swiss (BS) in Ö (GZW-Streuung Brown Swiss 15!).

In Abbildung 13 ist die Entwicklung des durchschnittlichen Besamungsniveaus hinsichtlich GZW beim Fleckvieh und Brown Swiss in Österreich dargestellt. Es ist beim Fleckvieh ein sehr deutlicher Anstieg des Besamungsniveaus festzustellen, bei Brown Swiss ist das Besamungsniveau trotz der höheren GZW-Streuung deutlich niedriger.
Ein hohes genetisches Niveau der Besamungsstiere ist Grundvoraussetzung für eine positive genetische Entwicklung der Population. Letztlich entscheidend ist die züchterische Entwicklung der Kuhpopulation, also der genetische Trend bei den Kühen (siehe Kapitel 14, Abb. 1 und 2). Bei beiden Rassen ist die Entwicklung in GZW und MW sehr deutlich positiv und in der Fitness seit einigen Jahren ebenfalls deutlich positiv.

Wie aussagekräftig sind die genomischen Zuchtwerte?

Für die Analyse der Stier-ZWe wurden alle 1389 AT- und DE-Fleckvieh-Stiere, die im April 2021 (erste Single-Step-ZWS) noch genomische Jungvererber (GJV) und bei der ZWS im April 2025 bereits Nachkommen-geprüfte Stiere waren, verwendet. Als offiziell Nachkommen-geprüft (NK) gilt ein Stier dann, wenn die GZW-Sicherheit mindestens 82% beträgt, Töchter in mindestens 10 Herden eine Milchleistung aufweisen und bereits 20 Töchter in die Exterieur-ZWS eingegangen sind. Als zusätzliches Kriterium mussten mindestens 10 abgeschlossene Erstlaktationsleistungen der Töchter bei der aktuellen ZWS vorliegen.
In Abbildung 14 sind die durchschnittlichen GZWe dieser Stiere von April 21 und April 25 dargestellt, gruppiert nach altem GZW vom April 21. Man kann erkennen, dass die Zuchtwerte in allen Gruppen in ähnlichem Ausmaß zurückgehen. Dieser Rückgang erklärt sich überwiegend aus der Basisanpassung von -9,8 GZW-Punkten seit April 21. Berücksichtigt man die Basisanpassung errechnen sich für die Gruppen Differenzen zwischen -1,5 und -4,3 Punkten. Das bedeutet, dass die Zuchtwerte auch in der züchterisch besonders interessanten Top-Gruppe im Schnitt gut halten.
Bei den einzelnen Merkmalen im GZW oder auch beim Exterieur sieht es recht ähnlich aus wie hier für den GZW dargestellt. Im Vergleich zu den aktuellen Zuchtwerten ist bei dem einen oder anderen Merkmal eine Über-/Unterschätzung um einzelne ZW-Punkte festzustellen, es sind aber keine grundlegenden Verwerfungen zu beobachten. An einer weiteren Verbesserung wird aber selbstverständlich laufend gearbeitet.

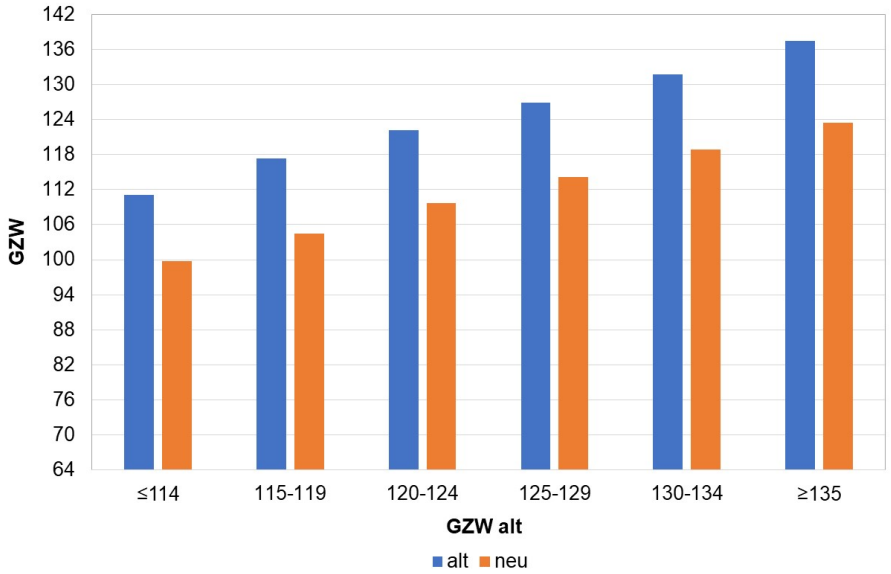


Abb. 14: GZW der Fleckvieh- Stiere, die von „Jungvererber“ (April 21) auf „nachkommengeprüft“ (April 25) gewechselt haben, gruppiert nach altem GZW. Die Basisanpassung betrug in diesen Zeitraum -9,8 Punkte und wurde in dieser Abbildung nicht miteingerechnet.

Was sagen die Stier-Zuchtwerte aus?

Die Stabilität der Zuchtwerte ist selbstverständlich wichtig, noch wichtiger ist allerdings die Vorhersagequalität von Single-Step-Zuchtwerten auf die spätere Leistung der Nachkommen bzw. auf die eigene Leistung.

Milch

In Abbildung 15 ist der Zusammenhang zwischen dem Single-Step-ZW für die Milchmenge als GJV im April 21 mit den späteren Leistungen ihrer Töchter in der 1., 2. und 3. Laktation dargestellt. Man kann gut erkennen, dass höhere Zuchtwerte auch mit deutlich höheren Töchterleistungen verbunden sind. Allerdings produzieren die Töchter bekanntlich in unterschiedlichsten Herdenniveaus und stammen von genetisch sehr unterschiedlichen Kühen ab, sodass diese einfache Darstellung der rein phänotypischen Leistungen nur eine begrenzte Aussage zulässt. Richtiger ist es, die Leistung nach Korrektur der Umwelteinflüsse und des Anpaarungsniveaus darzustellen (korrigierte Leistungen, Fachausdruck: yield deviations YD). Aus der Darstellung in Abbildung 16 kann man sehr gut erkennen, dass die Voraussage der durchschnittlichen Töchterleistungen basierend auf dem Single-Step-ZW als GJV ausgezeichnet funktioniert. Die grünen Säulen zeigen die aufgrund der ZW-Unterschiede als GJV theoretisch erwarteten Differenzen über alle Laktationen im Vergleich zur untersten Gruppe (≤399 kg). In der höchsten Gruppe (über 1000 kg ZW) wird im Schnitt eine Überlegenheit von +473 kg pro Laktation im Vergleich zur untersten Gruppe erwartet. Die tatsächlich erreichten Werte (+445 in der 1., +510 in der 2. und +495 kg in der 3. Laktation) passen also nahezu perfekt zur theoretischen Erwartung. Das passt auch genau zur Annahme, dass man bei Stieren mit einem ZW von +1000 kg Milch erwarten kann, dass ihre Töchter (bei Anpaarung an eine durchschnittliche Stichprobe und in einer durchschnittlichen Umwelt) eine um 500 kg überdurchschnittliche Milchleistung pro Laktation aufweisen.

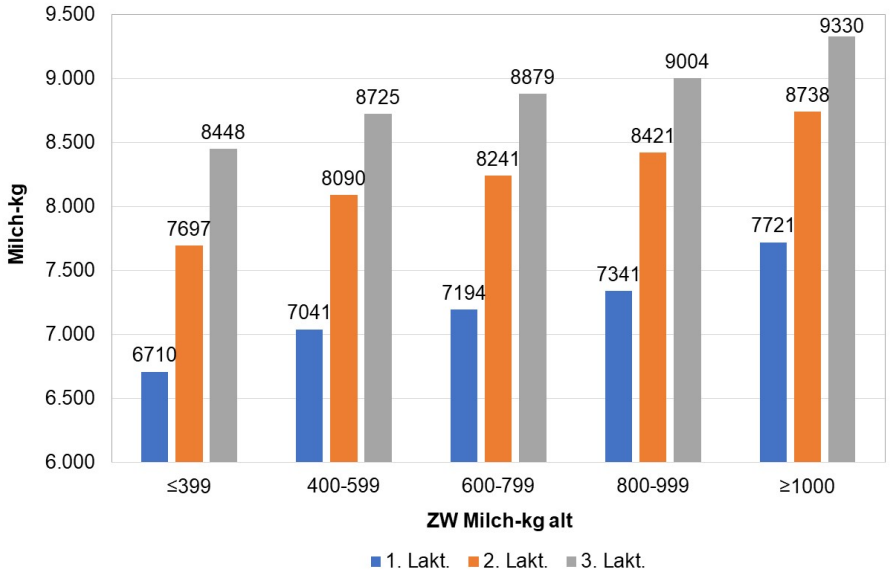


Abb. 15: Durchschnittliche Töchter-Milchleistungen (Stand Apr. 25) gruppiert nach historischem Single-Step-ZW vom Apr. 21 als GJV.

Abb. 16: Durchschnittliche bzw. theoretisch erwartete Töchter-Milchleistungen (Stand Apr. 25) nach historischem Single-Step-ZW vom Apr. 21 als GJV (umweltkorrigiert als Abweichung von unterster Gruppe).

Nutzungsdauer

Die Nutzungsdauer ist ein äußerst wichtiges Merkmal, allerdings für diese Analyse schwierig, weil die Töchter von einem Stier, der im April 21 noch ein genomischer Jungvererber (GJV) war, noch gar nicht die Chance hatten, ihre volle Nutzungsdauer zu zeigen. Daher wurde als Merkmal der Anteil der Töchter, die seither zumindest bereits eine 2. bzw. 3. Abkalbung erreicht haben, gewählt. Hier zeigt sich, dass etwa 6% bzw. 8% mehr Töchter von einem GJV mit einem Nutzungsdauer-ZW von mind. 120 die 2. bzw. 3. Laktation erreicht haben als Töchter von Stieren mit einem knapp unterdurchschnittlichen alten Nutzungsdauer-ZW (Abb. 17).

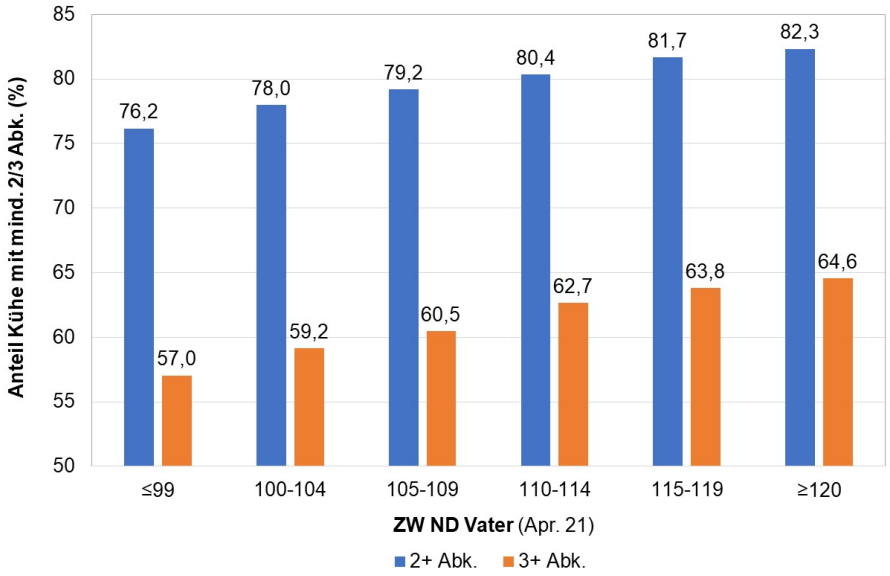


Abb. 17: Anteil Töchter, die zumindest bereits die 2. bzw. 3. Abkalbung erreicht haben (Stand Apr. 25), gruppiert nach historischem Single-Step-ZW für Nutzungsdauer vom Apr. 21 als GJV.

Kalbeverlauf

Für den Kalbeverlauf wurde die paternale Schwergeburtenrate als Merkmal gewählt. Generell zeigt sich, dass die Schwergeburtenrate mittlerweile bereits sehr niedrig ist, sicher auch ein Verdienst der genomischen ZWS. Bei den Abkalbungen von GJV mit einem paternalen Kalbeverlaufs-ZW von mind. 115 gab es weniger als halb so viele Schwergeburten wie bei Stieren mit leicht unterdurchschnittlichem Kalbeverlauf paternal (Abb. 18). Der Unterschied ist sogar etwas unterschätzt, weil Stiere mit mäßigem Kalbeverlaufs-ZW tendenziell eher auf unproblematische, rahmige Kalbinnen/Kühe eingesetzt werden und umgekehrt. Daraus kann man schließen, dass man sich auf diese Zuchtwerte verlassen und durchaus auch GJV auf Kalbinnen einsetzen kann. Selbst bei leicht unterdurchschnittlichen paternalen Kalbeverlaufszuchtwerten hält sich das Risiko in Grenzen.

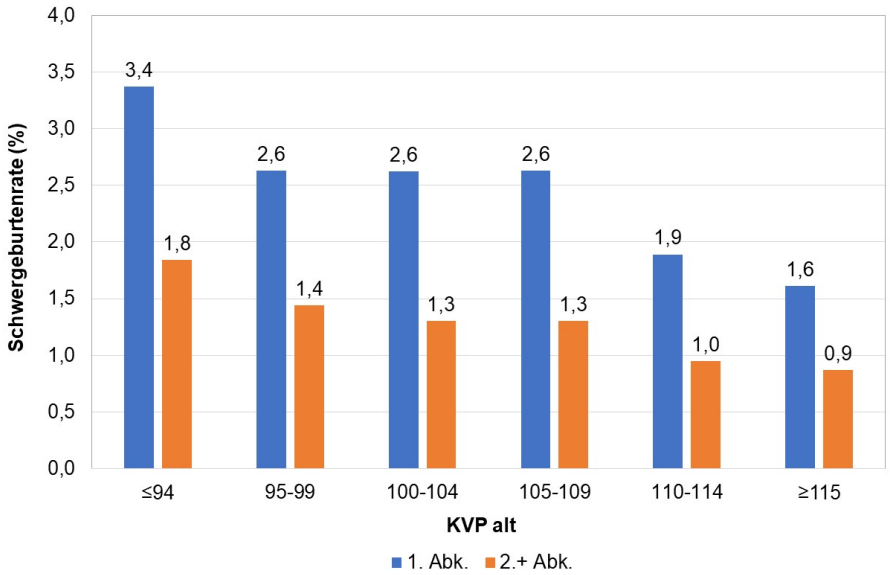


Abb. 18: Durchschnittliche Schwergeburtenrate (Stand Apr. 24) gruppiert nach historischem Single-Step-ZW für den paternalen Kalbeverlauf vom Apr. 21 als GJV.

Gesundheit

Im Eutergesundheitswert (EGW) steckt bekanntlich zu 70% die Zellzahl und zu 30% die Mastitis. Die Töchter von Stieren mit einem EGW unter 94 im April 21 (ohne Töchterleistungen in der ZWS) haben in der 1. Laktation eine durchschnittliche Zellzahl von ca. 150.000 (Abb. 19). Bei den Töchtern der besten GJV nach EGW liegen die Werte bei 90.000, also eine um 60.000 niedrigere Zellzahl. Die Mastitisrate (bis 150. Laktationstag) liegt bei einem alten EGW unter 94 bzw. über 115 bei 7,5 bzw. 4,1% (ohne Abbildung), somit ebenfalls ein deutlicher Unterschied in der erwarteten Richtung.

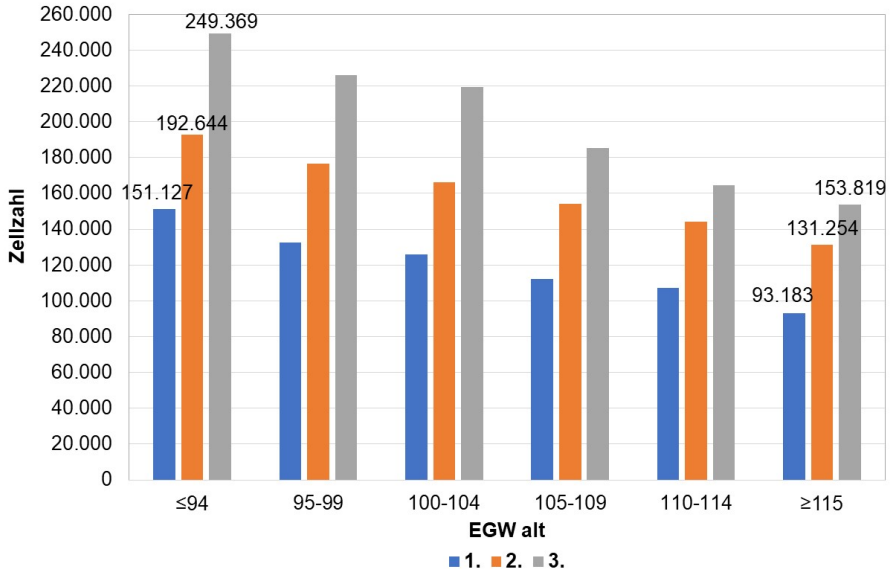


Abb. 19: Durchschnittliche Zellzahl (Stand Apr. 25) gruppiert nach historischem Single-Step-ZW für den Eutergesundheitswert (EGW) vom Apr. 21 als GJV.

Exterieur

Das Exterieur ist nicht zuletzt wegen des Zusammenhangs zu Funktionalität, Fitness und Gesundheit von großem Interesse. Durch die spezielle Bedeutung des Euters wird die Euternote als Beispiel aus der Vielzahl an Exterieurmerkmalen herausgegriffen. In Abbildung 20 ist der Zusammenhang zwischen dem rein genomischen Single-Step-ZW für die Euternote vom April 21 (also noch ohne Töchterinformation) und der späteren durchschnittlichen Euternote der österreichischen Töchter dargestellt. Stiere mit bescheidenen Euterzuchtwerten rund um 100 werden verstärkt auf Kühe mit gutem Euter bzw. mit höheren Euterzuchtwerten eingesetzt, sodass die Nachkommen relativ gut abschneiden. Das ergibt sich auch aus der Verwendung von Anpaarungsprogrammen, wo das Euter einen entsprechend hohen Stellenwert aufweist. Um dieser Verzerrung zu entgehen, ist es notwendig, solche Einflussfaktoren wie Anpaarungsniveau oder Betriebs- und Bewertereinflüsse zu korrigieren. Diese von diversen Einflussfaktoren korrigierten Noten sind als Abweichung von der untersten ZW-Klasse in Abbildung 21 dargestellt. Es zeigt sich ein nahezu linearer Anstieg der Euternote der Töchter mit höherem Euter-ZW als GJV. Sehr ähnlich sind die Zusammenhänge auch beim Fundament, allerdings mit geringerer Bandbreite (ohne Abbildung).

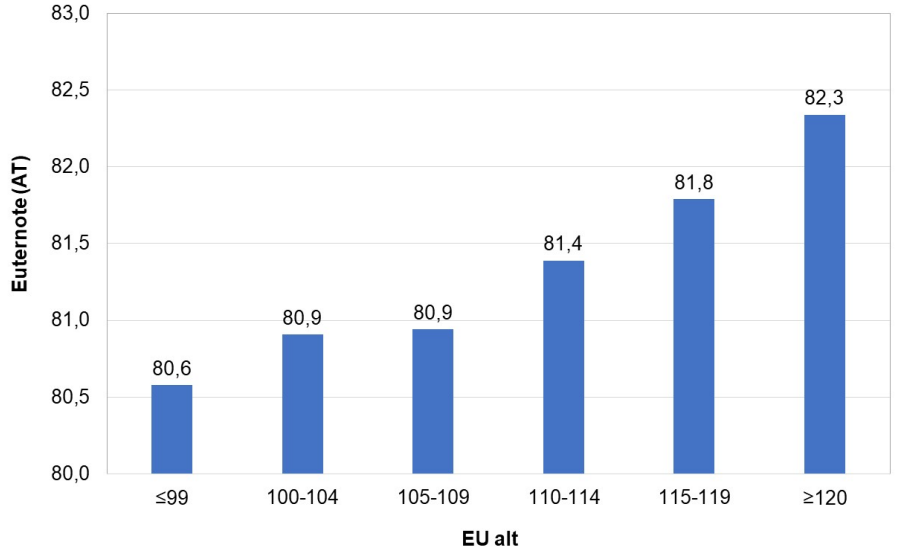


Abb. 20: Durchschnittliche Euternote (nur österr. Daten, Stand Apr. 25) gruppiert nach historischem Single-Step-ZW für das Euter vom Apr. 21 als GJV.

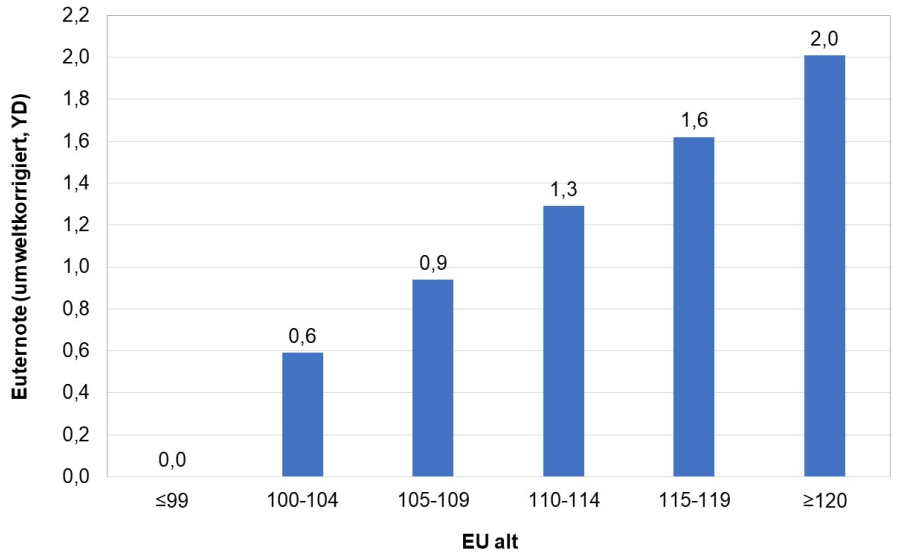


Abb. 21: Durchschnittliche korrigierte Euternote (Stand Apr. 25) gruppiert nach historischem Single-Step-ZW für das Euter vom Apr. 21 als GJV (umweltkorrigiert als Abweichung von unterster ZW-Gruppe).

Kann man sich auf die Zuchtwerte von Kalbinnen verlassen?

Interessant ist nicht nur der Zusammenhang zwischen Stier-ZW und Töchterleistung, sondern auch der Zusammenhang zwischen dem ZW als Jungrind bzw. Kalbin und der späteren Leistung als Kuh. Abbildung 22 zeigt den Zusammenhang zwischen dem Single-Step-ZW für die Milchmenge von 31.947 Jungrindern bzw. Kalbinnen vom April 21 (ohne Eigenleistung) und der bisher vorliegenden (unkorrigierten) Absolutleistung dieser Tiere. Kühe, die im April 21 (als Jungrind/Kalbin) einen Single-Step-ZW für Milchmenge von mindestens +1000 hatten, weisen eine durchschnittliche Leistung von 8.928/10.096/10.846 kg in der 1./2./3. Laktation auf. Damit liegen sie um 1800 bis 2000 kg über der Gruppe mit etwa durchschnittlichem ZW für Milchmenge. Da Tiere mit hohen Zuchtwerten im Schnitt in Betrieben mit besserem Management stehen, ist es auch hier notwendig, die Leistung auf vergleichbare bzw. durchschnittliche Umweltverhältnisse zu korrigieren. In Abbildung 23 sind diese umweltkorrigierten Leistungen dargestellt. Die Überlegenheit in den einzelnen Gruppen entspricht, ähnlich wie bei den Stieren, praktisch exakt den theoretischen

Erwartungen. Beispielsweise zeigen die Jungrinder/Kalbinnen mit einem ZW von mindestens +1000 kg Milch später als Kühe im Schnitt um über 1000 kg höhere Leistungen.
Diese sehr gute Übereinstimmung mit der Theorie lässt sich selbstverständlich nicht auf jedes Einzeltier übertragen. Bei einzelnen Kühen können die Abweichungen von der theoretischen Erwartung gravierend sein, wie aus der Abbildung 24, einer Boxplot-Darstellung für die 1. Laktation, ersichtlich ist. In der +1000-Gruppe gibt es z.B. einzelne Tiere, die sogar unter -1000 kg liegen, andererseits gibt es z.B. auch ein paar Tiere aus der untersten Gruppe, die sogar über +2000 kg umweltkorrigierte Leistung aufweisen.

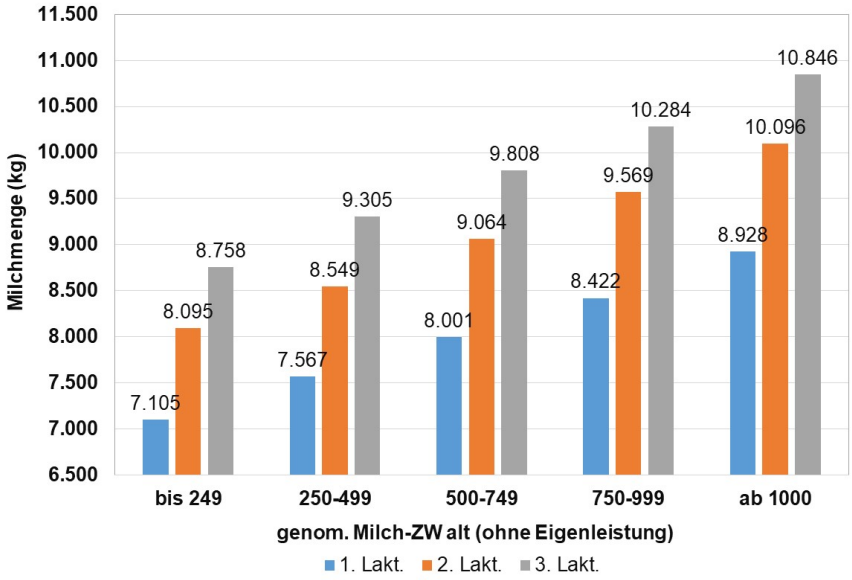


Abb. 22: Durchschnittliche Milchleistungen (Stand Apr. 25) gruppiert nach historischem Single-Step-ZW vom Apr. 21 als Jungrind/Kalbin.

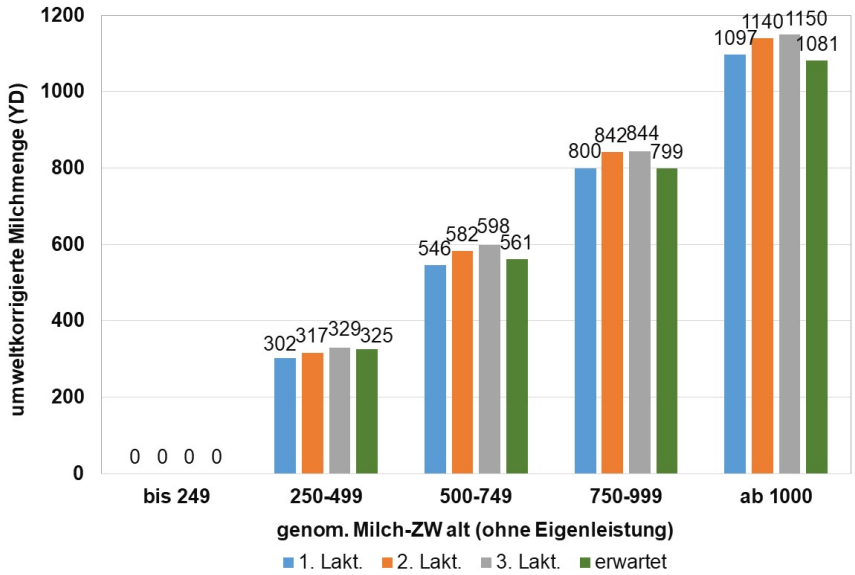


Abb. 23: Durchschnittliche bzw. theoretisch erwartete umweltkorrigierte Milchleistungen (Stand Apr. 25) gruppiert nach historischem Single-Step-ZW vom Apr. 21 als Jungrind/Kalbin.

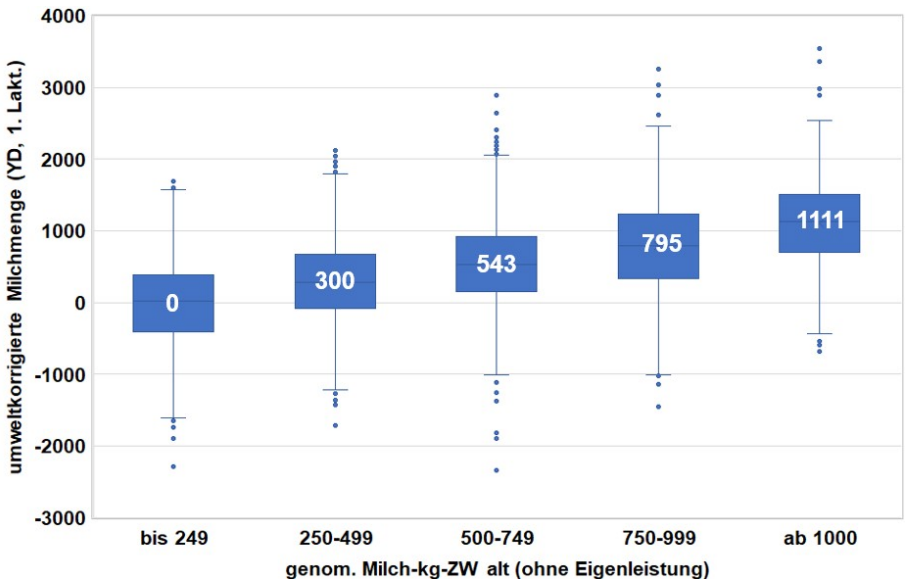


Abb. 24.: Zusammenhang zw. genom. Milch-ZW als Jungtier (Apr. 21) und umweltkorrigierter Erstlaktationsleistung als Kuh (Stand Apr. 25) als Boxplot-Darstellung (im blauen Kasten liegen die mittleren 50% der Daten, die Antennen bzw. Punkte zeigen die Streubreite an).

Resümee

Die Zuchtprogramme haben sich durch die Einführung der genomischen Selektion weltweit stark verändert. Durch die deutlich höheren ZW-Sicherheiten werden bereits Jungstiere breit eingesetzt. Der Anteil der GJV an allen Besamungen ist dabei zwischen Regionen und Rassen unterschiedlich, hat aber bereits ein hohes Ausmaß erreicht. Hinderlich für den Zuchtfortschritt sind der zu starke Einsatz einzelner Stiere, der strenge Ausschluss von Erbfehlerträgern und die starke Berücksichtigung der Hornlosigkeit und anderer genetischer Besonderheiten.

Die Analysen nach 4 Jahren Single-Step-ZWS zeigen, dass die Zuchtwerte den theoretischen Erwartungen entsprechend stabil sind und die erwarteten höheren Töchter- bzw. Eigenleistungen tatsächlich realisiert werden. Die Single-Step-Zuchtwerte sind nicht nur für die Selektion der Besamungsstiere geeignet, sondern ermöglichen auch auf der weiblichen Seite eine bessere Differenzierung und damit eine sicherere Selektionsentscheidung. Das gilt einerseits für den Spitzenzuchtbereich, aber auch für die innerbetriebliche Selektion. Die Genotypisierung von weiblichen Tieren (z.B. FoKUHs Herde) ist daher eine sinnvolle Investition zur Optimierung der Selektion und Anpaarung. In diesem Beitrag wurde der Schwerpunkt auf die Milchleistung gelegt, in einer der nächsten Ausgaben sollen auch die nicht minder wichtigen Fitness- und Gesundheitsmerkmale näher beleuchtet werden.

Die genomische Selektion hat sich in Österreich und Deutschland in den letzten Jahren gut etabliert. Es wird allerdings notwendig sein, die genomischen Zuchtprogramme weiter zu optimieren und konsequent umzusetzen.

16. Zuchtwertschätzung für Fleisch- und Generhaltungsrassen

In der modernen Tierzucht sind geschätzte Zuchtwerte für wirtschaftlich bedeutende Merkmale die wichtigsten Hilfsmittel zur Selektion. Bei den reinen Fleischrindern beschränkte sich das Angebot an Zuchtwerten lange auf den Bereich der Gebrauchskreuzung. Im Jahr 2017 wurde allerdings eine ZWS für Fleisch- und Generhaltungsrassen in der Reinzucht eingeführt.

16.1 Zuchtwerte in der Gebrauchskreuzung

Seit dem Jahr 2000 wird von der Rinderzucht Austria bzw. ZuchtData ein "Gesamtzuchtwert" für Fleckvieh-, Original-Braunvieh- und Fleischrassestiere in der Gebrauchskreuzung zur Verfügung gestellt - der **Gebrauchskreuzungszuchtwert (GKZ)**.

Zweifelsohne stellt das Fleisch den wichtigsten Bereich in der Gebrauchskreuzung dar, da die Einnahmen ausschließlich über die Fleischnutzung erzielt werden können. Der FW wird sehr stark von der Zuwachsleistung geprägt und weniger von den eigentlichen Schlachtleistungsmerkmalen. Für den GKZ wurde daher eine Gewichtung mit stärkerer Betonung der Schlachtleistung gewählt.
Für eine wirtschaftliche Gebrauchskreuzung ist selbstverständlich nicht nur die Fleischleistung der Nachkommen wichtig, sondern auch die Fruchtbarkeit der eingesetzten Stiere, ein problemloser Kalbeverlauf und vitale Kälber. Deshalb werden für die Berechnung des GKZ nicht nur die Fleischzuchtwerte, sondern auch die Zuchtwerte für den paternalen Kalbeverlauf und der Vitalitätswert berücksichtigt. In Tabelle 1 sind die wirtschaftlichen Gewichte dargestellt. Zwischen Fleisch und Fitness ergibt sich ein Verhältnis von 70 : 30.

Tabelle 1: Wirtschaftliche Gewichte zur Berechnung des Gebrauchskreuzungszuchtwertes (GKZ) auf Basis Fleckvieh und Brown Swiss.

	Merkmal	Wirtschaftliches Gewicht (%)	
Fleisch	**Nettozunahme**	25	**70**
	Ausschlachtung	20	
	Handelsklasse	25	
Fitness	**Kalbeverlauf paternal**	15	**30**
	Vitalitätswert	15	

Der GKZ wird ebenfalls als Relativzahl mit Mittelwert 100 und einer Streuung von 12 Punkten veröffentlicht, wobei Zuchtwerte über 100 züchterisch wünschenswert sind.
Der GKZ liefert objektive Informationen über die einzelnen angebotenen Stiere der jeweiligen Rassen. Da die Unterschiede sowohl in Bezug auf Fleischleistung als auch Fitnessmerkmale innerhalb einer Rasse sehr groß sind und auch größer sein können als zwischen verschiedenen Rassen, steht mit den Ergebnissen der Zuchtwertschätzung ein wertvolles Hilfsmittel zur Verfügung, um die passenden Vatertiere zu finden. Da mit den Tieren aus der Gebrauchskreuzung in der Regel nicht weitergezüchtet wird, ist es zwar fachlich nicht korrekt aber in der Praxis kein Problem, dass der Heterosiseffekt nicht in der Zuchtwertschätzung berücksichtigt wird.

16.2 Zuchtwerte in der Reinzucht

In den letzten Jahren wurde im Auftrag der Rinderzucht Austria von der ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH eine umfangreiche Zuchtwertschätzung (ZWS) für Fleisch- und Generhaltungsrassen in der Reinzucht entwickelt und seit 2017 veröffentlicht. Die ZWS wird einmal jährlich jeweils im Jänner durchgeführt.

Die ZWS wird für folgende **Rassen** durchgeführt: Angus, Blonde d'Aquitaine, Charolais, Fleckvieh, Grauvieh, Kärntner Blondvieh, Limousin, Murbodner, Original-Braunvieh, Pinzgauer, Pustertaler Sprintzen, Tuxer und Waldviertler Blondvieh.
Die ZWS umfasst folgende **Merkmale**:

- Fleisch:
  - 200-Tage-Gewicht
  - 365-Tage-Gewicht
  - Nettozunahme
  - Ausschlachtung (nur Fleckvieh)
  - Handelsklasse
- Kalbemerkmale:
  - Kalbeverlauf
  - Totgeburtenrate
- Fruchtbarkeit:
  - Zwischenkalbezeit
- Gesamtzuchtwert

Die Zuchtwertschätzungen werden jeweils mit der bestmöglichen Methodik, dem BLUP-Tiermodell, für jede Rasse separat durchgeführt.
Alle Zuchtwerte werden als Relativzuchtwerte mit einem Mittelwert von 100 und einer genetischen Streuung von 12 Punkten veröffentlicht. Als Basis werden die Geburtsjahre der Stiere 5 bis 10 Jahre zurück verwendet (2025: 2015-2020). Die Mindest-Sicherheit beträgt generell 30%. Höhere Zuchtwerte sind züchterisch erwünscht (z.B. höhere Zunahmen, weniger Schwergeburten, niedrigere Zwischenkalbezeit). Zu beachten ist, dass die Zuchtwerte nur innerhalb der jeweiligen Rasse vergleichbar sind, aber nicht zwischen Rassen oder Ländern!

16.2.1 Fleisch

Daten

In die Fleisch-ZWS gehen Wiege- und Schlachtdaten von Tieren mit unter 25% Fremdgenanteil ein. Es werden nur Tiere mit bekannten Eltern berücksichtigt.

Wiegedaten:

- 200-Tage-Gewicht: 90. bis 280. Tag
- 365-Tage-Gewicht: 281. bis 500 Tag

Es werden alle im RDV vorliegenden Wiegungen ab dem Jahr 2002 verwendet. Dabei werden nicht die veröffentlichten Standardgewichte verwendet, sondern direkt die originalen Gewichte, da die Alterskorrektur in der ZWS erfolgt.

Schlachtdaten:
Es werden die Schlachtdaten von allen Nutzungsrichtungen verwendet, bei Doppelnutzungsrassen (Fleckvieh, Pinzgauer, Grauvieh) also auch von Tieren aus der Milchnutzung. Die Schlachtdaten ab dem Jahr 2008 werden dabei in zwei Altersgruppen (unter bzw. über ein Jahr) aufgeteilt:

- über 1 Jahr:
  - Jungstiere (Kategorie A): 366-730 Tage alt
  - Ochsen (Kategorie C): 366-960 Tage alt

- unter 1 Jahr:
  - Kälber (Kategorie V): 14-240 Tage
  - Jungrinder (Kategorie Z): 241-365 Tage
  - Berücksichtigung des Geschlechts (M/W/Ochse)

Modell

Die ZWS für Fleischmerkmale wird mit einem Mehrmerkmals-BLUP-Tiermodell für jede Rasse separat mit dem Programm MiX99 durchgeführt (Lidauer et al., 2016). Die Sicherheiten werden mit dem Programm ApaX (Stranden et al., 2016) berechnet.
Folgende Effekte werden bei den **Wiegemerkmalen** berücksichtigt:

- Geschlecht (für Geburtsgewicht)
- Alter (linear und quadratisch) innerhalb Geschlecht (für 200- und 365-Tage-Gewicht)
- Laktation-Kalbealter
- Jahr-Monat
- Betrieb
- Betrieb-Jahr (zufällig)
- Permanenter Umwelteffekt der Mutter (zufällig)
- Genetischer Effekt der Mutter (zufällig)
- Genetischer Effekt des Tieres (zufällig)

Bei den **Schlachtmerkmalen** werden folgende Einflussfaktoren in der ZWS berücksichtigt:

- Alter (linear und quadratisch) innerhalb Kategorie und Geschlecht
- Laktation-Kalbealter
- Jahr-Monat-Saison
- Schlachthof-Jahr
- Betrieb
- Betrieb-Jahr (zufällig)
- Genetischer Effekt des Tieres (zufällig)

Genetische Parameter

Die Heritabilitäten (Erblichkeiten) der Merkmale und genetischen Korrelationen zwischen den Merkmalen wurden für mehrere Rassen geschätzt. Letztlich werden die Fleckvieh-Parameter für alle Fleischrassen und die Murbodner-Parameter für alle Generhaltungsrassen verwendet.

Tabelle 2: Genetische Parameter für alle Fleischrassen (Ausschlachtung nur bei Fleckvieh)

	GG	G200	G365	NTZ1	NTZ2	AUS1	AUS2	HKL1	HKL2	GGm	G200m	G365m
GG	**0,20**	0,48	0,43	0,29	0,34	0,03	0,08	0,12	0,12	-0,34	-0,23	-0,21
G200		**0,21**	0,94	0,45	0,53	0,19	0,19	0,17	0,19	0,04	-0,35	-0,35
G365			**0,22**	0,44	0,65	0,20	0,22	0,22	0,34	-0,02	-0,26	-0,24
NTZ1				**0,29**	0,78	0,30	0,31	0,39	0,35	0,07	-0,16	-0,11
NTZ2					**0,25**	0,33	0,48	0,23	0,45	0,02	0,05	0,09
AUS1						**0,38**	0,85	0,51	0,48	0,01	-0,06	-0,06
AUS2							**0,39**	0,47	0,43	0,02	-0,05	-0,06
HKL1								**0,25**	0,74	0,09	-0,23	-0,12
HKL2									**0,28**	-0,08	-0,18	-0,07
GGm										**0,03**	0,63	0,65
G200m											**0,06**	0,97
G365m												**0,06**

GG=Geburtsgewicht, G200=200-Tage-Gewicht, G300=365-Tage-Gewicht, NTZ1/2=Nettozunahme unter/über 1 Jahr, HKL1/2=Handelsklasse unter/über 1 Jahr, m=maternal

Tabelle 3: Genetische Parameter für alle Generhaltungsrassen

	GG	G200	G365	NTZ1	NTZ2	HKL1	HKL2	GGm	G200m	G365m
GG	**0,26**	0,65	0,52	0,44	0,30	0,15	0,18	-0,43	-0,37	-0,21
G200		**0,22**	0,95	0,67	0,70	0,28	0,21	-0,15	-0,27	-0,24
G365			**0,20**	0,69	0,68	0,29	0,25	0,04	-0,06	-0,05
NTZ1				**0,27**	0,84	0,36	0,27	0,12	0,11	0,04
NTZ2					**0,24**	0,38	0,34	0,12	0,11	0,00
HKL1						**0,21**	0,81	0,07	0,07	0,01
HKL2							**0,22**	0,06	0,04	-0,03
GGm								**0,08**	0,55	0,53
G200m									**0,06**	0,96
G365m										**0,07**

GG=Geburtsgewicht, G200=200-Tage-Gewicht, G300=365-Tage-Gewicht, NTZ1/2=Nettozunahme unter/über 1 Jahr, HKL1/2=Handelsklasse unter/über 1 Jahr, m=maternal

Zuchtwerte

Die Zuchtwerte für Nettozunahme bzw. Handelsklasse unter bzw. über 1 Jahr werden jeweils mit einer Gewichtung von 50%:50% zu einem ZW kombiniert. Veröffentlicht werden letztlich die Zuchtwerte für das direkte 200- und 365-Tage-Gewicht, Nettozunahme, Handelsklasse und das maternale 200-Tage-Gewicht als Hinweis auf die Milchleistung der Mutter. Das Geburtsgewicht dient nur als Hilfsmerkmal, wird aber selbst nicht veröffentlicht. Aus den Zuchtwerten für das 200- und 365-Tage-Gewicht, Nettozunahme und Handelsklasse wird mit Hilfe der Indexmethode ein Fleischrinder-Fleischwert (FFW) errechnet. Die Gewichtung ist in Tabelle 4 zu finden.

Tabelle 4: Gewichtung im Fleischrinder-FW (FFW)

Merkmal	Fleisch- und Doppelnutzung (außer FV, AA)	Fleckvieh	Angus	Generhaltung
200-Tage-Gewicht	29	29	33,3	25
365-Tage-Gewicht	29	29	33,3	25
Nettozunahme	21	14	16,7	25
Ausschlachtung		14		
Handelsklasse	21	14	16,7	25

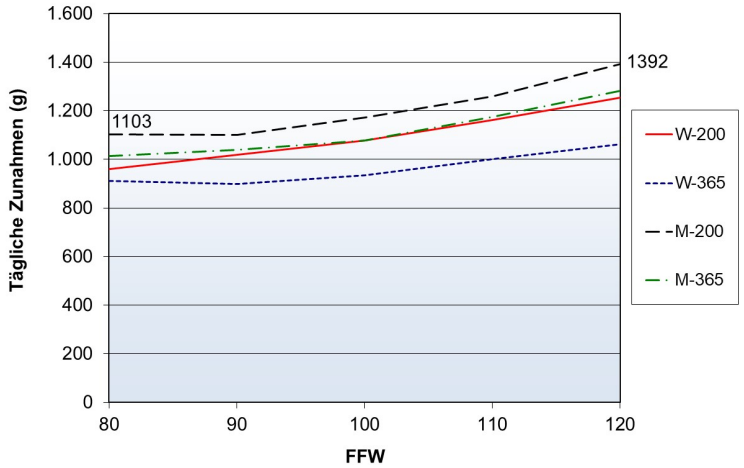


Abb. 1: Zusammenhang zwischen dem Fleischrinder-Fleischwert FFW des Vaters und den täglichen Zunahmen am 200. bzw. am 365. Lebenstag für männliche (M) und weibliche Nachkommen (W) beim Fleckvieh.

16.2.2 Kalbemerkmale

Daten

In die ZWS für Kalbemerkmale gehen die Kalbedaten von Tieren mit unter 25% Fremdgenanteil seit dem Jahr 2000 ein. Es werden nur Einlingsgeburten mit bekannten Eltern berücksichtigt.
Als Merkmal für **Kalbeverlauf** bzw. Leichtkalbigkeit wird in Österreich die 5-stufige Einteilung der Rinderzucht Austria verwendet:

- Leichtgeburt (keine Geburtshilfe erforderlich)
- Normalgeburt (Geburtshilfe von einer Person erforderlich)
- Schwergeburt (Geburtshilfe von mehr als einer Person oder mechanischer Geburtshelfer erforderlich)
- Kaiserschnitt
- Embryotomie (Zerstückeln des Kalbes)

Für die Zuchtwertschätzung werden Kaiserschnitt und Embryotomie zusammengefasst. Je nach Häufigkeit der einzelnen Klassen wird jeder dieser Klassen der Durchschnittswert einer normalverteilten Zufallsvariable zugeordnet. Die Transformation erfolgt dabei innerhalb Region-Jahr.

Totgeburtenrate:
Die Totgeburtenrate wird als Ja/Nein-Merkmal in der Zuchtwertschätzung verwendet, wobei auch die Todesfälle bis 48 Stunden nach der Geburt mitgezählt werden. Fehlende Totgeburten- bzw. Verendungsmeldungen werden aufgrund der Daten aus der Tierkennzeichnung korrigiert. Dabei werden Tiere, die innerhalb von 2 Tagen nach der Geburt einen Systemaustritt hatten, auf verendet gesetzt.
Zusätzlich zu den Zielmerkmalen Kalbeverlauf und Totgeburtenrate gehen auch die Trächtigkeitsdauer und das Geburtsgewicht als Hilfsmerkmale in die ZWS ein. Bei Kalbeverlauf und Totgeburtenrate werden die 1. und höhere Abkalbungen als verschiedene Merkmale aufgefasst.

Modell

Die ZWS für Kalbemerkmale wird mit einem Mehrmerkmals-BLUP-Tiermodell für jede Rasse separat mit dem Programm MiX99 durchgeführt (Lidauer et al., 2016). Die Sicherheiten werden mit dem Programm ApaX (Stranden et al., 2016) berechnet.
Folgende Effekte werden berücksichtigt:

- Region-Jahr-Monat
- Geschlecht
- Laktation-Kalbealter
- Betrieb
- Betrieb-Jahr (zufällig)
- Permanenter Umwelteffekt der Mutter (zufällig)
- Genetischer Effekt der Mutter (zufällig)
- Genetischer Effekt des Tieres (zufällig)

Genetische Parameter

Die Heritabilitäten (Erblichkeiten) der Merkmale und genetischen Korrelationen zwischen den Merkmalen wurden für mehrere Rassen geschätzt. Letztlich werden die Fleckvieh-Parameter für alle Rassen aus Murbodner verwendet, für die eigene Parameter geschätzt und verwendet werden.

Tabelle 5: Genetische Parameter für alle Rassen außer Murbodner

	KVL1p	KVL2p	TOT1p	TOT2p	TKDp	GGp	KVL1m	KVL2m	TOT1m	TOT2m	TKDm	GGm
KVL1p	**0,05**	0,73	0,58	0,10	0,29	0,41	-0,40	-0,47	0,12	-0,09	-0,10	-0,01
KVL2p		**0,06**	0,32	0,17	0,32	0,47	-0,39	-0,52	0,19	0,02	-0,37	-0,40
TOT1p			**0,01**	0,58	-0,12	0,35	-0,27	-0,12	0,00	-0,18	0,34	0,30
TOT2p				**0,02**	-0,11	0,30	-0,34	-0,09	-0,13	-0,23	0,25	0,07
TKDp					**0,44**	0,38	-0,24	-0,25	0,01	0,16	-0,38	-0,13
GGp						**0,20**	-0,22	-0,17	-0,06	0,08	-0,14	-0,15
KVL1m							**0,03**	0,82	0,26	0,49	-0,11	0,57
KVL2m								**0,03**	0,23	0,46	0,14	0,45
TOT1m									**0,03**	0,78	-0,05	0,26
TOT2m										**0,03**	-0,14	0,31
TKDm											**0,10**	0,31
GGm												**0,04**

Tabelle 6: Genetische Parameter für Murbodner

	KVL1p	KVL2p	TOT1p	TOT2p	TKDp	GGp	KVL1m	KVL2m	TOT1m	TOT2m	TKDm	GGm
KVL1p	**0,17**	0,91	0,49	0,17	0,42	0,87	-0,50	-0,48	-0,44	0,24	-0,33	-0,36
KVL2p		**0,08**	0,43	0,42	0,39	0,85	-0,50	-0,49	-0,33	0,21	-0,42	-0,44
TOT1p			**0,07**	0,58	-0,02	0,53	0,23	0,33	-0,07	0,20	0,32	0,53
TOT2p				**0,01**	-0,14	0,20	0,09	0,15	0,13	-0,01	0,24	0,31
TKDp					**0,60**	0,39	-0,29	-0,22	-0,26	-0,02	-0,64	-0,39
GGp						**0,24**	-0,31	-0,26	-0,24	0,30	-0,23	-0,40
KVL1m							**0,09**	0,98	0,85	0,57	0,43	0,48
KVL2m								**0,05**	0,75	0,45	0,47	0,57
TOT1m									**0,04**	0,71	0,29	0,04
TOT2m										**0,01**	0,02	-0,21
TKDm											**0,08**	0,64
GGm												**0,06**

Zuchtwerte

Bei Kalbeverlauf und Totgeburtenrate werden die Zuchtwerte für die 1. bzw. höhere Abkalbungen im Verhältnis 75%:25% kombiniert. Die Richtung der Zuchtwerte wird gedreht, das heißt, höhere Zuchtwerte sind züchterisch erwünscht und bedeuten weniger Kalbeprobleme und weniger Totgeburten.

Veröffentlicht werden die Zuchtwerte für den paternalen und maternalen Kalbeverlauf und paternale und maternale Totgeburten. Trächtigkeitsdauer und Geburtsgewicht dienen nur als Hilfsmerkmale und werden aber selbst nicht veröffentlicht. Der paternale Kalbeverlaufs-ZW gibt an, wie leicht bzw. schwer die Kälber eines Stieres geboren werden (z.B. Größe des Kalbes). Der maternale Kalbeverlaufs-ZW gibt an, wie leicht bzw. schwer die Töchter eines Stieres abkalben (Beckenform usw.). Bei der Totgeburtenrate gibt der paternale ZW an, wie häufig die Kälber eines Stieres tot geboren werden bzw. verenden (Vitalität, mangelnde Robustheit, usw.), der maternale ZW gibt an, wie häufig Töchter eines Stieres lebensschwache Kälber hervorbringen (Wehenschwäche, Beckenform, usw.).

Als Beispiele für die Interpretation der Zuchtwerte sind in den Abbildungen 2 und 3 die Zusammenhänge zwischen den Zuchtwerten und dem Anteil Schwergeburten am Beispiel Fleckvieh und Murbodner dargestellt.

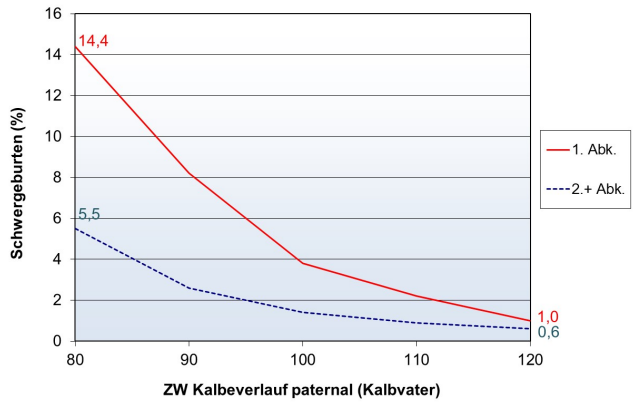


Abb. 2: Zusammenhang zw. dem paternalen Kalbeverlaufs-ZW und dem Anteil Schwergeburten beim Fleckvieh

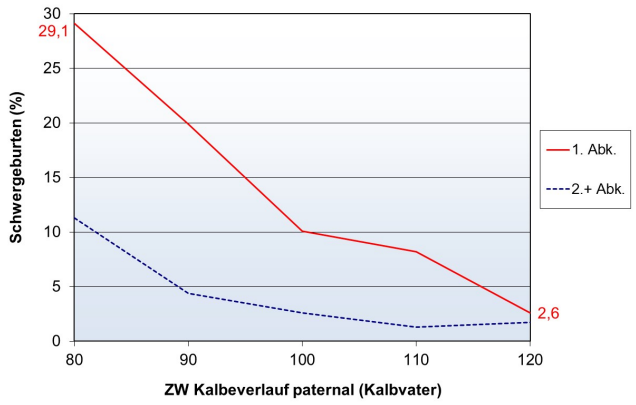


Abb. 3: Zusammenhang zw. dem paternalen Kalbeverlaufs-ZW und dem Anteil Schwergeburten bei den Murbodnern

16.2.3 Fruchtbarkeit

Daten

In die ZWS für Fruchtbarkeit geht die Zwischenkalbezeit (ZKZ) von Tieren mit unter 25% Fremdgenanteil seit dem Jahr 2000 ein. Die Eltern müssen bekannt sein und die ZKZ zwischen 300 und 900 Tagen liegen.

Modell

Die ZWS für Zwischenkalbezeit wird mit einem univariaten BLUP-Tiermodell für jede Rasse separat mit dem Programm MiX99 durchgeführt (Lidauer et al., 2016). Die Sicherheiten werden mit dem Programm ApaX (Stranden et al., 2016) berechnet.
Folgende Effekte werden berücksichtigt:

- Region-Jahr-Monat
- Laktation-Kalbealter
- Betrieb
- Betrieb-Jahr (zufällig)
- Permanenter Umwelteffekt der Kuh (zufällig)
- Genetischer Effekt der Kuh (zufällig)

Genetische Parameter

Die Heritabilität (Erblichkeit) für ZKZ wurde für alle Rassen geschätzt. Das Ergebnis der Rasse Fleckvieh von 2,5% wird für alle Rassen verwendet.

Zuchtwerte

Die Richtung des Zuchtwerts wird gedreht, das heißt, höhere Zuchtwerte sind züchterisch erwünscht und bedeuten eine niedrigere ZKZ.

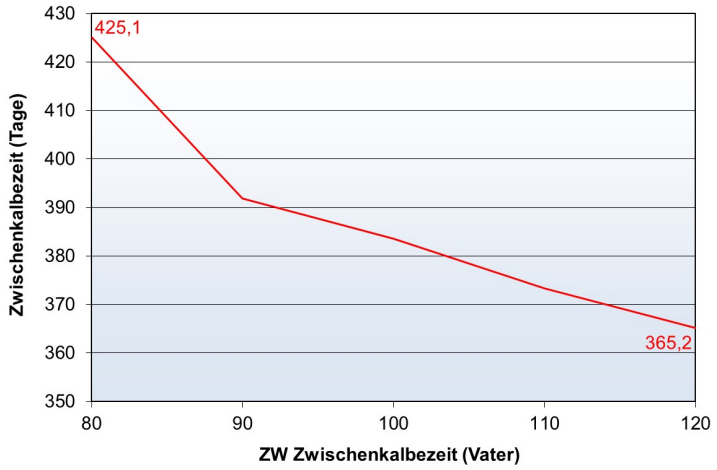


Abb. 4: Zusammenhang zw. dem ZW für Zwischenkalbezeit und durch durchschnittlichen Zwischenkalbezeit bei Angus.

16.2.4 Gesamtzuchtwert

Der **Fleischrinder-Gesamtzuchtwert (FGZW)** stellt die mathematische Formulierung des Zuchtziels im Fleischrinderbereich dar. Im FGZW werden die wirtschaftlich wichtigsten Merkmale berücksichtigt, um die Zuchtfortschritte in den einzelnen Bereich möglichst zu optimieren. Die einzelnen Zuchtwerte werden unter Berücksichtigung der wirtschaftlichen Gewichte, der Sicherheiten und der genetischen Korrelationen (siehe Tabellen 9 und 10) mit Hilfe der Selektionsindexmethode (Miesenberger, 1997) miteinander kombiniert. Bei fehlenden Zuchtwerten wird der Ahnenindex (Durchschnitt aus Vater und Mutter) verwendet. Die Mindestsicherheit für den FGZW ist 30%.

Tabelle 7: Genetische Korrelationen im FGZW für Fleischrassen (AUS nur Fleckvieh)

	G200	G365	NTZ1	NTZ2	AUS1	AUS2	HKL1	HKL2	G200m	KVLp	KVLm	TOTp	TOTm	ZKZ
G200	1,00													
G365	0,95	1,00												
NTZ1	0,45	0,45	1,00											
NTZ2	0,55	0,65	0,80	1,00										
AUS1	0,15	0,20	0,35	0,25	1,00									
AUS2	0,15	0,25	0,35	0,40	0,90	1,00								
HKL1	0,20	0,25	0,40	0,25	0,70	0,70	1,00							
HKL2	0,20	0,35	0,35	0,45	0,65	0,65	0,75	1,00						
G200m	-0,20	-0,05	-0,15	0,05	-0,20	-0,20	-0,20	-0,20	1,00					
KVLp	-0,20	-0,20	-0,25	-0,25	-0,10	-0,10	-0,10	-0,10	0,10	1,00				
KVLm	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	-0,10	-0,10	0,00	-0,45	1,00			
TOTp	-0,20	-0,20	-0,20	-0,20	-0,10	-0,10	-0,10	-0,10	0,00	0,45	0,20	1,00		
TOTm	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,10	-0,10	0,75	0,00	1,00	
ZKZ	-0,10	-0,10	-0,10	-0,10	0,00	0,00	-0,10	-0,10	0,00	0,10	0,10	0,10	0,10	1,00

Tabelle 8: Genetische Korrelationen im FGZW für Generhaltungsrassen

	G200	G365	NTZ1	NTZ2	HKL1	HKL2	G200m	KVLp	KVLm	TOTp	TOTm	ZKZ
G200	1,00											
G365	0,95	1,00										
NTZ1	0,60	0,65	1,00									
NTZ2	0,70	0,70	0,85	1,00								
HKL1	0,30	0,30	0,35	0,35	1,00							
HKL2	0,20	0,25	0,30	0,35	0,80	1,00						
G200m	-0,20	-0,10	0,10	0,10	0,05	0,05	1,00					
KVLp	-0,20	-0,20	-0,25	-0,25	-0,10	-0,10	0,10	1,00				
KVLm	0,00	0,00	0,00	0,00	-0,10	-0,10	0,00	-0,45	1,00			
TOTp	-0,20	-0,20	-0,20	-0,20	-0,10	-0,10	0,00	0,45	0,20	1,00		
TOTm	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,10	-0,10	0,75	0,00	1,00	
ZKZ	-0,10	-0,10	-0,10	-0,10	-0,10	-0,10	0,00	0,10	0,10	0,10	0,10	1,00

In den Tabellen 9 bis 12 sind die wirtschaftlichen Gewichte für die einzelnen Merkmale zur Berechnung des FGZW dargestellt. Bei den Fleisch- und Doppelnutzungsrassen (außer AA) gehen die direkten Fleischmerkmale mit 35% Gewicht, die maternalen mit 20%, die Kalbemerkmale mit 40% und die Fruchtbarkeit mit 5% in die FGZW-Berechnung ein. Bei den Generhaltungsrassen ist das entsprechende Verhältnis 25 : 20 : 50 : 5%.

Tabelle 9: Wirtschaftliche Gewichte im FGZW für Fleisch- und Doppelnutzungsrassen (BA, CH, LI, GR, PI)

	Merkmal	Wirtschaftliches Gewicht (%) im FGZW	
Fleischwert (FFW)	**200-Tage-Gewicht**	10	**35**
	365-Tage-Gewicht	10	
	Nettozunahme	7,5	
	Handelsklasse	7,5	
maternal	**200-Tg maternal**	20	**20**
Kalbemerkmale	**Kalbeverlauf paternal**	10	**40**
	Kalbeverlauf maternal	10	
	Totgeburten paternal	10	
	Totgeburten maternal	10	
Fruchtbarkeit	**Zwischenkalbezeit**	5	**5**

Tabelle 10: Wirtschaftliche Gewichte im FGZW für Fleckvieh (FV)

	Merkmal	Wirtschaftliches Gewicht (%) im FGZW	
Fleischwert (FFW)	**200-Tage-Gewicht**	10	**35**
	365-Tage-Gewicht	10	
	Nettozunahme	5	
	Ausschlachtung	5	
	Handelsklasse	5	
maternal	**200-Tg maternal**	20	**20**
Kalbemerkmale	**Kalbeverlauf paternal**	10	**40**
	Kalbeverlauf maternal	10	
	Totgeburten paternal	10	
	Totgeburten maternal	10	
Fruchtbarkeit	**Zwischenkalbezeit**	5	**5**

Tabelle 11: Wirtschaftliche Gewichte im FGZW für Angus (AA)

	Merkmal		Wirtschaftliches Gewicht (%) im FGZW
Fleischwert (FFW)	**200-Tage-Gewicht**	10	**30**
	365-Tage-Gewicht	10	
	Nettozunahme	5	
	Handelsklasse	5	
maternal	**200-Tg maternal**	20	**20**
Kalbemerkmale	**Kalbeverlauf paternal**	10	**40**
	Kalbeverlauf maternal	10	
	Totgeburten paternal	10	
	Totgeburten maternal	10	
Fruchtbarkeit	**Zwischenkalbezeit**	10	**10**

Tabelle 12: Wirtschaftliche Gewichte im FGZW für Generhaltungsrassen (MB, PS, TX, WV)

	Merkmal		Wirtschaftliches Gewicht (%) im FGZW
Fleischwert (FFW)	**200-Tage-Gewicht**	6,25	**25**
	365-Tage-Gewicht	6,25	
	Nettozunahme	6,25	
	Handelsklasse	6,25	
maternal	**200-Tg maternal**	20	**20**
Kalbemerkmale	**Kalbeverlauf paternal**	10,0	**50**
	Kalbeverlauf maternal	12,5	
	Totgeburten paternal	12,5	
	Totgeburten maternal	15,0	
Fruchtbarkeit	**Zwischenkalbezeit**	5	**5**

Die Gewichtung im FGZW wurde so gewählt, dass bei Selektion nach FGZW in keinem Merkmal eine genetische Verschlechterung zu befürchten ist. Die höchsten Zuchtfortschritte sind in den Fleischmerkmalen und den maternalen Kalbemerkmalen zu erzielen, aber auch beim maternalen 200-Tage-Gewicht sind deutlich positive Selektionserfolge zu erwarten. Bei der Fruchtbarkeit und bei den paternalen Kalbemerkmalen ist mit einer leicht positiven Entwicklung zu rechnen.

16.2.5 Resümee

In die ZWS für Fleisch- und Generhaltungsrassen gehen Daten aus der Mutterkuhhaltung und je nach Rasse auch aus der Doppelnutzung ein. Die Merkmale umfassen die direkten Fleischproduktionsmerkmale, die Milchleistung der Mutter, die Kalbemerkmale und die Fruchtbarkeit. Bei einigen Rassen ist allerdings die Datengrundlage hinsichtlich des Umfanges und der Struktur nicht ausreichend, um nennenswerte züchterische Fortschritte erwarten zu lassen. Hinsichtlich der Datenstruktur ist bei Natursprung der gehäufte oder gar ausschließliche Einsatz eines Stieres auf einem einzigen Betrieb als kritisch zu betrachten, wodurch die Trennung von Genetik und Umwelt sehr schwierig ist. Die Sicherheiten der Zuchtwerte sind dadurch insbesondere bei den Merkmalen mit geringer Erblichkeit eher niedrig.
Bei den größeren Rassen mit hohem KB-Anteil können durch die vorliegenden Zuchtwerte bei entsprechend konsequenter Umsetzung im Zuchtprogramm deutliche Verbesserungen in der genetischen Weiterentwicklung erwarten werden. Zu beachten ist, dass die Zuchtwerte nur innerhalb der jeweiligen Rasse vergleichbar sind, aber nicht zwischen Rassen oder Ländern!

17. Häufig gestellte Fragen in der Praxis[1]

- **Warum fällt der ZW bei alten Kühen?**

Der Zuchtwert ist eine relative Größe. Er bezieht sich immer auf das aktuelle Niveau einer Population. Bei entsprechendem Zuchtfortschritt muss der Zuchtwert eines Tieres mit einer fixen genetischen Veranlagung dementsprechend fallen (siehe Abb. 1).

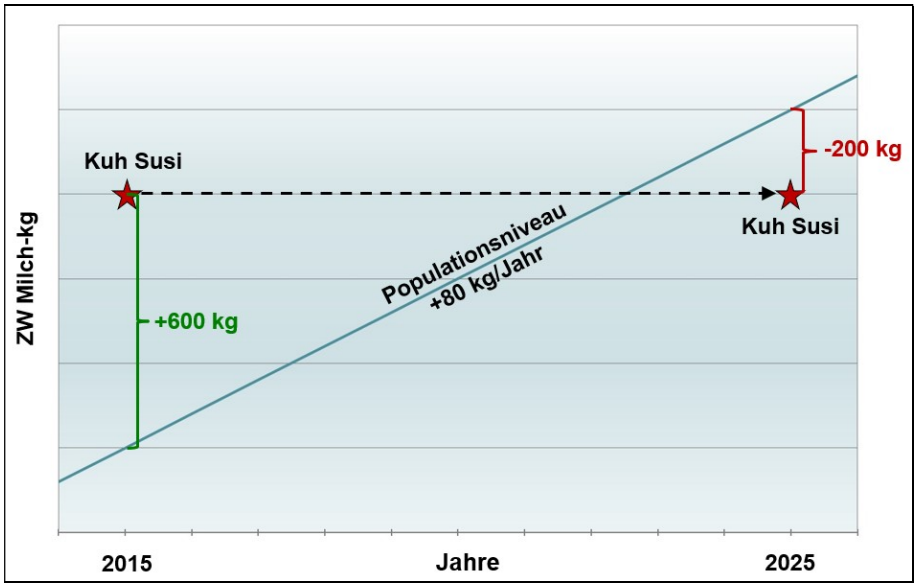


Abb. 1: Abschreibung der Zuchtwerte bei alten Kühen

- **Warum hat meine beste Kuh einen unterdurchschnittlichen Zuchtwert?**

Der Landwirt beurteilt in der Regel seine Kuh nach ihrem Produktionswert, d.h. nach der tatsächlich von ihr erbrachten Leistung. Die absolute Leistung der Kuh hängt aber sowohl von der genetischen Veranlagung als auch von den Umwelteinflüssen (Abkalbesaison, Kalbealter, Fütterung, etc.) ab.
Für die Wirtschaftlichkeit einer Kuh sind neben dem Zuchtwert auch andere Kriterien von großer Bedeutung. So wird eine ältere Kuh trotz eines niedrigeren Zuchtwertes aufgrund ihrer langen Nutzungsdauer bei Erhaltung ihrer Vitalität, ihrer Problemlosigkeit und ihrer guten Leistung einen hohen Beitrag zur Wirtschaftlichkeit leisten.
Der Zuchtwert stellt nur den Teil der Leistungsüberlegenheit oder –unterlegenheit dar, der im Wege der Vererbung an die Nachkommen weitergegeben wird. Darüber hinaus werden bei der Zuchtwertschätzung der Kühe neben den Eigenleistungen auch die Leistungen der Vorfahren und Geschwister mit einem entsprechenden Gewicht berücksichtigt.
Eine weitere Erklärung liegt häufig auch in der Abschreibung der Zuchtwerte bei alten Kühen (siehe vorherige Frage).

- **Warum gibt es Schwankungen bei den Zuchtwerten der Stiere?**

Der Zuchtwert ist ein geschätzter Wert und somit mit einer gewissen Ungenauigkeit behaftet. Je weniger Informationen (Nachkommenleistungen, Vorfahrenleistungen) für die Schätzung zur Verfügung stehen, desto größer ist die Ungenauigkeit und sind somit auch die Schwankungen von

[1] Dieses Kapitel wurde überwiegend aus dem Rinderzucht Austria-Züchterhandbuch übernommen.

einer Schätzung zur anderen. Genomische Zuchtwerte weisen eine deutlich niedrigere Sicherheit als Nachkommen-Zuchtwerte auf, wenngleich auch die ersten Nachkommen-Zuchtwerte, bei deren Schätzung in der Regel nur wenige Teilleistungen zur Verfügung stehen, auch mit einer gewissen Vorsicht zu interpretieren sind. Ein weiterer Grund für derartige Schwankungen kann auch darin liegen, dass die Anpaarung im Testeinsatz nicht an eine repräsentative Stichprobe von Kühen erfolgte. Je schlechter die Stichprobe ist (schlecht verteilter Teststiereinsatz über die Population), desto höher können die Abweichungen der Zuchtwerte aus dem Testeinsatz im Vergleich zum Zweiteinsatz sein.

- **Können die Zuchtwerte über Rassen und Länder miteinander verglichen werden?**

Die Zuchtwerte sind rassenspezifisch. Ein Vergleich über die Rassen ist daher nicht zulässig. Ein bedingter Vergleich mit Stieren der Rasse A ist nur dann für einzelne Stiere der Rasse B möglich, wenn diese in Rasse A eingesetzt wurden (Stiere der Rasse Red Holstein in der Fleckviehpopulation). In diesen Fällen sind aber Verzerrungen aufgrund von Kreuzungseffekten (Heterosis) nicht auszuschließen.
Über die Ländergrenzen hinweg werden innerhalb der Rassen von Interbull vergleichbare Zuchtwerte berechnet. Diese Interbull-Zuchtwerte stehen auch den Züchtern zur Verfügung.

- **Können bei Biobetrieben die gleichen Stiere eingesetzt werden wie bei konventionellen Betrieben?**

Es ist grundsätzlich davon auszugehen, dass es keine nennenswerten Wechselwirkungen zwischen der erblichen Veranlagung von Stieren und den verschiedenen Umwelten (Biobetrieb – konventioneller Betrieb, niedrige – hohe Intensität) in Österreich gibt (Genotyp-Umwelt-Interaktionen). Dies wurde in mehreren Untersuchungen bestätigt. Das heißt, es gibt keine nennenswerte Verschiebung in der Rangfolge der Stiere beim Einsatz in konventionellen bzw. Biobetrieben.
Unabhängig davon kann der Biobetrieb andere Vererbungsschwerpunkte wie z. B. Fitnessmerkmale bei der Selektion berücksichtigen. Für diese Einzelmerkmale stehen auch entsprechende Zuchtwerte zur Verfügung.

- **Warum passen gewisse Stiere nicht in meine Herde?**

Der allgemeine Zuchtwert eines Stieres leitet sich aus der durchschnittlichen Leistungsabweichung seiner Töchter, die aus einer zufälligen Anpaarung in der Population hervorgegangen sind, ab. In Einzelfällen kann es daher zufallsbedingt zu Abweichungen zu der aufgrund des Zuchtwertes des Vaters zu erwartenden Leistung geben. Darüber hinaus können bei der Anpaarung eines Stieres an eine Herde mit einer speziellen genetischen Grundlage neben zufallsbedingten Effekten auch zusätzliche negative oder positive Kombinationseffekte (Passereffekte) auftreten, die zu einer Abweichung vom Erwartungswert führen.

- **Meine Kuh hat einen GZW von 117. Wo liegt sie damit im Vergleich zu allen anderen Kühen in Österreich?**

In der Zuchtwertschätzung steht grundsätzlich die Rangierung der Tiere nach züchterischem Wert im Vordergrund. Aus Tabelle 1 kann abgelesen werden, zu den wieviel Prozent besten lebenden

Kühen eine Kuh mit einem bestimmten GZW zählt. Eine Fleckviehkuh mit einem GZW von z.B. 117 zählt also zu den besten 5% aller lebenden Fleckviehkühe in Österreich.

Tabelle 1: Verteilung der GZWe der lebenden Kühe (Stand Apr. 2025)**.**

Prozent	Fleckvieh (-25% RH) ab	Brown Swiss (Streuung 15!) ab	Holstein ab	Original Pinzgauer ab	Grauvieh ab
Max.	142	145	145	135	124
1	124	127	121	121	118
2	121	124	118	118	117
3	120	121	115	116	116
5	117	119	112	114	114
10	113	114	108	111	112
25	108	107	101	107	108
50	102	100	92	103	104

- **Ich habe Embryonen aus dem Ausland importiert – warum passt der ZW nicht?**

Zuchtwerte sind grundsätzlich nur für die Population (Rasse, Land) gültig, für die sie geschätzt wurden. Ein direkter Vergleich über Länder bzw. Rassen hinweg ist daher nicht zulässig! Wenn ausländische Genetik nach Österreich kommt, können in der ZWS nur die Leistungen des Tieres bzw. der Verwandten, die in Österreich oder Deutschland erbracht wurden, berücksichtigt werden. Somit kann sich der ZW sehr deutlich vom Ursprungsland unterscheiden. Eine zufriedenstellende Lösung wäre nur eine internationale ZWS unter Einbeziehung der Leistungsdaten aller Länder.

- **Kann man den Zuchtwert einer einzelnen Kuh ausrechnen?**

Nein. Bei der Tiermodell-ZWS werden alle Verwandtschaftsbeziehungen zwischen allen Stieren und Kühen berücksichtigt, sodass grundsätzlich immer die Zuchtwerte aller Tiere gleichzeitig geschätzt werden. Aufgrund des enormen Aufwandes einer gesamten ZWS (ca. 6 Wochen) werden die Zuchtwerte daher ausschließlich zu den 3 offiziellen ZWS-Terminen neu geschätzt.
Eine einfache Überprüfung einzelner Zuchtwerte ist allerdings sehr wohl möglich, auch wenn das im Fall von genomischen Zuchtwerten deutlich schwerer möglich ist.

- **Warum ist die Bedeutung der Eltern beim Zuchtwert so hoch?**

Die Bedeutung der Eigenleistung auf ihren geschätzten Zuchtwert liegt bei der Milch bei 30 bis 70%, der Rest kommt von Vater und Mutter bzw. von der sonstigen Verwandtschaft. Diese Gewichtung wird aber nicht von den Zuchtwertschätzern willkürlich festgesetzt, sondern ergibt sich aus den gemeinsamen Genanteilen und der entsprechenden Heritabilität im Tiermodell in fachlich korrekter Weise. Daraus ergibt sich, dass diese Gewichtung nicht beliebig verändert werden kann und darf.
Liegen bei einem Tier noch wenige Eigenleistungen vor, so ist das Gewicht der Vorfahrenleistungen noch höher, hat das Tier mehrere Laktationen abgeschlossen, so sinkt das Gewicht der beiden Elternteile bei der Berechnung des Zuchtwertes.

- **Können durch Sonderbehandlungen die Zuchtwerte beeinflusst werden?**

In einzelnen Betrieben ist eine sehr große Streubreite der Probegemelke an einem Kontrolltag vorhanden, während an einem anderen Tag alle Leistungen sehr nahe beim Mittelwert liegen. In der ZWS werden Leistungen von Betrieben mit sehr großer Streuung etwas ‚gestaucht' (damit Berücksichtigung der Problematik von Sonderbehandlungen) bzw. bei kleiner Streuung ‚gespreizt'. Gezielte Sonderbehandlungen bei Einzeltieren innerhalb einer Herde können aber auch damit nicht vollständig korrigiert werden.

- **Haben es Hochleistungsbetriebe schwerer hohe Zuchtwerte zu bekommen?**

In der Abbildung 2 sind die durchschnittlichen Zuchtwerte für die Milchmenge in den einzelnen Betrieben in Abhängigkeit vom Stalldurchschnitt am Beispiel Fleckvieh dargestellt. Die durchgezogene Linie stellt die durchschnittlichen Milch-Zuchtwerte der lebenden Fleckvieh-Kühe dar, die strichlierten Linien zeigen die ZWe der Väter bzw. Mütter dieser Kühe. Man sieht einen kontinuierlichen Anstieg des Milch-ZWs mit steigendem Stalldurchschnitt. Das heißt, dass die Betriebe mit höheren Leistungen auch im Schnitt die bessere Genetik haben. Das zeigt sich nicht nur in den Kuh-Zuchtwerten, sondern bereits in den Eltern-Zuchtwerten. Es ist allerdings auch zu erkennen, dass zwar zwischen den besten und schlechtesten Betrieben nach Stalldurchschnitt eine Differenz von über 5000 kg Milch liegt, bei den Zuchtwerten sind es aber nur ca. 600 kg Milch. Das heißt, der Großteil der Betriebsunterschiede liegt im Management und weniger in der Genetik. Aufgrund der relativ geringen Unterschiede bei den eingesetzten Stieren (Zuchtwerte der Väter) wären größere Unterschiede bei den Kuh-Zuchtwerten nicht gerechtfertigt.

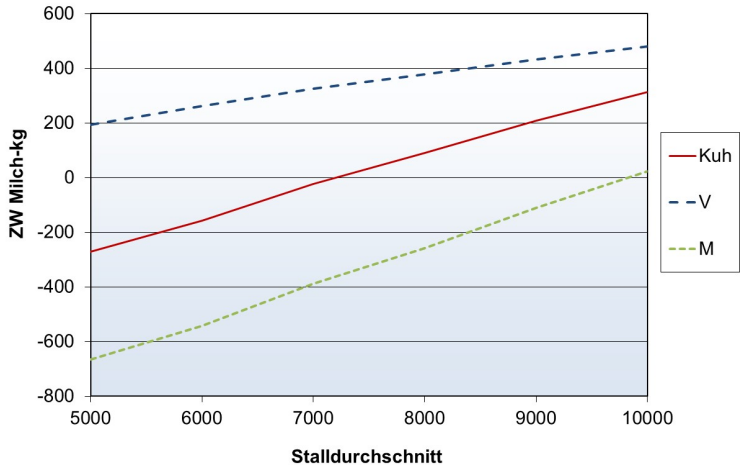


Abb. 2: ZW Milch-kg der lebenden Fleckvieh-Kühe (bis 25% RH) und deren Väter und Mütter in Abhängigkeit vom Stalldurchschnitt.

- **Wie sinnvoll ist der Einsatz sogenannter ‚Kalbinnen- oder Leichtkalbsstiere'?**

Häufig werden Stiere mit sehr hohen paternalen Kalbeverlaufszuchtwerten speziell für den Einsatz auf Kalbinnen empfohlen. Bei der Auswahl dieser Stiere sind allerdings zwei Aspekte zu beachten. Durch die Konzentration auf einen einzigen ZW (KVLpat) werden bei den anderen Zuchtwerten oft zu große Kompromisse eingegangen, die letztendlich zu einem schwächeren Zuchtfortschritt in anderen wirtschaftlich wichtigen Merkmalen führen. Der zweite Aspekt, der zu beachten ist, besteht darin, dass zwischen dem paternalen und dem maternalen ZW ein negativer genetischer Zusammenhang besteht (genetische Korrelation -0,3 bis -0,5). Das bedeutet, dass Kälber, die leichter geboren werden (weil sie kleiner sind), dann später, wenn sie selbst abkalben, tendenziell mehr Kalbeschwierigkeiten haben (weil sie ein schmäleres Becken haben) und umgekehrt. Bei der Auswahl eines Stieres für eine Kalbin soll man sich daher nicht nur auf den paternalen Kalbeverlauf beschränken, sondern muss auch alle anderen Zuchtwerte und speziell auch den maternalen Kalbeverlaufs-ZW beachten, um nicht später mehr Probleme zu bekommen.

- **Warum werden Erstlingskühe in der Zucht bevorzugt?**

Häufig wird kritisiert, dass die Selektion sehr stark auf Frühreife geht und junge Kühe mit sehr hohen Erstlingsleistungen bevorzugt sind. In der Milch-ZWS werden die Leistungen aus allen Laktationen verwendet und bis zur 3. Laktation auch gleich stark gewichtet. Dadurch, dass aber zwangsläufig mehr Erstlaktationen als höhere Laktationen vorliegen und bei den ersten Zuchtwerten von Kühen und Stieren ausschließlich Erstlaktationsleistungen vorliegen, ist die Bedeutung der 1. Laktation automatisch sehr hoch.
Durch den hohen Zuchtfortschritt in der Milch haben die jüngeren Jahrgänge folglich auch die höheren Zuchtwerte, die schließlich auch beim Teststierankauf eine entscheidende Rolle spielen. Für die Erzielung eines hohen Zuchtfortschritts ist ein kurzes Generationsintervall sehr wesentlich (siehe Kapitel 4.7), daher ist es sinnvoll auch auf ‚junge Genetik' zu setzen. Dabei sollte allerdings Kühen aus langlebigen Kuhfamilien der Vorzug gegeben werden, um dem Merkmal Nutzungsdauer entsprechend Rechnung zu tragen. Auf diese Weise lässt sich züchterisch insgesamt am meisten erreichen.

- **Genomische Zuchtwertschätzung: Welche Tiere sollten untersucht werden?**

Für Züchter, die interessante Stierkälber zur SNP-Typisierung und genomischen ZWS beauftragen wollen, gilt: Je höher der vorgeschätzte Zuchtwert, umso besser die Chancen für hohe genomische Zuchtwerte und somit für einen guten Verkaufspreis. In Abbildung 3 zeigt sich aus der Analyse der bisher beauftragten Kandidaten bei Fleckvieh sehr klar, dass bei Kandidaten mit einem Ahnenindex von unter 120 die Chancen schlecht stehen, dass der gZW ein Niveau von mehr als 130 erreicht. Aus Sicht des Zuchtverbandes erscheint es aber als durchaus sinnvoll, bei niedrigerem Zuchtwertniveau bei bestimmten Stierlinien mehr Kälber pro selektierten Kandidaten zu untersuchen. Bei besonders interessanten Linien kann es daher trotzdem interessant sein, Kälber mit etwas niedrigeren vorgeschätzten Zuchtwerten untersuchen zu lassen. Der Züchter kann darauf hoffen, bei entsprechend günstiger Abweichung vom Ahnenindex das Kalb gut verkaufen zu können.

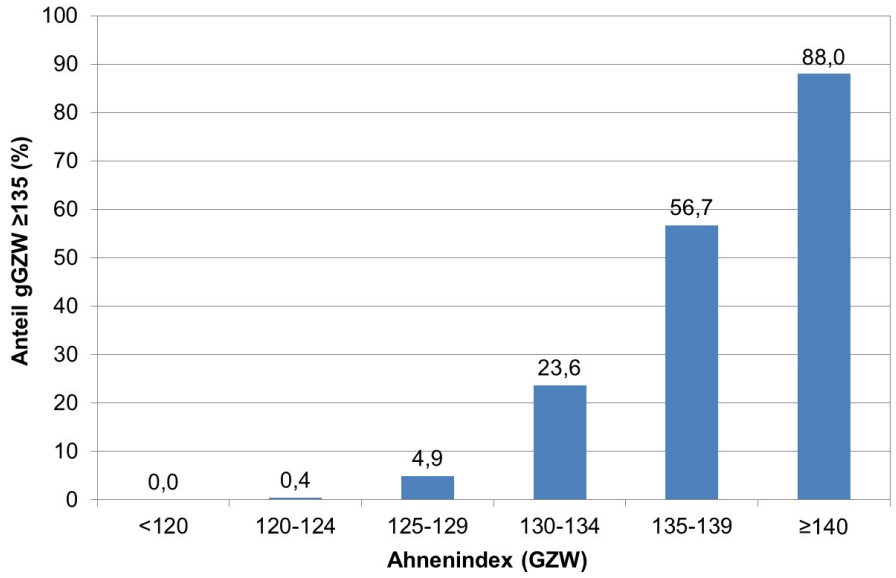


Abb. 3: Anteil der Kandidaten mit einem goZW im Gesamtzuchtwert von über 135 bei verschiedenen Ahnenindices bei der Rasse Fleckvieh (Stand: Apr. 2025).

- **Was bringt ein genomischer Zuchtwert bei einer Kuh?**

Grundsätzlich besteht kein Unterschied in der Interpretation von genomischen Zuchtwerten bei Kühen und Stieren. Die Sicherheiten der genomischen Zuchtwerte hängen bei Jungtieren ohne Eigen- und Nachkommenleistung von der Anbindung an verwandte Tiere in der Kalibrierung ab. Das heißt, je mehr eng verwandte Tiere (Vater, Muttersvater, …) Teil der Kalibrierung und je genauer deren konventionelle Zuchtwerte sind, umso höher ist die Genauigkeit der genomischen Zuchtwerte. Liegt bei einer Kuh eine Eigenleistung vor (Abkalbung, Milchleistungskontrollen), dann ist mit entsprechend höheren gZW-Sicherheiten zu rechnen.
Untersuchungen von interessanten Kalbinnen oder Kühen sind sinnvoll, wenn es etwa um die Entscheidung geht, ob ein Embryotransfer durchgeführt werden soll (siehe auch Kapitel 14). Auch die Selektion von Kalbinnen als Stiermütter auf der Basis von genomischen Zuchtwerten ist aus züchterischer Sicht ratsam. Der Züchter sollte beachten, dass nach einer erfolgten Untersuchung der genomische Zuchtwert den bisherigen konventionellen Zuchtwert auf jeden Fall ersetzt.