



RINDERZUCHT **AUSTRIA**

ZAR – ZENTRALE ARBEITSGEMEINSCHAFT ÖSTERREICHISCHER RINDERZÜCHTER

ZAR-SEMINAR 2016



Neue Zuchtziele in der Rinderzucht

Fit, vital und leistungsstark in die Zukunft



Inhaltsverzeichnis

| | |
|---|-----------|
| Verzeichnis der ReferentInnen | 2 |
| <i>Priv.-Doz. Dr. Pera Herold:</i> | |
| Wo stehen wir und welche Kuh wollen wir? – Zucht und Zuchtziele in der Rinderzucht | 3 |
| <i>Dr. Dieter Krogmeier:</i> | |
| Eines für Alle – oder brauchen wir verschiedene Zuchtziele? Anforderungen extensiver Produktionsbedingungen an die Tierzucht | 9 |
| <i>Dr. Christian Fürst:</i> | |
| Neue Merkmale – Fitness, Vitalität und Gesundheit im Fokus | 19 |
| <i>Priv.-Doz. Dr. Birgit Fürst-Waltl:</i> | |
| Wirtschaftlichkeit des Zuchtziels | 33 |
| <i>Dr. Christian Fürst:</i> | |
| Fit, vital und leistungsstark – die neuen Zuchtziele für Fleckvieh und Braunvieh | 41 |
| <i>Dr. Hermann Schwarzenbacher:</i> | |
| Zuchtfortschritt steigern, Variation erhalten – wie kann das gehen? | 49 |
| <i>Prof. Dr. Kay-Uwe Götz:</i> | |
| Ist die bäuerliche Zucht noch gut aufgestellt? | 57 |

Verzeichnis der ReferentInnen

Priv.-Doz. Dr. Birgit Fürst-Waltl

Universität für Bodenkultur
Institut für Nutztierwissenschaften
Gregor Mendel-Straße 33
1180 Wien
birgit.fuerst-waltl@boku.ac.at
www.boku.ac.at

Dr. Christian Fürst

ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH
Dresdner Straße 89/19
1200 Wien
fuerst@zuchtdata.at
www.zuchtdata.at

Prof. Dr. Kay-Uwe Götz

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL)
Institut für Tierzucht
Prof.-Dürrwaechter-Platz 1
85586 Poing-Grub
kay-uwe.goetz@lfl.bayern.de
www.lfl.bayern.de/itz/

Priv.-Doz. Dr. Pera Herold

Landesamt für Geoinformation und Land-
entwicklung Baden-Württemberg (LGL)
Abteilung 3 - Geodatenzentrum (GDZ) Ref. 35
Stuttgarter Straße 161
70806 Kornwestheim
pera.herold@lgl.bwl.de
www.tierzucht-bw.de

Dr. Dieter Krogmeier

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL)
Institut für Tierzucht
Prof.-Dürrwaechter-Platz 1
85586 Poing-Grub
dieter.krogmeier@lfl.bayern.de
www.lfl.bayern.de/itz/

Dr. Hermann Schwarzenbacher

ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH
Dresdner Straße 89/19
1200 Wien
schwarzenbacher@zuchtdata.at
www.zuchtdata.at

Wo stehen wir und welche Kuh wollen wir? – Zucht und Zuchtziele in der Rinderzucht

Pera Herold

Einleitung

Es ist das übergeordnete Ziel der Tierzucht, Tiere zu erzeugen, die unter den zukünftig zu erwartenden Produktionsbedingungen einen höchstmöglichen monetären Gewinn garantieren (Fewson, 1993). Diese Ausrichtung auf Gewinnmaximierung aus der tierischen Produktion soll der Einkommenssicherung der Landwirte dienen. Über einen längeren Zeitraum wurde versucht, die Gewinnmaximierung allein durch Leistungssteigerung zu erreichen. Seit den 1990er Jahren rücken zunehmend Merkmale der Fruchtbarkeit, Fitness, Nutzungsdauer und Gesundheit in den Fokus der Zucht: Zum einen, weil Verbesserungen in diesen Merkmalen helfen, Produktionskosten zu senken. Zum anderen, weil der gesellschaftliche Druck auf die Tierhaltung und die Forderungen nach tiergerechteren Haltungsverfahren zunimmt.

Zuchtziele geben die Richtung vor, wohin sich die Zucht bewegen soll. Sie sind abhängig von verschiedensten Rahmenbedingungen (vgl. Eßl, 1999; Herold, 2012), wie z.B. den Zugängen zu Märkten und den aktuellen Preisen, den verfügbaren Technologien, den Strukturen der Zuchtverbände oder den gesellschaftlichen Anforderungen. Um Zuchtziele definieren zu können, muss daher zunächst untersucht werden, wie die aktuelle Situation ist, um darauf aufbauend festzulegen, wohin die Zucht gehen soll.

Wo stehen wir?

Die gemeinsame Zuchtwertschätzung Bayern – Baden-Württemberg – Österreich (DEA) wurde zu Beginn der 2000er Jahre eingeführt und im Jahr 2006 wurden das Zuchtziel und damit der GZW nochmals angepasst. Nach nunmehr 10 Jahren wurden das Zuchtziel sowie seine Wirtschaftlichkeit für Fleckvieh und Braunvieh überprüft. Dies war auch notwendig ge-

worden, da mit dem Beitritt der tschechischen Fleckviehpopulation in die Zuchtwertschätzungsgemeinschaft eine neue Situation geschaffen wurde.

Die Rahmenbedingungen der Rinderproduktion haben sich in dem Zeitraum 2006 bis 2016 enorm gewandelt. Die landwirtschaftliche Produktion ist insgesamt einem hohen Kosten- und Konkurrenzdruck ausgesetzt. Im Jahr 2015 entfiel die Milchquote. Derzeit ist der Milchpreis in Deutschland, je nach Region, auf ± 30 Cent gesunken (BLE, 2016). Der Rindfleischpreis hingegen ist stabil. Für die mittel- bis langfristige Entwicklung wird prognostiziert, dass die Relation zwischen Milch- und Fleischpreis stabil bleiben wird. Als kritische Punkte sind die Kraftfutterkosten und –effizienz sowie die Grundfutterleistung zu sehen (Heim, 2014). Parameter, um Kosten in der Rinderproduktion zu senken. Unter anderem durch den Preisdruck nimmt die Vielfalt der Produktionssysteme zu: Ökologische Produktion, Weidemilch, Heumilch sind nur einige Beispiele.

Auch in der Einstellung der Gesellschaft zur Nutztierhaltung hat sich Entscheidendes geändert. Zunehmend sehen Verbraucher die Nutztierhaltung kritisch. Es werden Betrachtungen über das Tierwohl angestellt und Forderungen an die Nutztierhalter gestellt. Als Beispiel aus der Rinderhaltung sei hier die Diskussion um die Verwendung männlicher Kälber aufgezeigt (Busse, 2015). Derzeit gibt es zudem einen starken Trend zur veganen Ernährung, das heißt zur totalen Ablehnung der Tierhaltung und der Nutzung tierischer Produkte (vgl. Bonzheim, 2014; BVL, 2016).

Neben den intensiv züchterisch bearbeiteten Rinderrassen gibt es im DEA-Zuchtwertschätzverbund einige kleinere, regional verbreitete Rinderpopulationen. Die Notwendigkeit der Erhaltung und züchterischen Bearbeitung dieser Populationen steht außer Frage (Fachbeirat Tiergenetische Ressourcen, 2013).

Dabei bewegt sich die Züchtung in den kleinen Populationen in einem Zielkonflikt zwischen dem angestrebten Zuchtfortschritt, geringem Inzuchtwuchs und geringem Fremdrassen-Einfluss (Hartwig & Bennewitz, 2014). Die Einführung der Optimum-Contribution-Selection-Methode („Methode der optimalen (Gen-)Beiträge“; Meuwissen, 1997 bzw. Wellmann et al., 2013), aufbauend auf der Routine-Zuchtwertschätzung kann hier eine innovative Ergänzung herkömmlicher Zuchtwertschätzverfahren sein (Kohl, 2016).

Bei der Betrachtung unserer heimischen Rinderrassen ist zu sehen, dass die genetischen Trends seit der Einführung des Gesamtzuchtwertes (GZW) fast durchweg erfreulich sind. Der Milchwert konnte bei allen Rassen gesteigert werden, der Fleischwert blieb stabil und der Fitnesswert entwickelt sich positiv. In den phänotypischen Trends sind diese Effekte immerhin teilweise nachzuvollziehen: die Milchleistung konnte insbesondere bei den „großen“ Rassen gesteigert werden, bei den kleineren Populationen wurde die Leistung stabil gehalten. In der Nutzungsdauer konnte der negative Trend, der noch in den 1980er Jahren zu beobachten war, gestoppt und der Merkmalswert auf einem stabilen Niveau gehalten werden.

Zuchtziele und Zuchtprogramm

Die „Erfindung“ des Zuchtziels wird dem englischen Landwirt Robert Bakewell (1725-1795) zugeschrieben (Trow-Smith, 2015). Er soll an seine Stalltüre das Bild eines „idealen“ Schafes gemalt haben. Sein Ziel war, nur noch Schafe, die diesem Bild entsprechen, im Stall zu haben. Um seine Vorstellungen der Rasse zu erreichen, verpaarte Bakewell gezielt Tiere, die nach seiner Meinung erwünschte Merkmalsausprägungen zeigten, oftmals auch in Inzuchtpaarung. Ein ideales Bild haben bestimmt auch heute noch jeder Züchter und jeder Verbandsfunktionär vor Augen, wenn sie an „ihre“ Rasse denken. Durch die Einführung und Weiterentwicklung der Leistungsprüfung zu Beginn und durch die Entwicklung der quantitativen Genetik Mitte des 20. Jahrhunderts standen dann Methoden zur Verfügung, das Bild in

eine mathematische Gleichung umzusetzen und gleichzeitig die wirtschaftliche Bedeutung der einzelnen Merkmale zu berücksichtigen. Dies geschieht mit dem sogenannten Selektionsindex, der auch die Basis unseres heutigen GZW ist. Damit ist der GZW nichts anderes als ein mathematischer Ausdruck für das Bild der idealen Kuh in unseren Köpfen.

Das Zuchtziel steht am Anfang jeden Zuchtprogramms. Zuvor muss entschieden sein, für welche Rasse und welche Population dieses Zuchtziel festgelegt wird. Das Zuchtziel bestimmt, welche Leistungsprüfungen durchgeführt werden müssen. Für die entsprechende Population wird dann anhand der Pedigree- und der Leistungsdaten eine Zuchtwertschätzung durchgeführt. Die Ergebnisse der Zuchtwertschätzung, das heißt die Information dazu, welche Merkmalseigenschaften die Elterntiere an ihre Nachkommen weitergeben können, sind die Informationsquelle für den entscheidenden Schritt eines Zuchtprogramms, nämlich die Selektion der besten männlichen und weiblichen Tiere. Ist die Selektionsentscheidung getroffen, erfolgt eine gezielte Anpaarung, und in den geborenen Nachkommen wird idealer Weise ein Zuchtfortschritt in Richtung Zuchtziel realisiert. Ein weiterer wichtiger und gleichfalls kritischer Schritt ist die Übertragung des Zuchtfortschritts von der Zuchtpopulation in die Produktionsstufe. In der Rinderzüchtung erfolgt dieser Transfer in der Regel über die männlichen Tiere, z.B. die Bullen in der künstlichen Besamung.

Entsprechend der Vorgabe der Gewinnmaximierung sollen, nach der Tierzüchtungstheorie, die Merkmale im GZW mittels sogenannter Wirtschaftlichkeitsfaktoren, die sich aus dem Grenznutzen der Merkmale berechnen, gewichtet werden. Bei der praktischen Zuchtzieldefinition spielen aber neben den rein ökonomisch abgeleiteten Gewichten auch noch viele andere Faktoren eine Rolle. Somit ist in der praktischen Tierzüchtung die Zuchtzieldefinition ein sehr politischer Prozess, bei dem neben den wissenschaftlich abgeleiteten Gewichten auch „weiche“ Faktoren wie die Betonung von Fitness- und Gesundheitsmerkmalen aufgrund gesamtgesellschaftlicher Forderungen an die Tierhaltung eine wichtige Rolle spielen.

Zuchtziele müssen in regelmäßigen Zeiträumen überprüft werden. Dabei sind beispielsweise folgende Fragestellungen zu untersuchen: Wurde der erwartete Zuchtfortschritt erzielt und sind die Zuchtziele (annähernd) erreicht? Gibt es unerwünschte Veränderungen in bestimmten Merkmalen? Haben sich die Rahmenbedingungen der Zuchtprogramme geändert und muss eventuell gegengesteuert werden, z.B. durch die Betonung anderer Merkmale oder durch Änderungen in Art oder Intensität der Leistungsprüfung? Haben sich die technischen Voraussetzungen geändert und können z.B. Zusammenhänge zwischen Merkmalen genauer geschätzt werden?

Welche Kuh wollen wir?

Ab April 2016 tritt ein neues Zuchtziel und damit ein neuer GZW für Fleckvieh und Braunvieh in Kraft. Erstmals wurden in den von 2014 bis 2016 stattfindenden Prozess die Züchter aktiv in die Überarbeitung des Zuchtziels und des GZW im Zuchtwertschätzverbund DAC (Deutschland – Österreich – Tschechien) eingebunden. Hierzu fanden regionale Veranstaltungen in allen Ländern statt, bei denen die Züchter über verschiedene GZW-Varianten und deren erwartete Selektionserfolge informiert wurden. Es gab dann die Möglichkeit, über das Vorgestellte zu diskutieren, und am Ende jeder Veranstaltung wurde eine regionale GZW-Variante verabschiedet. Auf je einer abschließenden Veranstaltung für Fleckvieh und Braunvieh diskutierten die Vertreter der Zuchtorganisationen aus den verschiedenen Ländern diese Varianten und verabschiedeten letztendlich den jeweils neuen GZW, der ab der Zuchtwertschätzung im April 2016 angewendet wird. Für beide Rassen kann als allgemeines Fazit „Steigerung der Milchleistung – ja zur Fleischleistung und damit zur Doppelnutzung - deutliches Gewicht auf die Fitness“ gezogen werden.

Das Zuchtziel und der GZW betreffen jeweils die gesamte Population. Offen ist weiterhin die Frage, ob nicht die Diversifizierung der Produktionssysteme auch eine Diversifizierung der Zuchtwerte nach sich ziehen sollte. Mit dem Ökologischen GZW ist in Bayern bereits

eine Möglichkeit für ökologisch wirtschaftende Betriebe geschaffen, auf Betriebsebene Tiere nach einem Fitness-betonteren GZW zu selektieren. Weitere „Hilfs-Zuchtwerte“ wie z.B. ein Weide-GZW, ein Effizienz-GZW oder ähnliche wären denkbar. Auf der anderen Seite ist es zu hinterfragen, ob diese Einzel-GZWs nicht den Zuchtfortschritt nach dem übergeordneten, populationsbezogenen GZW behindern, wenn zu viele Betriebe ihre ganz eigenen Ziele verfolgen und sich nicht mehr an der von der Gesamtheit der Züchter definierten „Linie“ orientieren.

Fit für die Zukunft?

Mit den neu definierten Zuchtzielen haben sich die beiden Rassen Fleckvieh und Braunvieh optimal für die Zukunft aufgestellt. Die Züchter haben sich für einen gelungenen Kompromiss zwischen direkter Einkommenssteigerung durch Zuchtfortschritt in der Milch, sowie gleichzeitig durch die Betonung von Fleischleistung und Fitnessmerkmalen klar für die Doppelnutzung und damit für in verschiedensten Produktionssystemen einsetzbare Rinder entschieden. Trotzdem gibt es in naher Zukunft große Herausforderungen zu bewältigen: z.B. die Weiterentwicklung der flächendeckenden Leistungsprüfung sowie der kooperativen Züchtungsstrukturen.

In 2015 lag der durchschnittliche Milchkuhbestand je Betrieb in Deutschland bei 58 Kühen (Statistisches Bundesamt, 2016), in Tschechien bei 220 Kühen (Götz, 2015). In Bayern waren es 36, in Baden-Württemberg 40 (Statistisches Bundesamt, 2016) und in Österreich 2014 knapp 20 Milchkühe je Betrieb (HB-Kühe/Zuchtbetrieb; ZAR, 2015). An diesen Zahlen werden die besonderen Strukturen in Süddeutschland und Österreich deutlich. Die Flächenknappheit und -konkurrenz werden sich in den nächsten Jahren eher noch verstärken. Auch bei fortschreitendem Strukturwandel werden die Flächenausstattung und die Betriebsgrößen in dieser Region im Vergleich zu anderen Regionen in Deutschland oder Europa eher kleinteilig bleiben. Im Zuge der genomischen Selektion rücken neue, oftmals niedrig heritable Merkmale in den Fokus der Züch-

tung. Dies erfordert neue Formen der Leistungsprüfung (Götz, 2015). Oftmals wird hierfür die Verlagerung der Leistungsprüfung weg von der flächendeckenden Prüfung hin zu Testherden propagiert (z.B. Swalve, 2015). Dies kann für die kleinen und diversen Strukturen im DEA- bzw. DAC-Verbund keine Lösung sein. Daher sind innovative Ansätze von Nöten, um weiterhin eine flächendeckende, finanzierbare Leistungsprüfung zu ermöglichen. Die Züchtung im DEA- bzw. DAC-Verbund ist derzeit (überwiegend) kooperativ organisiert. Teilweise sind Zucht- und Besamungsorganisationen noch getrennte Institutionen. In Süddeutschland besteht eine öffentlich-private Partnerschaft, indem die Zuchtwertschätzung durch staatliche Institutionen durchgeführt wird. Im „genomischen Zeitalter“ kann diese Form der Organisation leicht als überholt angesehen werden (vgl. Mark & Sandøe, 2010; Hannachi & Tichit, 2016): Bisher war es z.B. unbedingt notwendig, dass die Zuchtwertschätzung mit der Pflege von Pedigreedaten und Nachkommen- bzw. Leistungsprüfung gemeinsam durchgeführt wurde. In Zeiten der genomischen Selektion reicht der Zugriff auf eine Referenzgruppe aus, um Zuchtwerte schätzen zu können. Dies kann ein Eintrittstor für private Zuchtunternehmen oder nicht-züchtende Konzerne sein, um in der Tierzucht ihre Geschäftstätigkeit aufzunehmen. Es ist daher an der Zeit, die kooperativen Systeme auf den Prüfstand zu stellen, und an die neuen Herausforderungen anzupassen (Hannachi & Tichit, 2016). Denn nur bei Weiterbestehen der kooperativen Züchtungsstrukturen ist auch weiterhin die Mitbestimmung der Tierhalter und -züchter in allen Bereichen der Züchtungsarbeit gewährleistet. Und diese sollte erhalten werden, um positive Erfahrungen wie sie z.B. bei dem gerade durchlaufenen gemeinsamen Diskussionsprozess zu den Zuchtzielen gemacht wurden, auch in Zukunft miteinander teilen zu können.

Literatur

- BLE (Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung), 2016: Marktsituation Milch und Milcherzeugnisse. 2015: Milchpreise pro Monat. Erstelltdatum 15.02.2016.
http://www.ble.de/DE/01_Markt/09_Marktbeobachtung/01_MilchUndMilcherzeugnisse/_functions/TabelleMilchpreiseProMonat2015.html (03.03.2016)
- Bonzheim, A., 2014: Die bio-vegane Landwirtschaft in Deutschland: Definition, Motive und Beratungsbedarf. Bachelorarbeit HNE Eberswalde. http://biovegan.org/wp-content/uploads/2014/02/Bonzheim_Bachelorarbeit_Bio-veganeLandwirtschaft.pdf (01.03.2016)
- Busse, T., 2015: Die Wegwerfkuh. Wie unsere Landwirtschaft Tiere verheizt, Bauern ruiniert, Ressourcen verschwendet und was wir dagegen tun können. Blessing Verlag, München.
- BVL (Bund für Vegane Lebensweise), 2015: Definition des Begriffs „vegan“. <http://vegane-lebensweise.org/vegan-im-alltag-3/definition-des-begriffs-vegan/> (01.03.2016)
- Eßl, A., 1999: Grundsatzfragen zum Zuchtziel beim Rind. ZAR-Seminar „Zuchtziele beim Rind“, 18. März 1999, Salzburg, Ö, 2-9.
- Fachbeirat Tiergenetische Ressourcen, 2013: Empfehlungen des Fachbeirats Tiergenetische Ressourcen. Stand, Probleme und Handlungsbedarf bei Erhaltungszuchtprogrammen für einheimische vom Aussterben bedrohte Nutztierassen. Züchtungskunde 85, 85-95.
- Fewson, D., 1993: Definition of breeding objectives. Design of Livestock Breeding Programs. Armidale, Australien.
- Götz, K.-U., 2015: Die Positionierung der bayerischen Rassen im freien Wettbewerb. In: LfL-Jahrestagung „Die bayerische Milchwirtschaft im freien Wettbewerb“, Schriftenreihe Nr. 5/2015, 32-44.
- Hannachi, M., Tichit, M., 2016: Does biotechnological innovation require organizational innovation? Learning from the cattle breeding industry in France. Animal Frontiers 6, 80-85.
- Hartwig, S., Bennewitz, J., 2014: Züchterische Aspekte zur Weiterentwicklung lokaler Rinderpopulationen. Züchtungskunde 86, 19-24.
- Heim, M., 2014: Statement zur Wettbewerbsstellung von Milch, Fleisch, Fitness. Vortrag AG Zuchtziele bei Fleckvieh und Braunvieh, 06. August 2014.
- Herold, P., 2012: Organisational structures in animal breeding. Habilitationsschrift, Universität Hohenheim.
- Kohl, S., 2016: Entwicklung und Etablierung eines innovativen Zuchtwertschätzverfahrens für lokale Rinderrassen in Baden-Württemberg. Vortrag, Züchterversammlungen Vorderwälder-, Hinterwälder-, Limpurger-Rind, 2016.
- Mark, T., Sandøe, P., 2010: Genomic dairy cattle breeding: risks and opportunities for cow welfare. Animal Welfare 19, 113-121.

- Meuwissen, T., 1997: Maximising the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *J. Anim. Sci.* 75, 934-940.
- Statistisches Bundesamt, 2016: Land- und Forstwirtschaft, Fischerei. Viehbestand. Fachserie 3, Reihe 4.1. [https://www.destatis.de/DE/Publikationen/Thematisch/LandForstwirtschaft/ ViehbestandTierischeErzeugung/Viehbestand.html](https://www.destatis.de/DE/Publikationen/Thematisch/LandForstwirtschaft/ViehbestandTierischeErzeugung/Viehbestand.html) (01.03.2016).
- Swalve, H.H., 2015: Erschließung neuer Selektionsmerkmale durch Geno- und Phänotypisierung von Kühen. *Züchtungskunde* 87, 6-13.
- Trow-Smith, R., 2015. *A History of British Livestock Husbandry, 1700-1900*. First published 1995, Reprint by Routledge, Abingdon, UK.
- Wellmann, R., Hartwig, S., Bennewitz, J., 2013: Optimum contribution selection for conserved populations with historic migration. *GSE*, <http://www.gsejournal.org/content/44/1/34> (03.03.2016).
- ZAR (Zentrale Arbeitsgemeinschaft Österreichischer Rinderzüchter), 2015: Jahresbericht 2014. [http://www.zar.at/Downloads/Jahresberichte/ ZAR-Jahresberichte.html](http://www.zar.at/Downloads/Jahresberichte/ZAR-Jahresberichte.html) (02.03.2016)

Eines für Alle – oder brauchen wir verschiedene Zuchtziele? Anforderungen extensiver Produktionssysteme an die Tierzucht

Dieter Krogmeier

1. Was heißt extensiv und welches zahlenmäßige Potential steckt dahinter?

„Extensive Landwirtschaft zeichnet sich durch eine relativ starke Nutzung des Produktionsfaktors Land und eine relativ schwache Nutzung anderer Produktionsfaktoren je produzierter Produkteinheit aus. Extensive und intensive Landwirtschaft werden auch – weniger präzise – für die Abgrenzung von ökologischer Landwirtschaft und konventioneller verwendet“ (Wikipedia, 2016).

Eine extensive Milchproduktion, die auf einer starken Nutzung des Produktionsfaktors Land beruht, sollte sich u.a. in der Milchleistung der Betriebe widerspiegeln. Innerhalb der Betriebe unter Milchleistungsprüfung in Bayern besteht zwischen den 20% Betrieben mit der höchsten und den 20% Betrieben mit der niedrigsten Milchleistung eine Differenz von mehr als 3400 kg Milch. Die Gründe für diese Differenzen sind vielfältig. Wenn auch niedrige Leistungen in Einzelfällen auf Schwächen im Management beruhen, so sind die Unterschiede häufig durch die klimatischen und betrieblichen Gegebenheiten (u.a. Grünlandanteil, Silomaisanteil) oder durch die „Betriebsphilosophie“ bedingt. Zahlenmäßig handelt es sich bei den 20% Betrieben mit der niedrigsten Milchleistung um 4169 Betriebe mit durchschnittlich 33,4 Kühen. Fasst man den Begriff „extensiv“ enger und unterscheidet zwischen den 10% besten und schlechtesten würde die Differenz annähernd 4400 kg betragen (5064 kg / 9439 kg) und es würde sich ein zahlenmäßiges Potential von 2084 Betrieben mit durchschnittlich 32,0 Kühen ergeben. Diese Zahlen können auch einen Anhaltspunkt geben, wenn eine theoretische Obergrenze für die Anzahl zu besamender Kühe auf extensiven Betrieben bestimmt werden soll.

Auch die Ausrichtung des Produktionssystems in biologisch oder konventionell kann für eine Einteilung in extensiv und intensiv verwendet werden. So liegen die Milchleistungen ökologischer Milchviehbetriebe in Bayern je nach Rasse zwischen 12 und 21% unter denen konventioneller Betriebe (LKV, 2014), in Österreich liegt die Milchleistung biologisch wirtschaftender Betriebe über alle Rassen um 17% niedriger (Grüner Bericht, 2015). Allerdings zeigt sich auch innerhalb der ökologischen Betriebe eine deutliche Differenzierung in der Intensität und somit auch große Unterschiede in der Milchleistung.

Während in Bayern 1.173 Betriebe (5,1% der Milchviehbetriebe) mit ca. 46.000 Kühen (4,6% der Kühe) ökologische Milchproduktion betreiben (LKV, 2014), ist der Anteil biologisch wirtschaftender Betriebe in Österreich deutlich höher. Betrachtet man die Betriebe mit Milchablieferung, so liegt der Anteil bei 19,7% der Betriebe und bei 18,1% der Kühe (Grüner Bericht, 2015). Sowohl in Österreich als auch in Bayern ist der Anteil biologisch wirtschaftender Milchviehbetriebe tendenziell steigend.

Die extensivste Form der Milcherzeugung stellen Low-Input-Systeme im Grünland dar. Diese Betriebe (Low-Cost-Strategie) versuchen die Produktionskosten so niedrig wie möglich zu halten, wobei die Einzeltierleistung nicht mehr im Vordergrund steht. Ziele sind eine hohe Flächeneffizienz bei minimalem Aufwand betriebsexterner Futterkomponenten. Deshalb wird stark auf weidebasierte Fütterung (Vollweidestrategie), die häufig mit biologischer Wirtschaftsweise kombiniert ist, gesetzt (Steinwider, 2013). Aufgrund der Diversität und der verschiedenen Betriebsstrategien im Bereich von Low-Input-Systemen, finden sich in der Literatur keine Angaben über die Anzahl von Low-Input-Grünlandbetrieben.

2. Sind die Ergebnisse unserer ZWS auch für extensive Produktionssysteme gültig?

Da wir in der Milchviehhaltung in Österreich und Deutschland in der Intensität stark divergierende Produktionssysteme haben, stellt sich die Frage, ob die für die Zucht selektierten Tiere für alle Umwelten die besten Tiere sind, bzw. ob die Rangfolge der Tiere, die sich aus den geschätzten Zuchtwerten ergibt, sowohl in sehr intensiven als auch in sehr extensiven Produktionssystemen die gleiche ist.

Zur Problematik dieser sogenannten „Genotyp-Umwelt-Interaktionen (GUI)“ gibt es zahlreiche wissenschaftliche Untersuchungen. Genotyp-Umwelt-Interaktion bedeutet dabei, dass zwischen dem Genotyp eines Tieres und seiner Umwelt eine Wechselwirkung besteht (Fürst-Waltl und Fürst, 2013). Mögliche Gründe hierfür können darin liegen, dass dieselben Gene unter differierenden Umweltbedingungen unterschiedlich reagieren oder unter differierenden Umweltbedingungen unterschiedliche Gene zur Wirkung kommen (Falconer und Mackay, 1996). Bei starken GUI (Änderung der Rangfolge) müssten sogar eigene Zuchtprogramme entwickelt und umgesetzt werden (Fürst-Waltl und Fürst, 2013).

In verschiedenen Untersuchungen bei Braunvieh und Fleckvieh konnten bisher keine oder nur sehr schwache GUI festgestellt werden. Gerber et. al. (2006) konnten in einer umfangreichen Untersuchung beim Fleckvieh keine bedeutsamen GUI zwischen verschiedenen Betriebsintensitäten sowie zwischen konventioneller und biologischer Wirtschaftsweise darstellen. Zu ähnlichen Ergebnissen kamen Schwarzenbacher und Fürst (2013), die schlussfolgern, dass derzeit keine Notwendigkeit für eine Berücksichtigung einer Genotyp-Umwelt-Wechselwirkung in der Zuchtwertschätzung oder in den Zuchtprogrammen beim Fleckvieh gegeben ist. Ihre Analysen bestätigten dies auch für die Milchleistungsmerkmale beim Braunvieh. Fürst (2013) ist deshalb der Meinung, dass aus fachlicher Sicht derzeit kein Bedarf für unterschiedliche Zuchtprogramme besteht. Verschiedene Zuchttrichtungen würden in relativ kleinen Populationen resultieren, in

denen keine zufriedenstellenden Zuchtfortschritte zu erwarten seien.

Eine aktuelle österreichische Untersuchung von Pfeiffer et al. (2016) untersuchte ebenfalls GUI in Merkmalen aus dem Milch- und dem Fitnessbereich zwischen extensiver und intensiver konventioneller Milcherzeugung sowie zwischen diesen Intensitätsstufen und biologisch wirtschaftenden Milchviehbetrieben beim Fleckvieh. In den untersuchten Merkmalen zeigten sich keine oder allenfalls tendenzielle GUI. Auch kam es zu keinen nennenswerten Rangverschiebungen zwischen Besamungstieren zwischen den Produktionssystemen. Die Autoren folgern daraus, dass in der österreichischen Fleckviehzucht derzeit keine unabhängigen Zuchtprogramme für verschiedene Produktionssysteme notwendig sind. Allerdings hängen das Auftreten und die Ausprägung von GUI sowohl von der Höhe der Unterschiede zwischen den Genotypen als auch zwischen den Umwelten ab. Deshalb ist bei großen Differenzen im Genotyp oder in der Umwelt eher mit dem Auftreten von GUI rechnen.

So weisen Fürst-Waltl und Fürst (2013) darauf hin, dass niedrige Interbull-Korrelationen zwischen Deutschland/Österreich und Neuseeland, sowie in abgeschwächter Form mit Irland auf mögliche Genotyp-Umwelt-Interaktionen hinweisen könnten. Die Umweltbedingungen in Neuseeland und Irland, die durch eine extensivere Haltung und weit verbreiteter Weidehaltung gekennzeichnet sind, unterscheiden sich deutlich von denen in Österreich.

Steinwider und Starz (2006) stellten fest, dass Kühe mit hohen Einsatzleistungen umso weniger geeignet erscheinen, je stärker „Low-Input“ Strategien am Milchviehbetrieb umgesetzt werden. Auch Horn (2015) zeigt auf, dass sich Hochleistungstiere weniger für grundfutterbasierte Produktion eignen. So hatte auf Grundfutterleistung selektierte neuseeländische Genetik bei Fütterung von sehr geringen Kraftfuttermengen Vorteile gegenüber heimischen Rassen. Genotyp x Umwelt Interaktionen konnten ebenfalls von Bapst und Stricker, zitiert von Simianer (2007), zwischen den Umwelten Berggebiet und Talgebiet nachgewiesen werden. Die GUI waren dabei umso

höher, je größer der Unterschied (Höhenlage) zwischen den Umwelten war.

Zahlreiche Untersuchungen zeigten, dass Zucht auf höhere Milchleistung aufgrund antagonistischer genetischer Korrelationen negative Seiteneffekte auf Gesundheits- und Fruchtbarkeitsmerkmale hat (u.a. Kadarmideen et al., 2000; Pryce et al., 2004). Bei hohen Leistungen sind die Anforderungen an den Organismus deutlich höher. Alle Teilbereiche (Zucht, Fütterung, Haltung, Management) sind zu optimieren, damit hohe Leistungen nicht zu physiologischen und damit gesundheitlichen Störungen führen (Egger-Danner, 2013). Dies wird in extensiven Produktionssystemen schwieriger und ist bei Low-Input-Strategien kaum zu verwirklichen.

Insgesamt zeigen die Ergebnisse, dass es, wenn man den Leistungsbereich des Großteils unserer Betriebe betrachtet, in unseren Populationen keine Probleme aufgrund von GUI gibt. Ob dies auch für den Extrembereich (z.B. Low-Input-Vollweidebetriebe) gilt, ist nicht abzuschätzen, weil für die Schätzung von GUI in diesem Intensitätsbereich kein ausreichendes Datenmaterial zur Verfügung steht. Auch Vergleiche einheimischer Rassen mit neuseeländischen HF-Kühen zeigten keine eindeutigen Ergebnisse (u.a. Picand et al., 2011)

Die Zuchtwerte der Besamungsbullen sind also in unterschiedlichen Produktionsintensitäten gültig, dennoch stellen aber unterschiedliche

Produktionssysteme unterschiedliche Anforderungen an Besamungsbullen (Bullenprofile). Eine ausreichende genetische Variation im Angebot von Besamungsbullen ist dabei Voraussetzung dafür, dass alle Produktionssysteme bedient werden können.

3. Haben wir ausreichend genetische Variation innerhalb unserer Populationen?

Zur Beantwortung dieser Frage sollen die deutsch-österreichischen Selektionskandidaten der Rassen Braunvieh und Fleckvieh des Geburtsjahrgangs 2014 betrachtet werden (Tabelle 1). Auffallend ist die große Bandbreite der Zuchtwerte, die auf Basis der 8-10 Jahre alten Bullen standardisiert werden. Trotz des großen Zuchtfortschritts, finden sich insbesondere auch im Milchbereich zahlreiche Bullen mit mittleren bis unterdurchschnittlichen Zuchtwerten.

Ebenfalls in Tabelle 1 sind die Fleckviehbullen des Geburtsjahrgangs 2014 mit Milchwerten zwischen 100 und 110 aufgelistet. Der Milchwertbereich wurde subjektiv bestimmt, spiegelt aber den Bereich wieder, den viele extensive Betriebe als ihr Zuchtziel im Bereich der Milchleistung angeben.

Tabelle 1: Ausgewählte Zuchtwerte (Mittelwert, Streuung sowie Minimum/Maximum) der Braunvieh- und Fleckvieh-Kandidaten des Geburtsjahrgangs 2014 sowie für Fleckvieh-kandidaten des Jahrgangs 2014 mit einem Milchwert von 100-110. (ZWS Dezember 2015)

| Merkmal | Braunvieh GJ 2014 | | Fleckvieh GJ 2014 | | Fleckvieh GJ 14 MW 100 -110 | |
|-----------------------|----------------------|------------|----------------------|-------------|--------------------------------|------------|
| | Ø ± s | Min. /Max | Ø ± s | Min. /Max. | Ø ± s | Min. /Max. |
| Kandidaten (n) | | 1951 | | 8918 | | 3255 |
| GZW | 118,2 ± 7,8 | 78 /142 | 117,1 ± 8,0 | 78 / 154 | 112,4 ± 5,9 | 94 / 131 |
| Milchwert | 114,9 ± 7,3 | 78 / 137 | 111,9 ± 7,1 | 68 / 139 | 106,2 ± 2,9 | 100 / 110 |
| Milch-kg | 529 ± 310 | -864/+1523 | 457 ± 272 | -1180/+1481 | 290 ± 192 | -519/+859 |
| Fleischwert | 100,0 ± 8,2 | 75 / 133 | 104,4 ± 8,1 | 74 / 140 | 104,8 ± 8,2 | 75 / 140 |
| Fitnesswert | 109,3 ± 9,3 | 74 / 139 | 110,5 ± 9,6 | 69 / 147 | 110,9 ± 9,4 | 77 / 147 |
| Nutzungsdauer | 106,9 ± 8,2 | 78 / 130 | 107,5 ± 8,1 | 73 / 138 | 108,0 ± 8,0 | 75 / 137 |
| Fundament | 105,2 ± 6,5 | 76 / 128 | 104,1 ± 7,0 | 79 / 131 | 104,3 ± 7,1 | 79 / 131 |
| Euter | 108,2 ± 7,9 | 84 / 132 | 106,4 ± 7,9 | 77 / 137 | 106,1 ± 8,0 | 78 / 137 |

Insgesamt finden sich im Milchwertbereich von 100-110 Punkten 3.255 Bullen. Bedingt durch die Einschränkungen im Milchwert ist die Streubreite dieser Bullen im Gesamtzuchtwert und im Bereich der Milchzuchtwerte natürlich verringert. Auffallend ist, dass die Streubreite im Fleischwert, im Exterieur und im Fitnessbereich im Vergleich zum gesamten Geburtsjahrgang unverändert ist. Es bestehen bei diesen Bullen also ausreichend Möglichkeiten zur Selektion im Exterieur- und Fitnessbereich. Um aus diesen Bullen, die am besten geeignete Genetik für extensive Betriebssysteme zu selektieren, bieten sich alternative Indizes an, von denen der Ökologische Gesamtzuchtwert (ÖZW) genauer beschrieben werden soll.

4. Wie können unsere Zuchtprogramme langfristig den Anforderungen extensiver Produktionssysteme gerecht werden?

4.1 Betriebliche Selektion und Bullenankauf anhand alternativer Indizes am Beispiel Ökologischer Gesamtzuchtwert (ÖZW)

Der ÖZW wird für die Rassen Braunvieh, Fleckvieh und Gelbvieh gerechnet und in Deutschland und Österreich für Bullen und in Bayern für „Kühe auf ökologischen Betrieben“ veröffentlicht. Die Basis für den ÖZW ist das Zuchtziel in der ökologischen Milchviehhaltung, nämlich „das Erreichen des ökonomischen Optimums mit leistungsfähigen, aber nicht höchstleistenden, dafür aber langlebigen Milchkühen“ (ÖZW, 2016). Hierzu werden im Vergleich mit dem konventionellen Gesamtzuchtwert (GZW) teilweise unterschiedliche und alternative Merkmale (u.a. Leistungssteigerung = Steigerung der Milchleistung in den höheren Laktationen und das Exterieur) verwendet und die ökonomischen Gewichte deut-

lich in Richtung Fitness verschoben. Tabelle 2 und Abbildung 1 verdeutlichen das unterschiedliche Profil von ÖZW und GZW anhand ausgewählter Zuchtwerte der TOP-25 Bullen in den beiden Indizes.

In Abbildung 1 ist die Abweichung vom Zuchtwert 100 in beiden Indizes dargestellt. Die Abbildung zeigt die deutlichere Ausrichtung des GZW auf Milchleistung und tendenziell auf Fleischleistung und die Fokussierung des ÖZW auf die Fitnessmerkmale, insbesondere auf Nutzungsdauer und Persistenz. In beiden Indizes werden ähnliche Prioritäten auf Fundament und Euter sowie Eutergesundheit gelegt.

Mit dem ÖZW wird kein eigenständiges Zuchtprogramm verfolgt, er dient zur Identifizierung ökologisch interessanter Bullen aus dem aktuellen Bullenangebot der Besamungsstationen. Der ÖZW und verschiedene Teilzuchtwerte werden den Betrieben in Datenbanken und Informationsschriften zur Verfügung gestellt (ÖZW, 2016), und unterstützen sie bei ihrer züchterischen Arbeit.

Um eine gezieltere züchterische Beratung für ökologische Betriebe zu ermöglichen, wurde ein „ökologisches Anpaarungsprogramm „OptiBull-Öko“ entwickelt (Krogmeier, et al., 2014). In OptiBull-Öko, der „Ökoverision“ des konventionellen Anpaarungsprogramms OptiBull, ersetzt der ÖZW den GZW als Basis für die Berechnung der Anpaarungsempfehlungen. Außerdem kann die Bullenauswahl auf einen Pool von Bullen, die von den Ökoverbänden empfohlen werden und sich durch einen hohen ÖZW auszeichnen, eingeschränkt werden. Neben der Freischaltung der Internet-Anwendung kann eine Zuchtberatung im Rahmen einer Verbundberatung in Anspruch genommen werden (LKV, 2016).

Neben dem grundsätzlichen ökologischen Zuchtziel, hat natürlich jeder Betrieb sein persönliches, betriebsindividuelles Zuchtziel, nach dem die Bullenauswahl erfolgt.

Tabelle 2: Durchschnittliche Zuchtwerte der TOP-25 nachkommengeprüften Bullen nach ÖZW und GZW (Zuchtwertschätzung Dezember 2015, Abkürzungen siehe Abbildung 1).

| | MW | FW | ND | EGW | FRW | KVm | PER | FU | EU |
|----------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|
| ÖZW | 112,9 | 108,7 | 117,4 | 110,8 | 106,0 | 109,0 | 114,6 | 106,7 | 112,4 |
| GZW | 118,6 | 110,3 | 113,2 | 110,2 | 102,6 | 106,8 | 105,7 | 106,1 | 110,7 |
| Differ. | -5,7 | -1,6 | +4,2 | +0,6 | +3,4 | +2,2 | +8,9 | +1,7 | +1,7 |

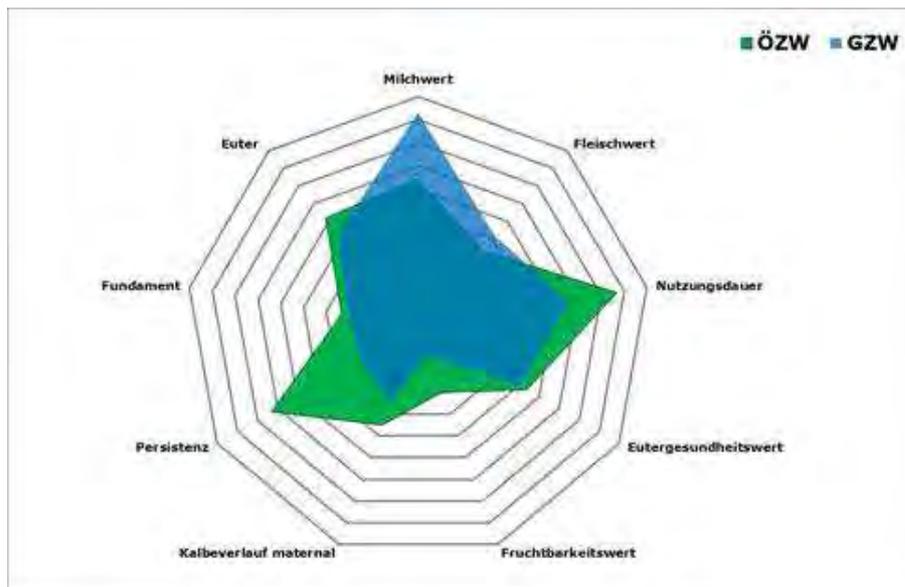


Abb. 1: Grafische Darstellung (Abweichung vom Zuchtwert 100) des Profils der TOP-25 nachkommengeprüften Bullen nach ÖZW (grün) und GZW (blau)

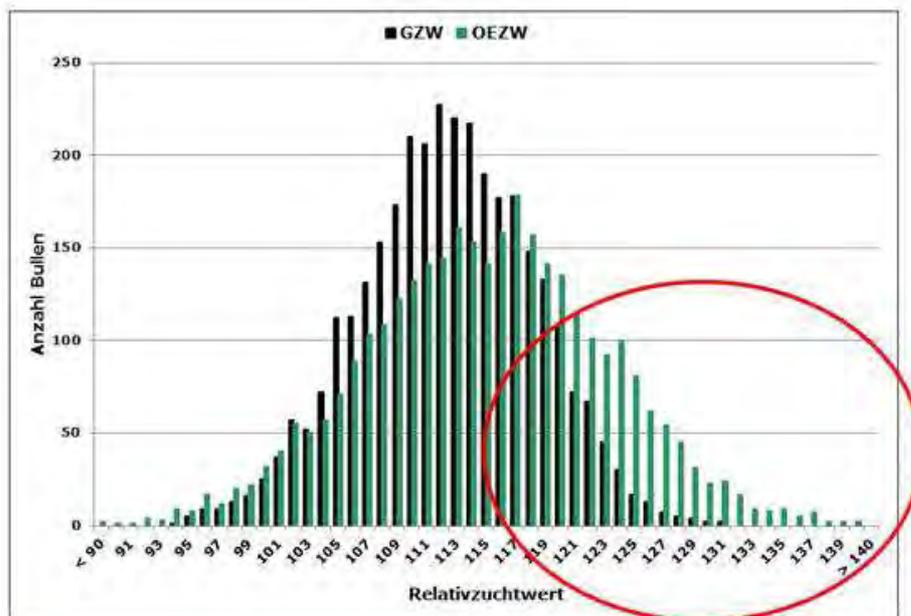


Abb. 2: Verteilung des GZW und des ÖZWs bei den Fleckviehkandidaten (GJ 2014) mit einem Milchwert von 100-110 und Kennzeichnung des für ökologische Betriebe interessanten Bullensegments.

Die Berechnung alternativer Indizes macht dann Sinn, wenn viele Betriebe ähnliche Zuchtziele verfolgen, für die entsprechende Bullen nachgefragt werden. Wenn die Nachfrage nach ökologisch interessanten Bullen ausreichend hoch ist, werden die Besamungsstationen verstärkt die nachgefragten Bullen anbieten und alternative Produktlinien ins Programm nehmen. Dazu müssen allerdings die entsprechenden Bullen angekauft werden, wozu der ÖZW ebenfalls hilfreich ist. Abbil-

dung 2 zeigt, dass im Bullenbereich, der für ökologische oder extensive Betriebe interessant ist (rot umrandet), durch den ÖZW eine deutlich bessere Differenzierung erreicht wird. Praktisch könnte für alle Kandidaten ein ÖZW gerechnet und potentiellen Käufern zur Verfügung gestellt werden. Die Selektion und der Ankauf von Bullen könnten dann direkt nach ÖZW erfolgen. Dies würde sich grundlegend von der aktuellen Situation unterscheiden, in der der Bullenankauf nach GZW erfolgt und

aus diesen Bullen heraus, geeignete Bullen für extensive Betriebe selektiert werden können. Auch sollte man die psychologische Wirkung einer solchen Vorgehensweise nicht unterschätzen. Interessierten Betrieben würde nicht wie bisher die zweite Wahl der konventionell selektierten Bullen sondern die erste Wahl nach dem ökologischen Zuchtziel angeboten.

Das Gesagte gilt grundsätzlich natürlich nicht nur für den ÖZW, sondern es sind auch weitere alternative Gesamtzuchtwerte (z.B. Vollweideindex, Berggebietindex) denkbar.

4.2 Erhalt ausreichender genetischer Variation durch Mitarbeit im Zuchtprogramm

Extensiv wirtschaftende Milchviehbetriebe äußern häufig die Befürchtung, dass der durch die genomische Selektion beschleunigte Zuchtfortschritt im Milchbereich, dazu führen könnte, dass in Zukunft kaum noch passende Bullen für extensive Produktionssysteme im Angebot der Besamungsstationen zu finden sein werden. Zum Erhalt ausreichender genetischer Variation seien deshalb konsequenterweise eigene Zuchtprogramme zu etablieren.

Ein bereits bestehendes eigenständiges Zuchtprogramm im extensiven Bereich ist die "Europäische Vereinigung für naturgemäße Rinderzucht" EUNA (EUNA, 2016). Sie ist ein europaweit auftretender Rinderzuchtverband, dessen Zuchtziel an den Leitlinien der Lebensleistungszucht ausgerichtet ist, wobei die gezüchteten Tiere durch jahrzehntelange Linienzucht auf Lebensleistung entstanden sind.

Bei den wichtigsten österreichischen und süddeutschen Rinderrassen hat sich die Frage nach eigenen Zuchtprogrammen bisher nicht gestellt. So stellten Simianer et al. (2007) fest, dass unter den gefundenen genetischen Parametern weder ein geschlossenes noch ein offenes eigenes Zuchtprogramm im ökologischen Sektor wirtschaftlich gerechtfertigt ist.

Allerdings wurden diese Aussagen noch vor Zeiten der genomischen Selektion gemacht. Die genomische Selektion ermöglicht es heute, einfacher am Zuchtprogramm teilzunehmen, bzw. ein eigenständiges Zuchtprogramm zu initiieren. Voraussetzung dafür, dass Bullen in

den Besamungseinsatz gehen können, ist ausschließlich eine ausreichende Sicherheit (Sicherheit MW > 50%) des genomischen Zuchtwerts. Die hohen Kosten des früheren Prüfbulleneinsatzes fallen heute nicht mehr an. Die genomischen Zuchtwerte sind bei Braunvieh und Fleckvieh frei zugänglich und der organisatorische Aufwand kann durch Dienstleister übernommen werden. So bieten Besamungsstationen Lohnabsamungen als Service an. Hierunter fällt nicht nur die Absamung der Zuchtbullen, sondern der gesamte Service von den Voruntersuchungen über die Quarantäne bis hin zum Vertrieb. (z.B. Goepelgenetik, 2016). Auch zusätzliche Serviceleistungen wie Abstammungskontrollen, Untersuchungen auf Gendefekte bis hin zu professionellen Bullenfotos werden angeboten. Bei EU-Zulassung sind solche Unternehmen in der Lage, Sperma weltweit zu verkaufen.

Bei Berücksichtigung der rechtlichen Rahmenbedingungen wären Verbände (z.B. Ökoverbände) oder andere Gruppen (bspw. Zusammenschlüsse von Vollweidebetrieben) dadurch in der Lage, Bullen, die dem eigenen Zuchtziel entsprechen, zu kaufen und das Sperma ihren Mitgliedsbetrieben anzubieten und zu liefern.

Der Aufbau eines eigenständigen Zuchtprogramms steht dabei derzeit nicht zur Debatte, hierzu müsste eine sehr große Anzahl an Betrieben teilnehmen, was aufgrund der Diversität extensiver Produktionssysteme kaum zu erreichen sein wird. Solange dies nicht gegeben ist, liefe ein eigenständiges geschlossenes Zuchtprogramm rasch in Probleme wie stark steigende Inzucht und zu geringen Zuchterfolg. Allerdings könnte ein "offenes Zuchtprogramm", d.h. die Mitarbeit innerhalb der bestehenden Zuchtprogramme, durchaus Erfolg haben. Theoretisch könnten Bullen aus dem Gesamtpool der Kandidaten angekauft werden und in der nächsten Generation mit männlichen Nachkommen dieser Bullen weitergezüchtet werden. Auf der weiblichen Seite könnten diese von Bullenmüttern abstammen, die dem eigenen Zuchtziel entsprechen. Dabei würde immer wieder die Möglichkeit bestehen, auf den Genpool aller Tiere der entsprechenden Rasse zurückzugreifen.

Ein solches offenes Zuchtprogramm, das natürlich auch von den bestehenden Zuchtorganisationen und Besamungsstationen organisiert werden kann, trägt dazu bei, dass auch in Zukunft die Wünsche extensiver Betriebe an eine passende Genetik erfüllt werden können. Es führt nicht zu einer Teilung der Population und den damit verbundenen Problemen, wie z.B. verstärkter Inzucht. Der Ankauf weniger zusätzlicher Bullen nach alternativen Zuchtzielen würde vielmehr die Varianz in den Rassen erhöhen. Da die eingesetzten Bullenmütter nur in geringem Umfang mit den aktuellen Bullenmüttern konkurrieren, wird sich auch der Zuchtfortschritt nicht wesentlich verringern. Zusätzliche Kosten für die zusätzlichen Bullen könnten sich dadurch amortisieren, dass im extensiven Bereich weniger mit Natursprung gearbeitet wird. Der finanzielle Erfolg hängt dabei von der Qualität der angebotenen Genetik und von der Enge der Kundenbindung der nachfragenden Betriebe ab.

5. Zukünftige Weiterentwicklungen

Horn (2015) sprach die Hoffnung aus, dass für die Selektion von Bullen für eine grundfutterbasierte Produktion zukünftig zusätzliche Parameter in die Zuchtprogramme einfließen werden. Bedeutend für grundfutterbasierte Produktionssysteme wären seiner Meinung nach das Gewicht, Stoffwechselfparameter und die Körperkondition der Kühe.

Wichtige Fortschritte in diesem Bereich könnte das Projekt „Efficient Cow“ (Analyse und Optimierung der Produktionseffizienz und der Umweltwirkung in der österreichischen Rinderwirtschaft (Efficient Cow, 2016) bringen. Inhalte von „Efficient Cow“ sind die Erfassung von Hilfsmerkmalen zur Ableitung der Nährstoffeffizienz, die Gewinnung von Informationen zu Körpergewicht, Mobilisierung von Körperfettreserven, Gesundheit und Fütterung, die Ausarbeitung von Effizienzparametern, die Analyse von züchterischen Möglichkeiten im Bereich der Produktionseffizienz und die Ableitung der optimalen Lebendmasse zur Erzielung der höchsten Nährstoff-Effizienz (Steininger, 2015).

Aktuell sind ebenfalls Resilienz- und Robustheitsparameter das Thema zahlreicher Forschungsvorhaben. Dabei werden Fragestellungen wie „die Leistungen und die Anpassungsfähigkeit von Genotypen in sich schrittweise ändernden Umwelten“ (u.a. Streit et al., 2015) bearbeitet. Es könnten Zuchtwerte entwickelt werden, die aufzeigen, wie gut sich die Nachkommen von Bullen an extensive Produktionsbedingungen anpassen können. Zuchtwerte für Resilienz- und Robustheitsparameter wären wichtige Informationen für die Entwicklung neuer Indizes oder alternativer Zuchtziele für extensive Produktionssysteme.

6. Fazit

Zwar sind die Unterschiede zwischen extensiver und intensiver Milchproduktion fließend, dennoch zeigt die Einteilung in extensiv und intensiv nach verschiedenen Kriterien, dass eine große Anzahl an Betrieben keine Höchstleistungen anstreben. Wenn wir in unseren Rassen für diese Betriebe geeignete Bullen zur Verfügung stellen wollen, müssen die Ergebnisse unserer Zuchtwertschätzung auf extensive Produktionssysteme übertragbar und eine ausreichende genetische Variation in den Rassen vorhanden sein sowie geeignete Selektionsindizes genutzt werden.

Wissenschaftliche Untersuchungen zeigen, dass die Ergebnisse unserer Zuchtwertschätzung für die unterschiedlichen Produktionssysteme gültig sind. Dennoch stellen unterschiedliche Produktionssysteme unterschiedliche Anforderungen an Besamungsbullen (Bullenprofile). Betrachtet man die aktuellen Selektionskandidaten, dann zeigt sich eine große genetische Variation in unseren Rassen, die Selektionsmöglichkeiten für verschiedenste Produktionssysteme zulässt. Dabei können alternative Indizes (Zuchtziele) dazu beitragen, die Selektion geeigneter Bullen zu verbessern. Dies gilt sowohl für die innerbetriebliche Anpaarung als auch für die Auswahl spezialisierter Besamungsbullen. Die Berechnung und Veröffentlichung dieser Indizes für alle typisierten Kandidaten würde die Besamungsstationen in die Lage versetzen, gezielt geeignete Bullen anzukaufen.

Um zu gewährleisten, dass auch in Zukunft geeignete Besamungsbullen für extensive Betriebe vorhanden sein werden, sollten gezielt Anpaarungen an ausgewählte Bullenmütter erfolgen. Da diese nur in geringem Umfang mit den aktuellen Bullenmüttern konkurrieren, wird sich der Zuchtfortschritt nicht wesentlich verringern. Solche offenen Zuchtprogramme führen nicht zu einer Teilung der Population, vielmehr können sie die genetische Variation in den Rassen erhöhen.

Aktuelle Forschungsvorhaben lassen erwarten, dass zukünftig zusätzliche Merkmale, die die Anforderungen extensiver Produktionssysteme an Milchkühe beschreiben, entwickelt und in alternative Zuchtziele integriert werden.

7. Literatur

- Efficient Cow (2016): Efficient Cow. Produktionseffizienz und Umweltwirkung in der Rinderzucht (<https://www.zar.at/Projekte/Efficient-Cow.html>, abgerufen am 26.02.2016).
- Egger-Danner (2013): Leistungsgrenzen beim Rind in Abhängigkeit von Züchtung und Management In: Tagungsband 19. Österreichische Wintertagung 2013 für Grünland- und Viehwirtschaft. 11-12.
- EUNA (2016): Europäische Vereinigung für naturgemäße Rinderzucht. (www.euna.info, abgerufen am 19.02.2016).
- Falconer, D. S. Mackay, T. F. (1996): Introduction to quantitative genetics. 4th Ed., Longman Group, Harlow, England.
- Fürst, C. (2013): Brauchen wir unterschiedliche Zuchtziele und Zuchtprogramme? Die beste Kuh fürs Gras. Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR (Hrsg.) 63-71.
- Fürst-Waltl, B. und Fürst, C. (2013): Genetische Hintergründe von Merkmalsbeziehungen unter verschiedenen Umweltbedingungen. Die beste Kuh fürs Gras. Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR (Hrsg.) 47-54.
- Gerber, A., Krogmeier, D., Emmerling, R. und K.-U. Götz (2006): Untersuchung zur Leistung von Besamungstieren unterschiedlicher genetischer Veranlagung für Milchleistung in Betrieben verschiedener Intensität. Schriftenreihe der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft. (LfL), Freising-Weißenstephan. ISSN 1611-4159.
- Göpelgenetik (2016): Lohnabsamung. Informationen zur Absamung von Besamungsbullen (www.goepelgenetik.de, abgerufen am 20.02.2016).
- Grüner Bericht (2015): Bericht über die Situation der österreichischen Land- und Forstwirtschaft (www.gruenerbericht.at, abgerufen am 26.02.2016)
- Horn, M. (2015): Gibt es passende Kuhtypen für grundfutterbasierte Milchproduktion? Bericht über die 21. Wintertagung der HBLFA (Hrsg.). Effizienz in der Rinderhaltung, 19-20.
- Kadarmideen, H.N., Thompson, R., and Simm, G. Linear and threshold model genetic parameters for disease, fertility and milk production in dairy cattle. *Anim. Sci.* 2000; 71: 411–419.
- Krogmeier, D. Vogl, E., Sixt, D., Metz, C., Elsasser, A., Daxenbichler, A. und G. Postler (2014): OptiBull-Öko - Züchten mit der Ökoverision des Anpaarungsprogramms OptiBull. In: Angewandte Forschung und Beratung für den ökologischen Landbau in Bayern, LfL-Schriftenreihe 2/2014, 13-18.
- LKV (2016): Anpaarungsberatung mit OptiBull. (<http://www.lkv.bayern.de/beratung/anpaarungsberatung.html>, abgerufen am 26.02.2016).
- LKV (2014): LKV-Jahresbericht Leistungs- und Qualitätsprüfung in der Rinderzucht in Bayern 2014. (http://www.lkv.bayern.de/lkv/medien/Jahresberichte/mlp_jahresbericht2014.pdf, abgerufen am 20.02.2016).
- ÖZW (2016): Der ökologische Gesamtzuchtwert Dezember 2015. (<http://www.lfl.bayern.de/itz/rind/018887>, abgerufen am 15.02.2016).
- Pfeiffer, C., Fürst, C., Schwarzenbacher, H. und B. Fürst-Waltl (2016): Genotype by environment interaction in organic and conventional production systems and their consequences for breeding objectives in Austrian Fleckvieh cattle. *Livestock Science* 185: 50-55. (<http://dx.doi.org/10.1016/j.livsci.2016.01.011>, abgerufen am 17.02.2016).
- Picand, V., Cutullic, E., Schori, F., Weilenmann, S. und P. Thomet (2011): Projekt «Weidekuh-Genetik: Produktion, Fruchtbarkeit und Gesundheit. Agrarforschung Schweiz 2 (6): 252–257.
- Pryce, J.E., Royal, M.D., Garnsworthy, P.C., and Mao, I.L. Fertility in the high-producing dairy cow. *Livest. Prod. Sci.* 2004; 86: 125–135.
- Schwarzenbacher, H. und C. Fürst (2013): Züchten wir die richtigen Kühe für extensive Betriebe? Die beste Kuh fürs Gras. Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR (Hrsg.) 55-61.
- Simianer, H., 2007. Ökologische Milchviehzucht: Entwicklung und Bewertung züchterischer Ansätze unter Berücksichtigung der Genotyp x Umwelt-Interaktion und Schaffung eines Informationssystems für nachhaltige Zuchtstrategien. <http://www.orgprints.org/11222/> (abgerufen am 10.2.2016).
- Steininger, F. (2015): Projektvorstellung „Efficient Cow“. Der effizienten Kuh auf der Spur. In: Tagungsband 20. Österreichische Wintertagung 2015 für Grünland- und Viehwirtschaft. 15–18.
- Steinwidder, A. (2013): Low-Input-Systeme im Grünland - Stärken und Schwächen. Tagungsband 19. Österreichische Wintertagung 2013 für Grünland- und Viehwirtschaft. 23-24.

Steinwigger, A. und W. Starz (2006): Sind unsere Kühe für die Weide noch geeignet? Tagungsband der 13. Freiland-Tagung Freilandhaltung: Perspektive für die Zukunft!?, 37-43.

Streit, M., Thaller, G. und J. Bennewitz (2015): Untersuchungen zur Umweltsensitivität der Milchmerkmale bei Deutschen Holstein. Züchtungskunde 87: 37-46

Wikipedia (2016): Landwirtschaft. (<https://de.wikipedia.org/wiki/Landwirtschaft>, abgerufen am 10.02.2016).

Neue Merkmale – Fitness, Vitalität und Gesundheit im Fokus

Christian Fürst, Christa Egger-Danner, Hermann Schwarzenbacher, Birgit Fürst-Waltl

1. Einleitung

Es besteht international kein Zweifel daran, dass Fitnessmerkmale in modernen Zuchtzieldefinitionen berücksichtigt werden müssen. Während die ökonomische Bedeutung der klassischen Produktionsmerkmale oftmals stärker von Preisschwankungen abhängen, ist es doch sehr wahrscheinlich, dass z.B. Fruchtbarkeitsmerkmale oder die Nutzungsdauer unter allen zukünftigen Bedingungen eine große Bedeutung haben dürften. Daher hat sich auch hinsichtlich der Fitness- bzw. funktionalen Merkmale in der Rinderzucht der letzten Jahrzehnte viel getan. Es gibt kaum mehr Länder, die nicht zumindest für Fruchtbarkeitsmerkmale, Zellzahl oder Nutzungsdauer eine Zuchtwertschätzung durchführen. In den skandinavischen Ländern sowie seit 2010 auch in Österreich und Deutschland kommen auch noch Gesundheitszuchtwerte hinzu. Der überwiegende Großteil dieser Merkmale richtet sich auf Kühe, während Kälber und Kalbinnen nur einen „Nebenschauplatz“ darstellen. Zu den wenigen Merkmalen, die es für diese Tiergruppe in der Rinderzucht gibt, gehören die Fruchtbarkeit der Kalbinnen, sowie die Totgeburtenrate. Letztere, da sie auch das Verenden bis 48 Stunden beinhaltet, gibt Rückschlüsse auf die Überlebensfähigkeit der Kälber. Für den langen Zeitraum ab dem 3. Tag nach der Geburt und der ersten Abkalbung lagen aber bisher keinerlei routinemäßigen Auswertungen vor – und das, obwohl Verluste in der Aufzuchtphase klarerweise deutlich teurer kommen. Daher wurde für diesen Bereich der Aufzuchtverluste eine neue Zuchtwertschätzung (ZWS) entwickelt.

Im Rahmen der gemeinsamen Zuchtwertschätzung wurden in den letzten Monaten und Jahren außerdem zahlreiche Weiterentwicklungen in der ZWS erarbeitet. Die Bandbreite der Änderungen reicht von der Neu-Entwicklung der Aufzuchtverluste, über die Einbeziehung neuer

Datenquellen (geburtsnahe Beobachtungen) bis hin zur Einbeziehung Tschechiens in die Nutzungsdauer-ZWS.

Speziell im Fitnessbereich kommt es mit der April-ZWS 2016 zu zahlreichen Verbesserungen der bestehenden ZWS, dies betrifft die Merkmale bzw. Merkmalsbereiche Gesundheit, Fruchtbarkeit, Kalbeverlauf, Nutzungsdauer und die Aufzuchtverluste.

2. Gesundheit

Die Gesundheits-ZWS für die Merkmale Mastitis, frühe Fruchtbarkeitsstörungen, Zysten und Milchfieber, seit 2010 beim Fleckvieh (Fuerst et al., 2011) bzw. seit 2013 beim Braunvieh (Fuerst und Egger-Danner, 2014), wurde bisher ausschließlich basierend auf tierärztlichen Diagnosen aus Österreich und Baden-Württemberg für jedes Merkmal separat (univariat) durchgeführt. Mit der April-ZWS ist es jetzt möglich, tierärztliche Diagnosen aus Bayern und insbesondere auch die geburtsnahen Gesundheitsbeobachtungen aus Österreich, Bayern und Baden-Württemberg miteinzubeziehen.

Diagnosen aus Bayern

Der Datenumfang der tierärztlichen Diagnosen aus Bayern beschränkt sich bisher auf ca. 30.000 Kühe (Tabelle 1) und stellt damit vorerst nur einen kleinen Teil der insgesamt mehr als 1 Million Datensätze in der ZWS dar. Der Großteil (93,3%) wird über das LKV (LOP) erfasst, 4,3% kommen elektronisch vom Tierarzt und 2,4% werden vom Landwirt im RDV4M eingegeben.

Geburtsnahe Beobachtungen

Seit 2012 werden in leicht unterschiedlicher Form in Deutschland und Österreich sogenannte „geburtsnahe Gesundheitsbeobachtungen“

gen' 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. Ein Überblick über die Anzahl und Frequenzen der geburtsnahen Beobachtungen ist in Tabelle 2 zu finden.

Tabelle 1: Tierärztliche Diagnosen aus Bayern in der Gesundheits-ZWS.

| | Fleckvieh | | | Braunvieh | | |
|----------------------------|-----------|-----------------|-----------------|-----------|-----------------|-----------------|
| | Anzahl | Frequenz Bayern | Frequenz gesamt | Anzahl | Frequenz Bayern | Frequenz gesamt |
| Mastitis | 23.690 | 8,9 | 9,4 | 895 | 12,9 | 10,3 |
| Frühe Fru.störungen | 29.862 | 6,4 | 4,4 | 1.159 | 8,4 | 6,0 |
| Zysten | 23.437 | 5,5 | 4,5 | 879 | 4,2 | 3,0 |
| Milchfieber | 30.850 | 2,5 | 2,4 | 1.201 | 3,8 | 2,9 |

Tabelle 2: Anzahl und Frequenzen (%) für Nachgeburtsverhaltung und Festliegen von geburtsnahen Beobachtungen in der Gesundheits-ZWS.

| | Fleckvieh | | | Braunvieh | | |
|-----------------------------|-----------|-----------|----------|-----------|---------|----------|
| | Ö | Bayern | Baden-W. | Ö | Bayern | Baden-W. |
| Anzahl | 775.222 | 2.076.677 | 232.799 | 71.702 | 304.177 | 78.938 |
| Nachgeburtsverh. (%) | 4,1 | 4,9 | 5,5 | 4,5 | 5,8 | 5,7 |
| Festliegen (%) | 3,2 | 2,5 | 2,1 | 2,7 | 2,2 | 2,5 |

Tabelle 3: Anzahl Daten in der Gesundheits-ZWS vom Dezember und im Testlauf.

| | Fleckvieh | | Braunvieh | |
|----------------------------|-----------|-----------|-----------|----------|
| | Dez. 15 | Testlauf | Dez. 15 | Testlauf |
| Mastitis | 945.687 | 969.785 | 116.312 | 117.227 |
| Frühe Fru.störungen | 1.025.853 | 3.564.902 | 126.253 | 519.246 |
| Zysten | 928.258 | 951.320 | 114.411 | 115.225 |
| Milchfieber | 1.044.753 | 3.603.246 | 128.358 | 523.916 |

In der neuen ZWS gehen die Nachgeburtsverhaltungen aus Beobachtungen als Ergänzung der Diagnosen für frühe Fruchtbarkeitsstörungen ein, das Festliegen ergänzt die Milchfieber-Diagnosen. Weiters wird der Zeitraum für die Einbeziehung der Merkmale in die frühen Fruchtbarkeitsstörungen von 30 Tagen auf 90 Tage nach der Abkalbung erweitert, um einen größeren Anteil an Gebärmutterentzündungen (Metritis) zu erfassen. Der Einbeziehung der Beobachtungen muss durch einen zusätzlichen fixen Effekt im ZWS-Modell Rechnung getragen werden. Dieser Datentyp wird dabei in drei Kategorien eingeteilt: Betrieb mit aus-

schließlich Diagnosedaten, mit ausschließlich geburtsnahen Beobachtungen und Betrieb mit Diagnosen und Beobachtungen im jeweiligen Jahr.

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 wie bisher jeweils univariat mit unveränderten Heritabilitäten geschätzt (2,0 bzw. 3,0 für Mastitis und 3,6 bzw. 1,7 für Milchfieber, jeweils für Fleckvieh und Braunvieh). Die beiden Fruchtbarkeitsmerkmale frühe Fruchtbarkeitsstörungen und Zysten wandern zur Fruchtbarkeits-ZWS und werden multivariat mit den anderen Fruchtbarkeitsmerkmalen geschätzt (siehe Kapitel 3).

Auswirkungen

Bei der **Mastitis** gibt es durch die eher kleine Datenmenge der neuen Diagnosen aus Bayern nur sehr geringe Auswirkungen auf die Zuchtwerte und Sicherheiten. Die alt-neu-Korrelationen liegen bei 0,99, die Sicherheiten gehen nur in einzelnen Fällen etwas nach oben. Beim **Milchfieber** sind die Auswirkungen durch die Einbeziehung der Beobachtungen deutlich stärker. Die alt-neu-Korrelationen liegen über alle Stiere bei 0,75, die Sicherheiten steigen dabei um 15% an. Bei den aktuellen Nachkommen-geprüften Stieren ist der Sicherheitsanstieg noch deutlicher.

Der **Eutergesundheitswert** (EGW) ist durch die leichten Änderungen in der Mastitis auch geringfügig beeinflusst, eine etwas stärkere Auswirkung hat allerdings die neu verwendete modifizierte Indexmethode (siehe Fürst et al, 2016), die auch zu etwas geringeren ZW-Streuungen beim EGW führt.

Die Verwendung der geburtsnahen Beobachtungen bringt für die frühen Fruchtbarkeitsstörungen und das Milchfieber einen deutlichen Qualitätssprung in der ZWS. Allerdings ist es notwendig, die Diagnosedatenerfassung weiter zu verbessern, um auch für die weiteren Gesundheitsmerkmale entsprechend sichere Zuchtwerte schätzen zu können. Eine Ausweitung der Datengrundlage ist auch notwendig, um eine aussagekräftige genomische ZWS entwickeln zu können. Vorerst werden wie bisher für die Gesundheitsmerkmale keine genomischen Zuchtwerte veröffentlicht.

3. Fruchtbarkeit

Die ZWS Fruchtbarkeit erfolgte bisher basierend auf den fünf Merkmalen Non-Return-Rate 56 Kalbinnen bzw. Kühe, Rastzeit und Verzögerungszeit Kalbinnen bzw. Kühe. Im Fruchtbarkeitswert (FRW) werden schließlich diese Merkmale mit den univariat geschätzten Zuchtwerten für frühe Fruchtbarkeitsstörungen und Zysten mit der Indexmethode kombiniert. Neu werden alle 7 Fruchtbarkeitsmerkmale multivariat geschätzt, wodurch der FRW und die Sicherheit direkt ohne Verwendung der Indexmethode berechnet werden können.

Bei den 5 bisherigen Fruchtbarkeitsmerkmalen wurde der Datenschnitt um 2 Monate verkürzt. Das bedeutet, dass Erstbesamungen bis zu 8 (statt 10) Monate vor der Datenselektion für die ZWS einbezogen werden. Ein relativ weit zurück liegender Datenschnitt ist notwendig, um durch Meldeverzögerungen keine Verzerrungen speziell bei der Non-Return-Rate befürchten zu müssen.

Bei den beiden Gesundheitsmerkmalen kommen wie im Kapitel 2 beschrieben die tierärztlichen Diagnosen aus Bayern und vor allem die geburtsnahen Beobachtungen dazu. Außerdem wurde der Zeitraum bei den frühen Fruchtbarkeitsstörungen von 30 auf 90 Tage verlängert. Ein Überblick über die Daten ist in Tabelle 4 zu finden.

Wie in Kapitel 2 bereits beschrieben, wurde der Datentyp für frühe Fruchtbarkeitsstörungen und Zysten im ZWS-Modell ergänzt. Außerdem wird jetzt neu (sofern gemeldet) die Besamungsart im Modell berücksichtigt. Bei der Besamungsart wird zwischen Gefriersperma, Natursprung, Frischsperma und gesextem Sperma unterschieden. Als Befruchtungswert für Stiere wird der fixe Effekt für die Non-Return-Rate für das Gefriersperma veröffentlicht. Außerdem wird jetzt der Betrieb fix und der Betriebs-Jahreseffekt zufällig anstatt des bisherigen fixen Betriebs-Jahreseffekts modelliert.

Folgende Effekte werden im ZWS-Modell verwendet:

- Region-Jahr-Monat
- Laktation-Kalbealter
- Besamer-Jahr (nur NR56)
- Belegstier-Besamungsart (nur NR56)
- Datentyp-Datenerfassungsart (LKV, elektron., ...)-Jahr (frühe Fru.störungen, Zysten)
- Betrieb
- Betrieb-Kalbejahr (zufällig)

- Permanente Umwelt der Kuh (zufällig, nicht bei Kalbinnenmerkmalen)
- Genetischer Effekt der Kuh

Die genetischen Parameter wurden anhand von mehreren Subdatensätzen neu geschätzt. Die neu verwendeten Parameter sind im Vergleich zu den bisherigen Parametern (in Klammer) in den Tabellen 5 (Fleckvieh) und 6 (Braunvieh) dargestellt. Die Änderungen zu bisher sind überwiegend relativ gering. Für den Fruchtbarkeitswert FRW errechnet sich für beide Rassen eine Heritabilität von 2,5%.

Tabelle 4: Überblick über die Daten in der Fruchtbarkeits-ZWS.

| Merkmal | Fleckvieh | | Braunvieh | |
|--------------------------------|------------|--------|-----------|--------|
| | Anzahl | Mittel | Anzahl | Mittel |
| Gesamt | 32.310.257 | | 6.381.934 | |
| NR56-Kalbin (%) | 9.118.616 | 77,1 | 1.656.408 | 76,3 |
| NR56-Kuh (%) | 20.657.277 | 65,0 | 4.262.392 | 65,9 |
| Rastzeit (Tg) | 21.932.179 | 72,2 | 4.526.926 | 80,2 |
| Verz.zeit-Kalbin (Tg) | 9.135.306 | 24,9 | 1.659.471 | 30,9 |
| Verz.zeit-Kuh (Tg) | 18.320.250 | 38,7 | 3.746.068 | 45,5 |
| Frühe Fru.störungen (%) | 3.564.902 | 5,2 | 519.246 | 6,2 |
| Zysten (%) | 951.320 | 4,5 | 115.225 | 3,0 |

Tabelle 5: Genetische Parameter in der ZWS Fruchtbarkeit (in Klammer bisherige Parameter, auf der Diagonale Heritabilitäten (%), über der Diagonale genet. Korr.) für das Fleckvieh.

| | NR56 _{Kal} | NR56 _{Kuh} | Rast | Verz _{Kal} | Verz _{Kuh} | fFRU | Zyst |
|------------------------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|
| NR56_{Kalbin} | 1,7 (1,4) | 0,58 (0,70) | 0,41 (0,27) | -0,53 (-0,60) | -0,34 (-0,54) | -0,13 | -0,05 |
| NR56_{Kuh} | | 1,1 (1,2) | 0,37 (0,41) | -0,27 (-0,49) | -0,65 (-0,62) | -0,30 | -0,24 |
| Rastzeit | | | 4,7 (3,5) | 0,03 (0,24) | 0,33 (0,34) | 0,29 | 0,44 |
| Verz_{Kalbin} | | | | 1,8 (1,2) | 0,50 (0,58) | 0,12 | 0,09 |
| Verz_{Kuh} | | | | | 2,3 (2,2) | 0,46 | 0,60 |
| fFRU | | | | | | 2,1 (2,3) | 0,43 |
| Zyst | | | | | | | 2,1 (4,6) |

Tabelle 6: Genetische Parameter in der ZWS Fruchtbarkeit (in Klammer bisherige Parameter, auf der Diagonale Heritabilitäten (%), über der Diagonale genet. Korr.) für das Braunvieh.

| | NR56 _{Kal} | NR56 _{Kuh} | Rast | Verz _{Kal} | Verz _{Kuh} | fFRU | Zyst |
|------------------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|
| NR56 _{Kalbin} | 2,0 (1,0) | 0,54 (0,69) | 0,15 (0,27) | -0,40 (-0,60) | -0,17 (-0,51) | -0,23 | -0,15 |
| NR56 _{Kuh} | | 1,2 (1,8) | 0,33 (0,20) | -0,38 (-0,62) | -0,61 (-0,55) | -0,14 | -0,37 |
| Rastzeit | | | 5,0 (2,7) | 0,14 (0,22) | 0,37 (0,57) | 0,28 | 0,32 |
| Verz _{Kalbin} | | | | 1,4 (1,0) | 0,64 (0,50) | 0,26 | 0,21 |
| Verz _{Kuh} | | | | | 2,7 (1,9) | 0,33 | 0,63 |
| fFRU | | | | | | 2,2 (2,2) | 0,57 |
| Zyst | | | | | | | 1,0 (1,1) |

Auswirkungen

Die Auswirkungen der zahlreichen Umstellungen auf den FRW sind recht groß. Speziell die Einbeziehung der geburtsnahen Beobachtungen hat deutliche Effekte auf den ZW für frühe Fruchtbarkeitsstörungen, die alt-neu-Korrelation liegt nur bei ca. 0,65. Weiters wirkt sich aber auch die multivariate Schätzung durch die im Vergleich zu den anderen Merkmalen deutlich niedrigere Datenmenge speziell auf die frühen Fruchtbarkeitsstörungen und die Zysten aus. Eine Rolle spielen natürlich auch die geänderten genetischen Parameter. Die Sicherheiten für frühe Fruchtbarkeitsstörungen und Zysten steigen bei den Stieren im Schnitt um ca. 15% deutlich an. Durch die (unverändert) relativ hohe Gewichtung der beiden Gesundheitsmerkmale im FRW (in Summe fast 50%, siehe Tabelle 7) sind auch beim FRW die ZW-Änderungen beträchtlich (Korr. ca. 0,85). Die neue ZWS führt grundsätzlich zu sicherer geschätzten Zuchtwerten, allerdings geht die veröffentlichte Sicherheit für den FRW etwas zurück, weil die bisher verwendete Indexmethode die Sicherheiten mehr oder weniger deutlich überschätzt hat. Die Sicherheiten werden jetzt mit dem Programm ApaX (Stranden et al., 2001) nach der Methode von Tier und Meyer (2004) geschätzt.

Tabelle 7: Gewichtung der Merkmale zur Berechnung des Fruchtbarkeitswertes FRW.

| | Fleckvieh | Braunvieh |
|------------------|-----------|-----------|
| NR56 Kalbin | 6,6 | 6,4 |
| NR56 Kuh | 19,9 | 19,1 |
| Rastzeit | 0 | 0 |
| Verz.zeit Kalbin | 6,6 | 6,6 |
| Verz.zeit Kuh | 19,9 | 19,1 |
| Frühe Fru.stör. | 33,0 | 34,0 |
| Zysten | 14,0 | 15,0 |

Die genomische ZWS wird nur für den FRW mit einem Anteil von 30% konventioneller Verwandtschaft (statt bisher 20%) durchgeführt. Wie bisher werden die Einzel-ZWe für Non-Return-Rate, Rastzeit und Verzögerungszeit in den RDV geladen, aber ansonsten nicht veröffentlicht. Die konventionellen Zuchtwerte für die beiden Gesundheitsmerkmale frühe Fruchtbarkeitsstörungen und Zysten werden aber weiterhin veröffentlicht.

4. Kalbeverlauf

Bisher erfolgte die Kalbeverlaufs-ZWS gemeinsam mit der Totgeburtenrate. Ab April wandert die Totgeburtenrate zur neuen ZWS Aufzuchtverluste (siehe Kapitel 5), der Kalbeverlauf wird dann gemeinsam (multivariat) mit der Trächtigkeitsdauer geschätzt werden.

Es ist bekannt, dass eine längere Trächtigkeitsdauer zu größeren Kälbern führt und damit auch zu mehr Geburtsproblemen. Pro 10 Tagen längerer Trächtigkeitsdauer steigt die Schweregeburtenrate um ca. 2-3%. Der weitgehend lineare phänotypische Zusammenhang der Trächtigkeitsdauer zur Schweregeburtenrate ist in Abbildung 1 zu sehen. Ein Vorteil des Merkmals liegt auch in der Verfügbarkeit ohne Zusatzkosten.

Der Kalbeverlauf wird je nach Häufigkeit der einzelnen Codes dem Durchschnittswert einer normalverteilten Zufallsvariable zugeordnet. Diese Transformation erfolgte bisher innerhalb Region-Jahr-Monat und wird zukünftig innerhalb Region-Jahr durchgeführt. Damit wird die Generierung einer zusätzlichen, nicht gerechtfertigten Variation innerhalb Betrieb-Jahr vermieden.

Ein Überblick über die Daten ist in Tabelle 8 zu finden.

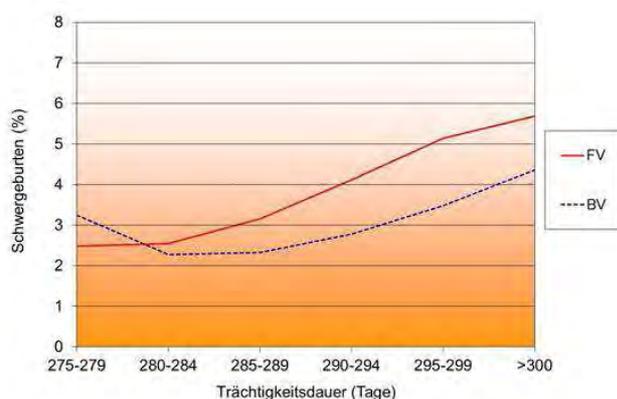


Abb. 1: Zusammenhang zwischen Trächtigkeitsdauer und Schweregeburtenrate.

Tabelle 8: Überblick über die Daten in der Kalbeverlaufs-ZWS.

| | Fleckvieh | | Braunvieh | |
|---------------------------|------------|---------------------|-----------|---------------------|
| | Anzahl | Mittel ¹ | Anzahl | Mittel ¹ |
| Gesamt | 27.341.667 | | 5.553.289 | |
| KVL-1. Abk. | 8.513.346 | 5,6% | 1.570.407 | 3,5% |
| KVL-2+ Abk. | 18.828.321 | 2,9% | 3.982.882 | 2,4% |
| Trächtigkeitsdauer | 25.017.516 | 288,1 | 5.013.062 | 290,6 |

¹ KVL als Anteil Schweregeburten ausgedrückt

Der Kalbeverlauf wird wie bisher in erste und weitere Abkalbungen bzw. paternal (direkt) und maternal unterteilt. Bei der Trächtigkeitsdauer werden ebenfalls eine paternale und eine maternale Komponente unterschieden.

Es gibt im Modell keine Änderungen, außer dass der Betrieb jetzt fix und der Betriebs-Jahreseffekt zufällig anstatt des bisherigen fixen Betriebs-Jahreseffekts modelliert werden.

Folgende Effekte werden im ZWS-Modell verwendet:

- Region-Jahr-Monat
- Laktation-Kalbealter
- Geschlecht
- Betrieb
- Betrieb-Kalbejahr (zufällig)
- Permanente Umwelt der Kuh (zufällig)
- Genetischer Effekt der Kuh
- Genetischer Effekt des Kalbes

Die genetischen Parameter wurden neu geschätzt und sind in den Tabellen 9 (Fleckvieh) und 10 (Braunvieh) aufgeführt. Auffällig ist die sehr hohe Heritabilität der paternalen Trächtigkeitsdauer mit fast 57%. Die Korrelationen der Trächtigkeitsdauer zum Kalbeverlauf liegen mit ca. 0,40 im mittleren Bereich, sodass ein deutlicher Informationsübertrag erfolgt. Die Heritabilitäten für den maternalen Kalbeverlauf haben sich im Vergleich zu bisher deutlich erhöht, die des paternalen Kalbeverlaufs für die 1. Abkalbung deutlich verringert, die negative Korrelation zwischen paternalem und maternalem Kalbeverlauf ist etwas weniger deutlich ausgeprägt. Fasst man die einzelnen Merkmale zusammen, errechnen sich beim Fleckvieh Heritabilitäten von 6,0% für den paternalen und 10,8% für den maternalen Kalbeverlauf bzw. eine Korrelation von -0,17. Beim Braunvieh sind die entsprechenden Werte 5,4%, 7,4% bzw. -0,25.

Tabelle 9: Genetische Parameter in der ZWS Kalbeverlauf (in Klammer bisherige Parameter, auf der Diagonale Heritabilitäten (%), über der Diagonale genet. Korr.) für das Fleckvieh.

| | KVL1p | KVL2p | TKDp | KVL1m | KVL2m | TKDm |
|--------------|---------------------|---------------------|-------------|---------------------|---------------------|-------------|
| KVL1p | 4,5 (9,0) | 0,75 (0,80) | 0,41 | -0,03 (-0,26) | -0,31 (-0,35) | -0,29 |
| KVL2p | | 3,9 (3,0) | 0,45 | -0,20 (-0,35) | -0,35 (-0,52) | -0,11 |
| TKDp | | | 56,8 | 0,01 | -0,15 | -0,29 |
| KVL1m | | | | 8,5 (4,0) | 0,90 (0,80) | 0,27 |
| KVL2m | | | | | 3,9 (2,0) | 0,45 |
| TKDm | | | | | | 7,3 |

KVL=Kalbeverlauf, TKD=Trächtigkeitsdauer, 1=1. Abkalbung, 2=weitere Abkalbungen, p=paternal, m=maternal

Tabelle 10: Genetische Parameter in der ZWS Kalbeverlauf (in Klammer bisherige Parameter, auf der Diagonale Heritabilitäten (%), über der Diagonale genet. Korr.) für das Braunvieh.

| | KVL1p | KVL2p | TKDp | KVL1m | KVL2m | TKDm |
|--------------|---------------------|---------------------|-------------|---------------------|---------------------|-------------|
| KVL1p | 4,0 (9,0) | 0,73 (0,80) | 0,36 | -0,12 (-0,26) | -0,40 (-0,35) | -0,24 |
| KVL2p | | 3,2 (3,0) | 0,43 | -0,26 (-0,35) | -0,41 (-0,52) | -0,08 |
| TKDp | | | 56,6 | -0,07 | -0,21 | -0,24 |
| KVL1m | | | | 5,7 (4,0) | 0,86 (0,80) | 0,26 |
| KVL2m | | | | | 2,8 (2,0) | 0,43 |
| TKDm | | | | | | 6,9 |

KVL=Kalbeverlauf, TKD=Trächtigkeitsdauer, 1=1. Abkalbung, 2=weitere Abkalbungen, p=paternal, m=maternal

Der veröffentlichte Kalbeverlaufs-ZW wurde bisher als Durchschnitt der Zuchtwerte für 1. und weitere Abkalbungen errechnet. In Zukunft wird mit einer Gewichtung von 75 : 25% ein höheres Gewicht auf die 1. Abkalbung gelegt.

Auswirkungen

Durch die Einbeziehung der Trächtigkeitsdauer als Hilfsmerkmal und die teilweise relativ deutlich unterschiedlichen Heritabilitäten und genetischen Korrelationen sind zum Teil merkliche ZW-Änderungen festzustellen. Für den paternalen Kalbeverlauf liegt die alt-neu-Korrelation überwiegend über 0,95, bei der maternalen Komponente mit ca. 0,90 aber darunter. Der ZW Trächtigkeitsdauer dient als reines Hilfsmerkmal und wird nicht veröffentlicht. Die Sicherheiten wurden bisher mit der

Indexmethode ermittelt, neu mit dem Programm ApaX (Stranden et al., 2001) nach der Methode von Jamrozik et al. (2000). Damit gilt ähnliches wie beim FRW, die Zuchtwerte sind zwar sicherer geschätzt, die veröffentlichte Sicherheit ist aber methodenbedingt teilweise etwas niedriger als bisher.

5. Aufzuchtverluste

Nur einige wenige Arbeiten beschäftigten sich in der Vergangenheit mit Kälberverlusten, noch weniger mit Verlusten bei Aufzucht-kalbinnen. Je nach Rasse schwankten diese ziemlich stark – in Dänemark wurden beispielsweise Verluste von etwas mehr als 6% bei Holstein (Hansen et al., 2003) und ein doch schon beunruhigender Anteil von 12,5% bei weiblichen Jersey Kälbern bis zu einem Alter von einem halben Jahr berichtet (Norberg, 2008). In einer Studie an mehr als einer halben Million dänischer Holsteinkalbinnen verendeten über die gesamte Aufzuchtperiode (ab 24 Stunden nach der Geburt bis zur Abkalbung, ohne Berücksichtigung von geschlachteten bzw. exportierten Tieren) 9,4% aller Tiere (Fuerst-Waltl und Sørensen, 2010). Untersuchungen mit österreichischen Daten zeigten, dass ab dem 3. Lebenstag bis zur Kalbung etwa 4% aller weiblichen Fleckviehkälber bzw. Jungrinder als verendet gemeldet wurden (Fuerst-Waltl und Fuerst, 2010), beim Braunvieh etwa 6% (Fuerst-Waltl und Fuerst, 2012).

Zu den häufigsten Ursachen für die Kälber- und Kalbinnensterblichkeit zählen Schweregeburten, Durchfall und Atemwegserkrankungen (z.B. Svensson et al., 2006, Lombard et al., 2007, Gulliksen et al., 2009). Zu den beeinflussenden Faktoren zählen zum Beispiel die Herdengröße, die Verfügbarkeit von Kolostralmilch oder die Jahreszeit, um nur einige zu nennen (Svensson et al., 2006, Gulliksen et al., 2009). Auch die Genetik spielt natürlich eine Rolle bei der Lebenskraft bzw. Abwehrkraft gegenüber Krankheiten (Fuerst-Waltl und Sørensen, 2010, Fuerst-Waltl und Fuerst, 2010, 2012).

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 negati-

ver aus je später im Leben der Abgang passiert. Tierschutzaspekte dürfen hier ebenfalls nicht außer Acht gelassen werden.

Basierend auf Vorarbeiten von Fuerst-Waltl und Sørensen (2010) und Fuerst-Waltl und Fuerst (2010, 2012) wurde in den letzten Monaten eine Routine-ZWS für Aufzuchtverluste entwickelt.

Daten

Datengrundlage für die ZWS sind Verendungsmeldungen aus der Tierkennzeichnung seit dem Jahr 2000. 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)

Ein Überblick über die Daten ist in Tabelle 11 zu finden.

In Abbildung 2 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.

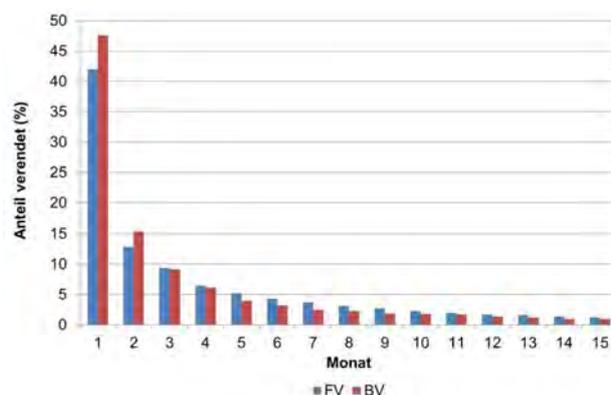


Abb. 2: Altersverteilung der Verendungen ab dem 3. Tag von allen verendeten Kälbern (Ö).

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

Die genetischen Parameter sind in den Tabellen 12 (Fleckvieh) und 13 (Braunvieh) aufgelistet. Die Heritabilitäten liegen im Bereich von 1 bis 3%, die genetischen Korrelationen zwischen den Abschnitten liegen zwischen etwa 0,30 und 0,60.

Tabelle 11: Übersicht über die Daten in der ZWS Aufzuchtverluste.

| | Fleckvieh | | Braunvieh | |
|-----------------------|------------|---------------------|-----------|---------------------|
| | N | Mittel ¹ | N | Mittel ¹ |
| Gesamt | 19.030.291 | | 3.441.226 | |
| Totgeburten | 16.918.387 | 96,3 | 3.208.685 | 95,6 |
| Aufzucht 1 | 15.444.427 | 97,6 | 2.277.590 | 95,9 |
| Aufzucht 2 (M) | 6.599.557 | 96,7 | 516.483 | 95,2 |
| Aufzucht 3 (W) | 6.566.299 | 96,9 | 978.190 | 95,4 |

¹ ausgedrückt als Überlebensrate in %

Tabelle 12: Genetische Parameter in der ZWS Aufzuchtverluste (auf der Diagonale Heritabilitäten (%), über der Diagonale genet. Korrelationen) für das Fleckvieh.

| | 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 |

TOT=Totgeburtenrate, AUF1-AUF3=Aufzuchtphasen 1 bis 3, p = paternal (direkt), m=maternal

Tabelle 13: Genetische Parameter in der ZWS Aufzuchtverluste (auf der Diagonale Heritabilitäten (%), über der Diagonale genet. Korrelationen) für das Braunvieh.

| | 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 |

TOT=Totgeburtenrate, AUF1-AUF3=Aufzuchtphasen 1 bis 3, p = paternal (direkt), m=maternal

Aus den einzelnen Abschnitts-Zuchtwerten wird entsprechend der wirtschaftlichen Bedeutung (Tabelle 14) der sogenannte **Vitalitätswert (VIW)** errechnet.

Für den VIW errechnet sich eine Heritabilität von 2,0% beim Fleckvieh bzw. 2,9% beim Braunvieh.

Tabelle 14: Gewichtung der Merkmale zur Berechnung des Vitalitätswerts VIW.

| | Fleckvieh | Braunvieh |
|---------------------------|-----------|-----------|
| Totgeburten (pat.) | 52 | 46 |
| Aufzucht 1 | 24 | 27 |
| Aufzucht 2 (M) | 12 | 0 |
| Aufzucht 3 (W) | 12 | 27 |

Die Zuchtwerte werden wie gewohnt als Relativ-ZW mit einem Mittelwert von 100 und einer genetischen Standardabweichung von 12 berechnet, wobei Werte über 100 züchterisch wünschenswert sind und niedrigere Aufzuchtverluste bzw. höhere Überlebensraten bedeuten. Es wird nur der VIW veröffentlicht, die Einzelzuchtwerte werden in den RDV geladen, aber ansonsten nicht veröffentlicht.

Die Sicherheiten werden mit dem Programm ApaX (Stranden et al., 2001) nach der Methode von Jamrozik et al. (2000) geschätzt. Die Sicherheiten des VIW sind recht hoch, weil eine hohe Datenmenge für die Zuchtwertschätzung zur Verfügung steht, da sozusagen jedes

Kalb zählt. Dadurch können auch bereits genomische Zuchtwerte (mit 30% konventioneller Verwandtschaft) geschätzt werden.

Zur Interpretation des VIW sind in den Abbildungen 3 (Fleckvieh) und 4 (Braunvieh) die durchschnittlichen Aufzuchtverluste in den jeweiligen Abschnitten nach VIW dargestellt. Die Abbildungen zeigen, dass bei den schlechtesten Stieren etwa 2- bis 4-mal mehr Kälber als bei den besten verenden.

Der genetische Trend für den VIW ist stabil bis leicht steigend (Abb. 5 und 6), die Sicherheiten liegen auch bei den genomischen Kandidaten meist über 50%.

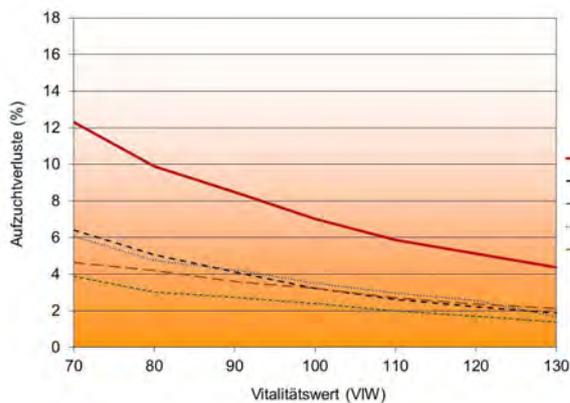


Abb. 3: Zusammenhang zwischen VIW und Aufzuchtverlusten beim Fleckvieh (AUF=insgesamt)

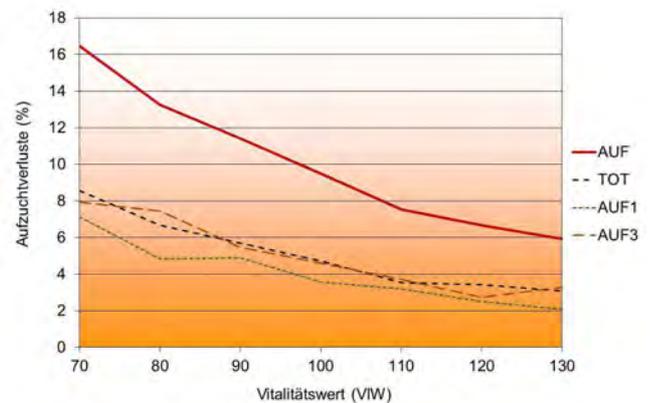


Abb. 4: Zusammenhang zwischen VIW und Aufzuchtverlusten beim Braunvieh (AUF=insgesamt)

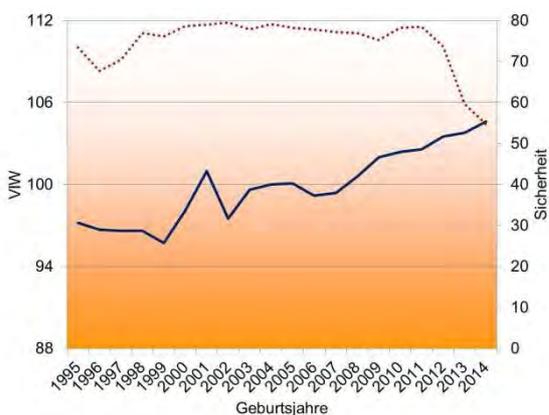


Abb. 5: Genetischer Trend und Entwicklung der Sicherheit für den VIW beim Fleckvieh (Si.VIW mind. 50%)

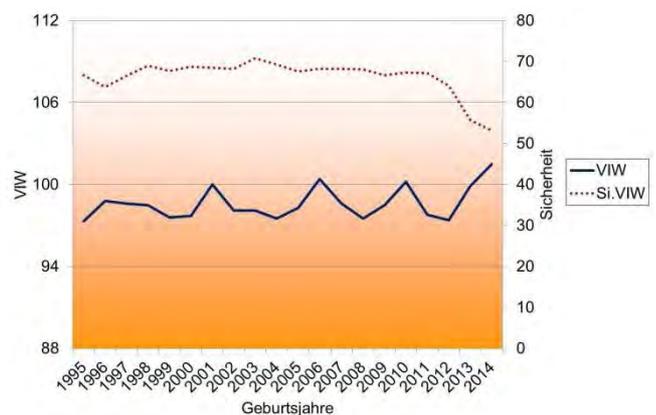


Abb. 6: Genetischer Trend und Entwicklung der Sicherheit für den VIW beim Braunvieh (Si.VIW mind. 50%)

6. Nutzungsdauer

Die Änderungen in der ZWS Nutzungsdauer beziehen sich auf die erstmalige Einbeziehung der Nutzungsdauer-Daten aus Tschechien beim Fleckvieh und methodische Änderungen bei der Kombination der reinen Nutzungsdauer mit den Hilfsmerkmalen.

Einbeziehung von tschechischen Daten

Tschechien ist beim Fleckvieh bereits seit längerer Zeit mit den Merkmalen Milch, Fleisch, Exterieur und Zellzahl Teil der gemeinsamen ZWS. Bisher noch ausständig waren allerdings die meisten Fitnessmerkmale. Als nächstes Merkmal folgt die Einbeziehung der tschechischen Daten für die Nutzungsdauer-ZWS ab April.

Vom tschechischen Rechenzentrum wurden Daten für die Nutzungsdauer-ZWS zur Verfügung gestellt, wobei diese ab dem Jahr 2000 verwendet werden (Tabelle 15).

Tabelle 15: Anzahl der Nutzungsdauer-Daten nach Land bzw. Region beim Fleckvieh.

| | Anzahl | % |
|--------------------------|-----------|-------|
| Österreich | 1.776.870 | 18,0 |
| Bayern | 6.222.734 | 62,9 |
| Baden-Württemberg | 948.151 | 9,6 |
| Rest-DE | 89.828 | 0,9 |
| Tschechien | 856.681 | 8,7 |
| Gesamt | 9.894.264 | 100,0 |

Tabelle 16: Genetische Korrelationen zur Berechnung der kombinierten Nutzungsdauer beim Fleckvieh.

| | ND | Pers | FRW | TOTm | ZZ | HB | RT | Bem | Fu | Eu |
|----------------------|----------------|----------------|----------------|-------|-------|-------|-------|-------|------|------|
| ND | 1,00 | | | | | | | | | |
| Pers | 0,50 (0,31) | 1,00 | | | | | | | | |
| FRW (FRM) | 0,50 (0,26) | 0,20 | 1,00 | | | | | | | |
| TOTm | 0,21 | 0,06 | 0,14 | 1,00 | | | | | | |
| ZZ | 0,50 (0,32) | 0,30 (0,23) | 0,10 (0,14) | 0,01 | 1,00 | | | | | |
| HB | -0,13 | -0,09 | 0,04 | 0,04 | 0,07 | 1,00 | | | | |
| RT | -0,28 | -0,18 | -0,07 | 0,00 | -0,07 | 0,70 | 1,00 | | | |
| Bem | 0,15 | 0,10 | 0,18 | -0,06 | 0,16 | 0,52 | 0,37 | 1,00 | | |
| Fu | 0,36 | 0,13 | 0,03 | 0,12 | 0,00 | -0,05 | -0,04 | 0,02 | 1,00 | |
| Eu | 0,39 | 0,06 | -0,05 | 0,09 | 0,21 | -0,03 | -0,06 | -0,16 | 0,28 | 1,00 |

ND=reine Nutzungsdauer, Pers=Persistenz, FRW=Fruchtbarkeitswert, FRM=Fruchtbarkeit maternal, TOTm=Totgeburten maternal, ZZ=Zellzahl, HB=Hüftbreite, RT=Rumpftiefe, Bem=Bemuskelung, Fu=Fundament, Eu=Euter

Bei Stieren ohne Töchtern in Tschechien sind keine nennenswerten ZW-Änderungen zu beobachten (Korr. 0,999). Bei den Stieren mit zusätzlichen Töchtern aus Tschechien kann es vereinzelt zu deutlichen Änderungen kommen (-23 bis +21), die alt-neu-Korrelation ist mit 0,95 trotzdem recht hoch.

Kombinierte Nutzungsdauer

Im Rahmen der Überarbeitung der Berechnung des Gesamtzuchtwerts wurden auch die genetischen Korrelationen neu geschätzt (siehe Beitrag von Fürst et al., 2016). Diese neuen genetischen Korrelationen werden auch zur Berechnung des kombinierten Nutzungsdauer-Zuchtwertes verwendet (Tabellen 16 und 17). Die teilweise deutlich höheren genetischen Korrelationen der Hilfsmerkmale zur Nutzungsdauer bewirken etwas höhere Sicherheiten für den offiziellen (kombinierten) Nutzungsdauer-ZW. Die genomische ZWS wird mit 30% (statt bisher 20%) konventioneller Verwandtschaft durchgeführt.

Die Streuung der Nutzungsdauer-ZWe geht allerdings wegen der neu verwendeten Indexmethode trotz etwas höherer Sicherheiten leicht zurück. Die alt-neu-Korrelation liegt je nach Tiergruppe zwischen 0,95 und 0,98.

Tabelle 17: Genetische Korrelationen zur Berechnung der kombinierten Nutzungsdauer beim Braunvieh.

| | ND | Pers | FRW | TOTm | ZZ | BB | RT | Fu | Eu |
|----------------------------|----------------|-----------------|-----------------|-------|-------|-------|-------|------|------|
| ND | 1,00 | | | | | | | | |
| Pers | 0,50 (0,41) | 1,00 | | | | | | | |
| FRW (FRM) | 0,50 (0,23) | 0,20 (-0,08) | 1,00 | | | | | | |
| TOTm | 0,19 | 0,06 | 0,29 | 1,00 | | | | | |
| ZZ | 0,50 (0,39) | 0,30 (0,32) | 0,10 (-0,09) | 0,08 | 1,00 | | | | |
| BB | -0,19 | -0,17 | 0,11 | 0,05 | -0,15 | 1,00 | | | |
| RT | -0,38 | -0,20 | -0,20 | -0,04 | -0,25 | 0,75 | 1,00 | | |
| Fu | 0,41 | 0,10 | 0,00 | 0,16 | 0,06 | 0,18 | 0,17 | 1,00 | |
| Eu | 0,32 | 0,13 | -0,03 | 0,12 | 0,29 | -0,06 | -0,02 | 0,40 | 1,00 |

ND=reine Nutzungsdauer, Pers=Persistenz, FRW=Fruchtbarkeitswert, FRM=Fruchtbarkeit maternal, TOTm=Totgeburten maternal, ZZ=Zellzahl, BB=Brustbreite, RT=Rumpftiefe, Fu=Fundament, Eu=Euter

7. Resümee

Die Einführung der neuen ZWS für Aufzuchtverluste mit der Veröffentlichung des Vitalitätswerts ist ein sehr wichtiger Schritt in der ZWS und füllt die Lücke der bisher züchterisch nicht bearbeiteten Aufzuchtphase. Im Vergleich zur Totgeburtenrate, für die ja eine Zuchtwertschätzung international eine Selbstverständlichkeit darstellt, muss berücksichtigt werden, dass sich Verluste in der Aufzuchtphase umso mehr auswirken, je später im Leben sie passieren. Daneben dürfen aber eventuelle vorangegangene Tierarztkosten, sowie die verringerte Selektionsschärfe und damit verringerter Zuchtfortschritt genauso wenig vergessen werden wie auch ethische Aspekte. Der Vitalitätswert VIW umfasst sowohl die Totgeburtenrate als auch Verendungen in der Aufzuchtperiode und soll dazu dienen, auf robustere, widerstandsfähigere Kälber selektieren zu können.

Die weiteren Verbesserungen in der Fitness-ZWS sind ebenfalls als sehr wichtig einzuschätzen. Speziell die Einbeziehung der geburtsnahen Gesundheitsbeobachtungen bringt deutlich höhere Sicherheiten bei den Gesundheits- und Fruchtbarkeitszuchtwerten. Nichts desto trotz bleibt die möglichst vollständige Erfassung der tierärztlichen Diagnosen oberstes Ziel.

Insgesamt stellen die Änderungen in der Fitness-ZWS im April einen Meilenstein in der Zucht auf fitte, robuste und gesunde Tiere dar.

Danksagung

Für die Finanzierung des Projektes OptiGene (Optimierung der langfristigen züchterischen Entwicklung der österreichischen Rinderrassen unter besonderer Berücksichtigung der Gesundheit und der genomischen Selektion, Projekt 100808), danken wir dem Bundesministerium für Land- und Forstwirtschaft, Umwelt und Wasserwirtschaft sowie der Zentralen Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter und den Rassenarbeitsgemeinschaften für Fleckvieh, Braunvieh, Pinzgauer und Grauvieh sehr herzlich.

Literatur

- Egger-Danner, C., Fürst, C., Fürst-Waltl, B., Pfeiffer, C., Schwarzenbacher, H., Steininger, F., Willam, A., 2015. Optimierung der langfristigen züchterischen Entwicklung der österreichischen Rinderrassen unter besonderer Berücksichtigung der Gesundheit und der genomischen Selektion. Endbericht zum Projekt 100808; https://www.dafne.at/dafne_plus_homepage/download.php?t=ProjectReportAttachment&k=3703.
- Fuerst C., Egger-Danner, C., 2014. Inclusion of direct health traits in the total merit index of Fleckvieh and Brown Swiss cattle in Austria and Germany. ICAR 39th Biennial Session, Berlin, Germany May 19-23.
- Fuerst, C., Koeck, A., Egger-Danner, C., Fuerst-Waltl, B., 2011: Routine genetic evaluation for direct health traits in Austria and Germany. Interbull Bulletin 44: 210-215.
- Fürst, C., Pfeiffer, C., Fürst-Waltl, B., 2016. Fit, vital und leistungsstark – die neuen Zuchtziele für Fleckvieh und Braunvieh. Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, Salzburg (dieses Heft).

- Fuerst-Waltl, B. und Sorensen, M.K., 2010. Genetic analysis of calf and heifer losses in Danish Holstein. *J. Dairy Sci.* 93: 5436-5442.
- Fuerst-Waltl, B. und Fuerst, C., 2010. Mortality in Austrian dual purpose Fleckvieh calves and heifers. *Livestock Sci.* 132: 80-86.
- Fuerst-Waltl, B. und Fuerst, C., 2012. Effect of inbreeding depression on survival of Austrian Brown Swiss calves and heifers. *J. Dairy Sci.* 95: 6086-6092.
- Fürst-Waltl, B., Fürst, C., Obritzhauser, W., Egger-Danner, C., 2016. Wirtschaftlichkeit des Zuchtziels. Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, Salzburg (dieses Heft).
- Gulliksen, S.M., Lie, K.I., Løken, T., Østerås, O., 2009. Calf mortality in Norwegian dairy herds. *J. Dairy Sci.* 92: 2782–2795.
- Hansen, M., Madsen, P., Jensen, J., Pedersen, J., Christensen, L.G., 2003. Genetic parameters of postnatal mortality in Danish Holstein calves. *J. Dairy Sci.* 86:1807–1817.
- Jamrozik, J., Schaeffer, L. R., and Jansen, G. B., 2000. Approximate accuracies of prediction from random regression models. *Livest. Prod. Sci.* 66: 85–92.
- Lidauer, M., Matilainen, K., Mäntysaari, E., Strandén, I., 2015. MiX99 – Manual.
- Lombard, J.E., Garry, F.B., Tomlinson, S.M., Garber, L.P. 2007. Impacts of dystocia on health and survival of dairy calves. *J. Dairy Sci.* 90: 1751–1760.
- Norberg, E. 2008. A genetic study of postnatal mortality in Danish Jersey heifer calves. Page 117 in Book of Abstracts of the 59th Annual Meeting of the EAAP, Vilnius, Lithuania. Wageningen Academic Publishers, Wageningen, the Netherlands.
- Pfeiffer, C., 2015. Optimization of the total merit index of Austrian dairy cattle – Validation and adaptation of an approximate multitrait two-step procedure. PhD Thesis, University of Natural Resources and Life Sciences Vienna (BOKU), Austria.
- Strandén, I., Lidauer, M., Mäntysaari, E.A., Pösö, J., 2001. Calculation of Interbull weighting factors for the Finnish test day model. *Interbull Bulletin* 26: 78-79.
- Svensson, C., Linder, A., Olsson, S.O., 2006. Mortality in Swedish dairy calves and replacement heifers. *J. Dairy Sci.* 89: 4769–4777.
- Tier, B. und Meyer, K., 2004. Approximating prediction error covariances among additive genetic effects within animals in multiple-trait and random regression models. *J. Anim. Breed. Genet.* 121, 77-89.

Wirtschaftlichkeit des Zuchtziels

Birgit Fürst-Waltl, Christian Fürst, Walter Obritzhauser und Christa Egger-Danner

Einleitung

In einem auf die Verbesserung der Wirtschaftlichkeit ausgerichteten Zuchtziel sollten alle wirtschaftlich wichtigen Merkmale berücksichtigt werden (Fewson, 1993). Wirtschaftlich wichtig sind natürlich all jene Merkmale, die bei Verbesserung Erlöse erhöhen, also die klassischen Leistungsmerkmale wie Milchmenge, Inhaltsstoffe, tägliche Zunahmen, Ausschachtung oder EUROP-Handelsklasse. Gleichzeitig haben aber auch Merkmale, die Kosten reduzierend wirken, einen großen Einfluss auf die Wirtschaftlichkeit. Dies sind die sogenannten funktionalen Merkmale (auch oft Fitness-Merkmale genannt), wozu zum Beispiel Nutzungsdauer, Non-Return-Rate, Kalbeverlauf, Zellzahl sowie direkte Gesundheitsmerkmale wie die Mastitis zählen, um nur einige zu nennen. Trotzdem wurden diese Merkmale anfangs in der Rinderzucht vernachlässigt. Bedingt durch teils beträchtliche Preisrückgänge für Milch und Fleisch sowie auch dadurch, dass teilweise negative Entwicklungen in einigen Fitnessmerkmalen beobachtet werden konnten, stieg deren Bedeutung in den vergangenen zwanzig Jahren weltweit an. Abgesehen von rein wirtschaftlichen Aspekten spielten zunehmend auch Fragen des Tierwohls und der Gesundheit bzw. der gesellschaftlichen Akzeptanz eine große Rolle, was schlussendlich dazu führte, dass eine Vielzahl von Ländern bzw. Rassenorganisationen sowohl Leistungs- als auch funktionale Merkmale in ihrem Zuchtziel berücksichtigten (Miglior et al., 2005; Reents und Rensing, 2009).

Der Gesamtzuchtwert (GZW), stellt dabei die mathematische Definition des Zuchtzieles dar. Die Zusammenfassung der mittlerweile großen Anzahl an verschiedenen Zuchtwerten im GZW entsprechend ihrer züchterischen bzw. wirtschaftlichen Bedeutung basiert auf der Selektionsindextheorie (Hazel und Lush, 1942). Für seine Berechnung müssen die Einzelzuchtwerte, deren Sicherheiten, die jeweilige

Gewichtung der Zuchtzielmerkmale und die entsprechenden genetischen Korrelationen zwischen den Merkmalen bekannt sein. Das Problem hinsichtlich der Gewichtung besteht darin, dass es in der Rinderzucht auf Grund des langen Generationsintervalls relativ lange dauert, bis züchterische Maßnahmen wirksam werden können. Wenn also die Zuchtzielmerkmale im GZW entsprechend ihrer wirtschaftlichen Bedeutung gewichtet werden sollen, sind nicht nur die ökonomischen Rahmenbedingungen zum Zeitpunkt der Definition des GZW, sondern auch die zukünftig zu erwartenden zu berücksichtigen.

Wirtschaftliche Gewichte und deren Berechnung

Was genau sind also wirtschaftliche Gewichte und wie werden sie berechnet? Nach Hazel (1943) repräsentiert das wirtschaftliche Gewicht die Änderung des Gewinnes, der sich aus der genetisch bedingten Änderung des betreffenden Merkmals um eine Einheit, bei Konstanzhaltung aller übrigen Merkmale, die im GZW enthalten sind, ergibt. Entscheidend für die Berechnung des GZWs sind dabei nicht die absoluten wirtschaftlichen Gewichte, sondern das relative Verhältnis der wirtschaftlichen Gewichte je genetischer Standardabweichung für die einzelnen Merkmale zueinander – sind diese korrekt, können optimale Zuchtfortschrittniveaus erreicht werden (Groen et al., 1997). Um wirtschaftliche Gewichte berechnen zu können, braucht man also einerseits den Grenznutzen – den Gewinn durch Verbesserung eines Merkmals um eine Einheit (unter der Voraussetzung, dass diese Verbesserung genetisch bedingt ist) und die genetische Standardabweichung.

Bei der Berechnung des Grenznutzens muss darauf geachtet werden, wie oft ein Merkmal tatsächlich realisiert wird. Ein Kalb wird – da die Zwischenkalbezeit üblicherweise mehr als

ein Jahr beträgt – nicht jedes Jahr geboren, von den geborenen Kälbern sind die Hälfte männlich, die als Masttiere ebenfalls erst nach mehr als einem Jahr geschlachtet werden. Die weiblichen Tiere setzen mit ihrer Milchleistung im Schnitt erst etwa mit 2,5 Jahren ein. Um nun Grenznutzen miteinander vergleichbar zu machen, müssen alle Merkmale den gleichen Bezugspunkt aufweisen – eine Möglichkeit dazu ist die sogenannte Durchschnittskuh pro Jahr. Das heißt, dass alle erbrachten Leistungen auf eine durchschnittliche Kuh und ein Jahr bezogen werden. Würde man beispielsweise den Grenznutzen für die Handelsklasse nur anhand der Verteilung innerhalb der Klassen E bis P berechnen, würde man ihn um mehr als das doppelte überschätzen. Dies kommt u.a. daher, dass im Schnitt nur jedes zweite Kalb männlich ist, ein Teil der Tiere tot geboren wird oder während der Aufzucht abgeht und die Leistung wie oben erwähnt nicht bereits nach einem Jahr anfällt. Eine wichtige Grundvoraussetzung ist auch, dass alle Kosten und Preise, die den Grenznutzen beeinflussen, erhoben werden müssen.

Die Durchschnittskuh ergibt sich daraus, dass man eine fiktive Herde mit einer bestimmten Altersstruktur und sonstigen biologischen Parametern modelliert, die der Population weitgehend entspricht. In der Folge wird daher der Begriff Herdendurchschnittskuh verwendet. Die absolute Größe dieser fiktiven Herde spielte nur bei bestehender Milchquote eine Rolle (Miesenberger, 1997), da in diesem Fall ein Überschreiten der Quote einen geringeren Erlös bewirkte.

Aber auch wenn sich die Grenznutzen auf eine Herdendurchschnittskuh und ein Jahr beziehen, sind sie deshalb noch immer nicht vergleichbar, da die Einheit bei allen Merkmalen verschieden ist. Deshalb werden die wirtschaftlichen Gewichte als Grenznutzen pro Herdendurchschnittskuh und Jahr sowie pro genetischer Standardabweichung ausgewiesen.

Wirtschaftliche Gewichte neu abgeleitet

Um die langfristigen züchterischen Entwicklungen der österreichischen Rinderrassen unter

besonderer Berücksichtigung der Gesundheit und der genomischen Selektion zu optimieren, wurde im Dezember 2011 das Projekt OptiGene gestartet (Egger-Danner et al., 2015). Ziele dieses Projektes waren u.a. die Optimierung der Zuchtziele und Zuchtprogramme sowie die Verbesserung der Berechnung des Gesamtzuchtwertes mit möglicher Berücksichtigung neuer Merkmale. Einer der Schwerpunkte betrifft den Vergleich realisierbarer Zuchterfolge basierend auf der Selektion nach ökonomischem GZW und verschiedenen alternativen Szenarien (siehe Beitrag Fürst et al., 2016). Da die letzten Ableitungen wirtschaftlicher Gewichte schon einige Jahre zurück lagen (Lind, 2007; Fuerst-Waltl et al., 2010) sowie neue Merkmale zu berücksichtigen waren, wurden für die Rassen Fleckvieh und Braunvieh mit aktuellen Kosten und Preisen neuerlich wirtschaftliche Gewichte abgeleitet.

Verwendetes Modell

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

Im Rahmen dieses Herdenmodells wird eine Rinderherde mit den Bereichen Milchproduktion, Aufzucht und Mast in einem statischen Zustand über einen unendlichen Planungshorizont dargestellt. Die täglichen Ergebnisse der einzelnen Bereiche wurden auf eine Herdendurchschnittskuh und Jahr bezogen. Für die Ableitung der wirtschaftlichen Gewichte müssen die den jeweiligen Merkmalen entsprechenden Parameter variiert werden. Aus der dadurch bedingten Änderung des Gewinnes je Herdendurchschnittskuh und Jahr werden die wirtschaftlichen Gewichte mittels Differenzenrechnung ermittelt. Um Doppelberücksichtigungen zu vermeiden (Dempfle, 1992) erfolgt

die Ableitung für jedes Merkmal unter Konstanthaltung aller übrigen Merkmale, z.B. die Steigerung der Eiweißmenge unter Konstanthaltung der Milch- und Fettmenge. Die Ergebnisse werden als Grenznutzen in € pro Merkmalseinheit und als wirtschaftliches Gewicht in € pro genetischer Standardabweichung ausgedrückt. Eine detaillierte Beschreibung des verwendeten Modells geben Miesenberger (1997) und Lind (2007).

Ausgewählte Annahmen

Ausgehend von den Annahmen von Lind (2007) und aktuellen Auswertungen wurden die Anteile der Kühe in verschiedenen Herdenklassen in den Laktationen 1 bis 9 (Überlebende, freiwillige und unfreiwillige Merzung, Merzung auf Grund von Unfruchtbarkeit) adaptiert. Beispielhaft wird die Altersstruktur für das Fleckvieh in Tabelle 1 dargestellt.

Kosten und Preise (z.B. Futtermittel, Milch, Schlachtkörper, Besamungen, Arbeitskosten, Erlöse durch Tierverkauf etc.) wurden anhand diverser Marktberichte, Datensammlungen für die Landwirtschaftsberatung und Kalkulationshilfen (e.g. Over et al., 2013; Hamm et al., 2013; www.ama.at) ermittelt. Populationsparameter wurden mit Hilfe von Auswertungen der ZuchtData (ZuchtData, 2014) sowie aus den aktuellen Zuchtwertschätzungen übernommen. Durchschnittliche Tierarzt- und Medikamentenkosten für berücksichtigte Krankheiten stammen aus einer Gemeinschaftstier-

arztpraxis in Österreich. Tabellen 2-4 geben einen Überblick über ausgewählte Inputparameter, Kosten und Preise und die zur Verfügung stehenden Futtermittel. Laktationsleistungen in den höheren Laktationen wurden mit Hilfe von Alterungsfaktoren berechnet, die höchste Laktationsleistung wurde bei beiden Rassen in der 4. Laktation erzielt. Funktionen von Wood (1967) and Gompertz (Fitzhugh, 1976) dienten als Grundlage zur Berechnung der täglichen Milchleistung bzw. der täglichen Zunahmen. Der Algorithmus nach Press et al. (1986) wurde verwendet um die kostengünstigste Ration zu ermitteln, die den Nährstoffbedarf deckt, wobei Trächtigkeit und Mobilisation entsprechend berücksichtigt wurden (Miesenberger, 1997). Die Kosten für Krankheiten (Tabelle 3) ergaben sich aus Kosten für den Tierarzt, Medikamente, Arbeitszeit des Landwirtes und Verlust an nicht lieferbarer Milch durch Wartezeiten. Durchschnittliche anteilige Nachbehandlungskosten wurden ebenso berücksichtigt. Mögliche durch die angeführten Krankheiten bedingte Abgänge gingen nicht in die Kostenkalkulation ein um Doppelberücksichtigungen hinsichtlich der Nutzungsdauer zu vermeiden. Für die Zellzahl wurden reduzierte Erlöse durch nicht lieferbare Milch, erhöhte Arbeitszeit, anteilige Laborkosten (Annahme: 10% der Tiere in höheren Zellzahlklassen mit Laborbefunden ohne Diagnose), Kosten für den Schalmtest sowie Abzüge im Milchgeld für SCS Klassen 5 (= 400.000 Zellen/ml) bis 9 ($\geq 6.400.000$ Zellen) einbezogen.

Tab. 1: Anteile (in %) in verschiedenen Laktationen und Kuhklassen (Laktationen 1-9) für das Fleckvieh (UFR = Unfreiwillige Merzung, FRU = Merzung wegen Fruchtbarkeit, FREI = freiwillige Merzung, ÜBL = Überlebende) zur Darstellung der Altersstruktur

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

Tab. 2: Ausgewählte Inputparameter für Fleckvieh und Braunvieh

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

¹SCS = $\log_2(\text{Zellzahl}/100.000) + 3$

Tab. 3: Ausgewählte Kosten und Preise

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

¹ inkl. Arbeitszeit Landwirt

Tab. 4: Überblick über zur Verfügung stehende Futtermittel

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

Merkmale

Wirtschaftliche Gewichte wurden für alle Merkmale abgeleitet, die bis Frühjahr 2016 im Gesamtzuchtwert einbezogen werden (Fett- und Eiweißmenge; Nettotageszunahme, Aus-

schlachtung, Handelsklasse und 13 funktionale Merkmale), sowie für die potenziellen neuen Merkmale Milchfieber, Ketose und Aufzuchtverluste. Hinsichtlich der Gesundheitsmerkmale wurden außerdem die Zellzahl und die Mastitis als getrennte Merkmale behandelt. Für

Eiweißprozent, das in den GZW beim Braunvieh eingeht, wurden keine wirtschaftlichen Gewichte abgeleitet.

Ergebnisse der Schätzung wirtschaftlicher Gewichte

Tabelle 5 gibt eine Übersicht über Grenznutzen, genetische Standardabweichung und wirtschaftliches Gewicht pro genetischer Standardabweichung für alle bisher im GZW berücksichtigten Merkmale (außer Eiweißprozent beim Braunvieh), die Merkmale Ketose, Milchfieber, Mastitis und Zellzahl (getrennt) sowie Aufzuchtverluste bei den Rassen Fleckvieh und Braunvieh.

Milchleistungsmerkmale. Bei beiden Rassen ist das Fett-Eiweiß-Verhältnis deutlich enger als im derzeitigen Zuchtziel (Fuerst und Egger-Danner, 2014); die Gewichtung im Zuchtziel entsprach allerdings bei seiner Festsetzung nicht den mit damals aktuellen Milchpreisen abgeleiteten wirtschaftlichen Gewichten. Als der GZW das letzte Mal festgelegt wurde, gingen die Zuchtverantwortlichen von deutlich steigenden Eiweißpreisen im Vergleich zum Fett aus. Bis jetzt ist aber die Nachfrage nach Milchfett bzw. Butter nach wie vor gut; Gründe dafür sind steigende Exporte und höhere Nachfrage nach Rahm bzw. in der Bäckerei (European Commission, 2015). Daher wurde bislang kein Rückgang im Preis für Fett in der Milch beobachtet. Die Milchmenge, die durch den Milchträger repräsentiert wird, ist aktuell bei keiner der beiden Rassen im GZW berücksichtigt. Preisschwankungen wirken sich in der Regel auf den Grundpreis und damit den Milchträger aus. Mit dem im Jahr 2014 zum Zeitpunkt der Ableitung ausgezahlten hohen Milchpreis (37,5 ct/kg bei 4,2% Fett und 3,4% Eiweiß) kann ein positives wirtschaftliches Gewicht berechnet werden. Nach Fall der Quote sank der Milchpreis, wobei diese Senkung nur den Träger nicht jedoch die Inhaltsstoffe betraf. Mit einem Milchpreis von 30 ct/kg ist der Grenznutzen für den Milchträger praktisch 0, bei niedrigeren Milchpreisen sogar negativ. Dies rechtfertigt, den Milchträger erneut nicht im GZW zu berücksichtigen. Eine Ableitung

der Eiweißprozent ist im verwendeten Modell nicht zusätzlich zur Eiweißmenge möglich, da die Eiweißmenge über die Erhöhung der Inhaltsstoffe bei gleichbleibender Milchmenge modelliert wird.

Fleischleistungsmerkmale. Hinsichtlich der Fleischleistungsmerkmale ist auffällig, dass das relative wirtschaftliche Gewicht für das Fleckvieh sogar niedriger liegt als das für das Braunvieh. Gründe dafür liegen im höheren Fleischleistungsniveau beim Fleckvieh; eine weitere Verbesserung führt v.a. bei der Handelsklasse durch die geringe Preisdifferenzierung zwischen den Handelsklassen E - R kaum zu zusätzlichem Profit.

Fitnessmerkmale. Das höchste wirtschaftliche Gewicht der Fitnessmerkmale hat bei beiden Rassen die Nutzungsdauer. Der Grund für den Unterschied zwischen den Rassen (€ 23,47/sa beim Fleckvieh und € 30,63/sa beim Braunvieh) liegt im höheren Schlachtpreis beim Fleckvieh. Dadurch werden die Aufzuchtkosten in stärkerem Maße kompensiert. Für Mastitis wurde das zweithöchste wirtschaftliche Gewicht innerhalb der Fitnessmerkmale abgeleitet. Seit 2013 wird die Mastitis über den Eutergesundheitswert im GZW berücksichtigt. Da Lind (2007) die Ableitung gemeinsam für Zellzahl und Mastitis durchführte, wurden die ursprünglichen Gewichte nicht verändert (Fuerst und Egger-Danner, 2014). Die wirtschaftliche Bedeutung der Mastitis ist deutlich höher als jene der Zellzahl (Tabelle 5). Dies ergibt sich durch niedrige Kosten, solange keine tierärztlichen Leistungen bezahlt werden müssen und – noch viel bedeutender – solange kein Milchlieferverbot nach Antibiotikaeinsatz besteht. Addiert man die wirtschaftlichen Gewichte aller Fruchtbarkeitsmerkmale (Konzeptionsrate, Zysten und Frühe Fruchtbarkeitsstörungen) so erhält man für die Fruchtbarkeit etwas höhere Gewichte als bisher. Die Stoffwechselmerkmale Milchfieber und Ketose gingen bisher nicht in den GZW ein; die wirtschaftlichen Gewichte liegen bei unter € 2/sa für die Ketose und € 7,69/sa (Fleckvieh) und € 4,34/sa (Braunvieh) für Milchfieber. Für die Totgeburtensrate und die Aufzuchtverluste wurden wirtschaftliche Gewichte von je € 10/sa abgeleitet, die wirtschaftliche Bedeutung

des Kalbeverlaufes ist nur weniger als halb so groß. Anzumerken ist hier, dass wie bei den Gesundheitsmerkmalen nur direkte Kosten einbezogen wurden (also z.B. keine Nachgeburtsverhaltung auf Grund von Schweregeburt) um Doppelberücksichtigungen zu vermeiden.

Gewichtung der Merkmalsblöcke. Auf Basis der rein ökonomisch abgeleiteten Gewichte wäre die relative Gewichtung, würden die weiteren Fitnessmerkmale Ketose, Milchfieber und Aufzuchtverluste ebenfalls im GZW berücksichtigt, von Milch : Fleisch : Fitness bei Fleckvieh etwa 37 : 13 : 50 und bei Braunvieh 39 : 14 : 47. Bezieht man nur die derzeitigen GZW-Merkmale (außer Eiweißprozent) plus die Aufzuchtverluste im Rahmen des Vitalitätswertes ein, wäre die relative Gewichtung von Milch : Fleisch : Fitness etwa 39 : 13 : 48 bei Fleckvieh und 40 : 14 : 46 bei Braunvieh.

Abschließende Bemerkungen

Im Rahmen von OptiGene wurde u.a. an der Optimierung des GZW gearbeitet. Dies betrifft einerseits Änderungen in der Methodik (z.B. Fuerst et al., 2014; Pfeiffer, 2015) andererseits die Gewichtungen der Einzelmerkmale bzw. Merkmalsblöcke im GZW. Die neuerlich abgeleiteten wirtschaftlichen Gewichte sind aber von den zu erwartenden Zuchtfortschritten bei Selektion nach dem GZW zu unterscheiden. Für den Zuchtfortschritt sind nicht nur die wirtschaftlichen Gewichte, sondern auch die Heritabilitäten und Sicherheiten sowie die genetischen Beziehungen der einzelnen Merkmale entscheidend. Die wirtschaftlichen Gewichte spielen natürlich hinsichtlich der Definition des Zuchtziels und damit des GZWs eine große Rolle, stellen aber üblicherweise nur den Ausgangspunkt für Diskussionen dar. Die endgültige Gewichtung wurde unter Mitwirkung von Züchtern und Zuchtverantwortlichen aus

Baden-Württemberg, Bayern und Österreich getroffen. Erwartete Selektionserfolge nach rein ökonomischen Gesichtspunkten und nach in einer Umfrage (Egger-Danner et al., 2015; Steininger et al., 2012) bzw. bei Versammlungen abgefragten Züchterwünschen sowie gesellschaftliche Rahmenbedingungen bildeten die Grundlage für die Entscheidung. Diesbezügliche Ergebnisse gehen aus dem Beitrag von Fürst et al. (2016) hervor.

Danksagung

Für die Finanzierung des Projektes OptiGene (Optimierung der langfristigen züchterischen Entwicklung der österreichischen Rinderrassen unter besonderer Berücksichtigung der Gesundheit und der genomischen Selektion, Projekt 100808), danken wir dem Bundesministerium für Land- und Forstwirtschaft, Umwelt und Wasserwirtschaft sowie der Zentralen Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter und den Rassenarbeitsgemeinschaften für Fleckvieh, Braunvieh, Pinzgauer und Grauvieh sehr herzlich. Die Kosten für Eutererkrankungen wurden in Kooperation mit dem COMET K Projekt ADDA - Advancement of Dairying in Austria ermittelt. ADDA wird durch das Bundesministerium für Verkehr, Innovation und Technologie, das Bundesministerium für Wissenschaft, Forschung und Wirtschaft, das Land Niederösterreich und die Stadt Wien gefördert und durch die Österreichische Forschungsförderungsgesellschaft FFG abgewickelt. Vielen Dank auch der Arbeitsgruppe Zuchtziel im Rahmen der gemeinsamen Zuchtwertschätzung Bayern, Baden-Württemberg und Österreich für intensive Diskussionen und Anregungen.

Die hier dargestellten Ergebnisse sind Teil von Fuerst-Waltl, B., Fuerst, C., Obritzhauser, W., Egger-Danner, C., 2016. Sustainable breeding objectives and possible selection response: finding the balance between economics and breeders' desires. Eingereicht bei Journal of Dairy Science.

Tab. 5: Grenznutzen in €/Einheit (GN), genetische Standardabweichung (s_a) und wirtschaftliches Gewicht pro s_a (wG/ s_a) für Fleckvieh und Braunvieh

| Merkmal (Einheit) | Fleckvieh | | | Braunvieh | | |
|--|-----------|-------|-----------|-----------|-------|-----------|
| | GN | s_a | wG/ s_a | GN | s_a | wG/ s_a |
| MILCH | | | | | | |
| Fettmenge (kg) | 1,97 | 21,9 | 43,10 | 1,88 | 21,2 | 39,86 |
| Eiweißmenge (kg) | 2,75 | 16,4 | 45,10 | 3,13 | 17,0 | 53,21 |
| FLEISCH | | | | | | |
| Nettozunahme (g) | 0,662 | 30,5 | 20,19 | 0,495 | 30,5 | 15,10 |
| Ausschlachtung (%) | 5,63 | 1,1 | 6,19 | 5,76 | 1,1 | 6,34 |
| Handelsklasse (Kl.) | 13,0 | 0,25 | 3,25 | 45,51 | 0,25 | 11,38 |
| FITNESS | | | | | | |
| Nutzungsdauer (d) | 0,1304 | 180 | 23,47 | 0,1702 | 180 | 30,63 |
| Persistenz (σ Einzelk.) | 9,23 | 1s | 9,23 | 2,67 | 1s | 2,67 |
| Fruchtbarkeit (%) | 1,73 | 4,5 | 7,79 | 1,56 | 4,5 | 7,02 |
| Kalbeverlauf (Kl.) | 21,88 | 0,22 | 4,81 | 19,49 | 0,22 | 4,29 |
| Totgeburtenrate (%) | 2,8 | 4,0 | 11,20 | 2,20 | 4,0 | 8,80 |
| Aufzuchtverluste (%) | 3,58 | 2,87 | 10,27 | 2,96 | 3,45 | 10,21 |
| Zellzahl (Klasse) | 5,68 | 0,5 | 2,84 | 6,41 | 0,5 | 3,21 |
| Mastitis (%) | 3,65 | 4,34 | 15,84 | 3,63 | 4,34 | 18,48 |
| Fr. Fruchtst. (%) | 3,03 | 3,89 | 11,79 | 3,02 | 3,89 | 11,05 |
| Zysten (%) | 0,72 | 6,71 | 4,83 | 0,71 | 6,71 | 1,31 |
| Milchfieber (%) | 2,19 | 3,51 | 7,69 | 2,18 | 3,51 | 4,34 |
| Ketose (%) | 2,60 | 0,70 | 1,82 | 2,59 | 0,70 | 1,81 |
| Melkbarkeit ($\sqrt{\text{Kg/min}}$) | 79,53 | 0,084 | 6,68 | 79,53 | 0,084 | 6,96 |

Tab. 6: Relative wirtschaftliche Gewichte für Zuchtzielmerkmale und Merkmalsblöcke (alt und neu ökonomisch abgeleitet) für Fleckvieh und Braunvieh

| | Fleckvieh | | Braunvieh | |
|-----------------------------|-----------|------------|-----------|------------|
| | alt | ökonomisch | alt | ökonomisch |
| MILCH | 38 | 39 | 48 | 40 |
| Fettmenge | 4,4 | 19,0 | 4,8 | 17,3 |
| Eiweißmenge | 33,4 | 19,9 | 38,4 | 23,1 |
| Eiweißprozent | | | 4,7 | |
| FLEISCH | 16 | 13 | 5 | 14 |
| Nettozunahme | 7,3 | 8,9 | 2,2 | 6,6 |
| Ausschlachtung | 4,6 | 2,7 | 1,4 | 2,8 |
| Handelsklasse | 4,6 | 1,4 | 1,4 | 4,9 |
| FITNESS | 46 | 48 | 47 | 46 |
| Nutzungsdauer | 13,4 | 10,4 | 16,1 | 13,3 |
| Persistenz | 2,0 | 4,1 | 2,7 | 1,2 |
| Fruchtbarkeitswert | 6,8 | 10,8 | 8,6 | 8,4 |
| Kalbeverlauf pat. | 1,8 | 1,0 | 0,9 | 0,9 |
| Kalbeverlauf mat. | 1,8 | 1,0 | 0,9 | 0,9 |
| Totgeb. pat./Vitalitätswert | 4,0 | 9,5 | 3,0 | 8,3 |
| Totgeburtenr. mat. | 4,0 | - | 3,0 | - |
| Eutergesundheitswert | 9,7 | 8,2 | 10,0 | 9,4 |
| Melkbarkeit | 2,0 | 3,0 | 2,0 | 3,0 |

Literatur

- Amer, P.R., Kaufmann, A., Künzi, N., 1996. Breed choice and pricing system implications for farmers and political institutions from a Swiss cattle farm model. In: J.B. Dent, M.J. McGregor and A.R. Sibbald (eds.) *Livestock farming systems. Research, development, socio-economics and the land manager*. EAAP Publ. No. 79, Wageningen Academic Publishers, Wageningen, The Netherlands, pp 253-258.
- Dempfle, L., 1992. Berücksichtigung von Fruchtbarkeit und Eutergesundheit in der Rinderzucht. *Züchtungskunde* 64:447-457.
- Egger-Danner, C., Fürst, C., Fürst-Waltl, B., Pfeiffer, C., Schwarzenbacher, H., Steininger, F., Willam, A., 2015. Optimierung der langfristigen züchterischen Entwicklung der österreichischen Rinderrassen unter besonderer Berücksichtigung der Gesundheit und der genomischen Selektion. Endbericht zum Projekt 100808; https://www.dafne.at/dafne_plus_homepage/download.php?t=ProjectReportAttachment&k=3703.
- European Commission, 2015. Short Term Outlook for EU arable crops, dairy and meat markets in 2015 and 2016. http://ec.europa.eu/agriculture/markets-and-prices/short-term-outlook/pdf/2015-03_en.pdf
- Fewson, D., 1993. Definition of the breeding objective. Design of livestock breeding programmes. Animal Genetics and Breeding Unit, University of New England ed., Armidale, NSW, Australia.
- Fitzhugh, H.A., 1976. Analysis of growth curves and strategies for altering their shape. *J. Anim. Sci.* 42:1036-1051.
- Fuerst C., Egger-Danner, C., 2014. Inclusion of direct health traits in the total merit index of Fleckvieh and Brown Swiss cattle in Austria and Germany. ICAR 39th Biennial Session, Berlin, Germany May 19-23.
- Fürst, C., Pfeiffer, C., Fürst-Waltl, B., 2016. Fit, vital und leistungsstark – die neuen Zuchtziele für Fleckvieh und Braunvieh. Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, Salzburg (dieses Heft)
- Fuerst, C., Pfeiffer, C., Schwarzenbacher, H., Steininger, F., Fuerst-Waltl, B., 2014. Comparison of different methods to calculate a total merit index - results of a simulation study. 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Vancouver, CAN.
- Fuerst-Waltl, B., Baumung, R., Fuerst, C., Köck, A., Obritzhauser, W., Schwarzenbacher, H., Sölkner, J., Willam, A., Winter, P., Egger-Danner, C., 2010. Gesundheitsmonitoring Rind: Entwicklung einer Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale. Endbericht Projekt 100250 BMLFUW-LE.1.3.2/0043-II/1/2007. http://www.dafne.at/dafne_plus_homepage/index.php?section=dafneplus&content=result&&come_from=homepage&project_id=2704.
- Groen, A.F., Steine, T., Colleau, J. J., Pedersen, J., Pribyl, J., Reinsch, N., 1997. Economic values in dairy cattle breeding, with special reference to functional traits. Report of an EAAP-working group. *Livest. Prod. Sci.* 49:1-21.
- Hamm, L.-R., Heim, M., Weiß, J., Dorfner, G., 2014. Landwirtschaftliche Erzeugerpreise in Bayern. LfL Grub, Bayern.
- Hazel, L.N., 1943. The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics* 28:476-490.
- Hazel, L.N., Lush, J. L., 1942. The efficiency of three methods of selection. *J. Hered.* 33:393-399.
- Lind, B., 2007. Ableitung der Wirtschaftlichkeitskoeffizienten und optimalen Indexgewichte des Gesamtzuchtwertes für die deutschen Milch- und Zweinutzungsrasen unter Berücksichtigung aktueller und erwarteter zukünftiger Rahmenbedingungen. Diss., Georg-August-Universität Göttingen, Deutschland.
- Miesenberger, J., 1997. Zuchtzieldefinition und Indexselektion für die österreichische Rinderzucht. Diss., Universität für Bodenkultur, Wien, Österreich.
- Miglior, F., Muir, B. L., Van Doormaal, B. J., 2005. Selection indices in Holstein Cattle of various countries. *J. Dairy Sci.* 88:1255-1263.
- Over, R., Köhler, M., Krieg, K., Nussbaum, H., Wurth, W., 2013. Kalkulationsdaten Futterbau. Excel-Sheet zusammengestellt durch die LEL (Landesanstalt für Entwicklung der Landwirtschaft und der ländlichen Räume Schwäbisch Gmünd) und LAZBW (Landwirtschaftliches Zentrum für Rinderhaltung, Grünlandwirtschaft, Milchwirtschaft, Wild und Fischerei Baden-Württemberg Aulendorf), Stand 18.11.2013
- Pfeiffer, C., 2015. Optimization of the total merit index of Austrian dairy cattle – Validation and adaptation of an approximate multitrait two-step procedure. PhD Thesis, University of Natural Resources and Live Sciences Vienna (BOKU), Austria.
- Press, W.H., Flannery, B.P., Teukolsky, S.A., Vetterling, W.T., 1986. *Numerical Recipes: The art of scientific computing*. Cambridge University Press, Cambridge, UK.
- Reents, R., Rensing, S., 2009. Zuchtziele in der Milchzucht national und international. *Züchtungskunde* 81:397-405.
- Steininger, F., Fuerst-Waltl, B., Pfeiffer, C., Fuerst, C., Schwarzenbacher, H., Egger-Danner, C., 2012. Participatory development of breeding goals in Austrian dairy cattle. *Acta Agriculturae Slovenica, Supplement* 3: 143-147.
- Wood, P.D.P., 1967. Algebraic Model of the Lactation Curve in Cattle. *Nature (London)* 216:164-165.
- ZuchtData, 2014. ZuchtData-Jahresbericht Ausgabe 2014. <http://zar.at/Downloads/Jahresberichte/ZuchtData-Jahresberichte.html>

Fit, vital und leistungsstark – die neuen Zuchtziele für Fleckvieh und Braunvieh

Christian Fürst, Christina Pfeiffer und Birgit Fürst-Waltl

1. Einleitung

Nach Fewson (1993) geht es bei der Definition des Zuchtziels um die Erstellung von vitalen Tieren, die unter zukünftigen Produktionsbedingungen einen höchstmöglichen Gewinn sicherstellen. Das heißt, dass es bei den züchterischen Überlegungen keinesfalls nur um die Milch allein gehen darf, sondern sehr stark um die Fitness und abhängig von der Rasse auch um das Fleisch. Beim am häufigsten geäußerten Wunschbild einer gesunden, problemlosen Kuh, die über eine möglichst lange Zeit eine gute Milchleistung bringt, sind die Unterschiede zwischen Rinderrassen aber auch zwischen der konventionellen und biologischen bzw. intensiver und extensiver Wirtschaftsweise meist relativ gering. Die Gesamtwirtschaftlichkeit der Milchviehhaltung muss in allen Betrieben im Vordergrund stehen und hier spielen die Kosten senkenden funktionalen Merkmale eine große Rolle.

In Österreich und Deutschland werden derzeit für jeden Stier bei jeder Zuchtwertschätzung Zuchtwerte für ca. 50 verschiedene Merkmale geschätzt und veröffentlicht. Entsprechend ihrer wirtschaftlichen Bedeutung werden die Merkmale im Gesamtzuchtwert, der mathematischen Formulierung des Zuchtziels, zusammengefasst. Bei der Diskussion der züchterischen Merkmale darf allerdings nicht nur die Maximierung der Wirtschaftlichkeit auf Einzelbetriebsebene das alleinige Entscheidungskriterium sein. Produktqualität, Produktionssystem, der ökologische Fußabdruck, Verhalten und Wohlbefinden müssen ebenfalls eine große Rolle spielen (Coffey et al., 2006). Die Wahl der Merkmale ist auch in einem internationalen Kontext zu sehen und die Anforderungen des Marktes sind zu berücksichtigen. Die in der Rinderzucht tätigen Personen haben aber auch eine ethische Verantwortung zu tragen. In Abbildung 1 sind die umfangreichen

Bestimmungsfaktoren zur Zuchtzielfestsetzung nach Eßl (1999) dargestellt.



Abbildung 1: Bestimmungsfaktoren zur Zuchtzielfestsetzung (Eßl, 1999).

Der ökonomische Gesamtzuchtwert (GZW) wurde 1998 in Österreich eingeführt (Miesenberger, 1997) und im Jahre 2002 im Zuge der Einführung der gemeinsamen Zuchtwertschätzung mit Deutschland angepasst. Weitere Anpassungen gab es für Fleckvieh und Braunvieh in den Jahren 2006 (Lind, 2007) und 2012 (Fürst und Egger-Danner, 2014). Da die Zusammensetzung und Gewichtung im GZW von den erwarteten wirtschaftlichen Rahmenbedingungen abhängt, ist eine laufende Überprüfung und etwaige Anpassung notwendig. Da die letzte größere Änderung schon fast 10 Jahre zurück liegt, wurde eine Arbeitsgruppe Zuchtziel, bestehend aus Vertretern der Zuchtdachverbände ASR, AGÖF, ARGE Braunvieh Deutschland und Österreich sowie Vertretern der Zuchtwertschätzstellen eingerichtet, um die fachliche Basis vorzubereiten. Wichtige Grundlagen wurden dabei auch im Rahmen des Projekts OptiGene von ZAR/ZuchtData

und BOKU Wien erarbeitet (Egger-Danner et al., 2015; Steininger et al., 2013). Der Gesamtzuchtwert und damit das Zuchtziel wurde in einem ausgiebigen Diskussionsprozess mit den Züchtervereinigungen und der Züchterschaft bestimmt. Die Zuchtorganisationen in Deutschland, Österreich und auch Tschechien haben bei der Festsetzung des neuen GZW im November 2015 schließlich auch zuchtpolitische und marktstrategische Aspekte einfließen lassen.

Abgesehen von Änderungen in der Gewichtung der Merkmale gibt es beim Gesamtzuchtwert auch Änderungen bei den genetischen Korrelationen und bei der Berechnungsmethode. Diese Änderungen wirken sich auch auf den Milchwert (MW) und den Fitnesswert (FIT) aus. Der Fleischwert (FW) ist nur von den neuen Gewichten betroffen, da die Fleisch-Merkmale multivariat geschätzt werden und dadurch keine Indexmethode zur Kombination der Merkmale verwendet werden muss.

Darüber hinaus wirken sich die Änderungen im Fitnessbereich (Fürst et al., 2016) natürlich auch entsprechend auf den GZW aus.

2. Neue genetische Korrelationen zwischen den Merkmalen

Im Rahmen des Projekts Optigene (Egger-Danner et al., 2015) wurden die genetischen Korrelationen zwischen allen Merkmalen im GZW anhand von Fleckvieh- und Braunvieh-Daten neu geschätzt (Pfeiffer, 2015). Dazu wurde die sogenannte Methode Ducrocq verwendet, mit der es möglich ist, in einem zwei-stufigen Verfahren mit entzerrten (deregrierten) Zuchtwerten genetische Korrelationen zwischen Merkmalen aus verschiedensten ZWS-Modellen zu schätzen. Die neu geschätzten Korrelationen (Tabelle 2) weichen teilweise deutlich von den bisher verwendeten Korrelationen ab (Tabelle 1). Die Zusammenhänge zwischen den Milchmerkmalen und Fleisch- bzw. Fitnessmerkmalen ist überwiegend stärker negativ als bisher, andererseits sind die Fitnessmerkmale untereinander etwas stärker positiv korreliert. Das hat nicht nur Auswirkungen auf den GZW, sondern auch auf die Sicherheiten und den erwarteten Selektionserfolg.

Tabelle 1: Bis zur ZWS Dez. 15 verwendete genetische Korrelationen (fehlende Werte = 0).

| | Fkg | Ekg | NTZ | AUS | HKL | ND | Pers | FRW | KVLp | KVLm | TOTp | TOTm | EGW | Mbk |
|-------------|-------|-------|-------|-------|-------|------|------|------|-------|------|-------|------|-------|------|
| Fkg | 1,00 | | | | | | | | | | | | | |
| Ekg | 0,85 | 1,00 | | | | | | | | | | | | |
| NTZ | 0,10 | 0,10 | 1,00 | | | | | | | | | | | |
| AUS | -0,15 | -0,15 | 0,51 | 1,00 | | | | | | | | | | |
| HKL | -0,05 | -0,05 | 0,46 | 0,59 | 1,00 | | | | | | | | | |
| ND | -0,10 | -0,10 | | -0,10 | -0,10 | 1,00 | | | | | | | | |
| Pers | | | | | | 0,10 | 1,00 | | | | | | | |
| FRW | -0,20 | -0,20 | | | -0,10 | 0,10 | 0,20 | 1,00 | | | | | | |
| KVLp | -0,10 | -0,10 | -0,10 | -0,10 | | | | | 1,00 | | | | | |
| KVLm | 0,10 | 0,10 | 0,10 | | | 0,15 | | | -0,35 | 1,00 | | | | |
| TOTp | | | -0,10 | -0,10 | | | | | 0,70 | | 1,00 | | | |
| TOTm | | | | | | 0,15 | | | | 0,60 | -0,10 | 1,00 | | |
| EGW | -0,25 | -0,25 | | | | 0,10 | 0,10 | 0,10 | | | | | 1,00 | |
| Mbk | 0,25 | 0,25 | | | | | | | | | | | -0,20 | 1,00 |

Fkg=Fett-kg, Ekg=Eiweiß-kg, NTZ=Nettozunahme, AUS=Ausschlachtung, HKL=Handelsklasse, ND=Nutzungsdauer, Pers=Persistenz, FRW=Fruchtbarkeitswert, KVLp/m=Kalbeverlauf paternal/maternal, TOTp/m=Totgeburtenrate paternal/maternal, EGW=Eutergesundheitswert, MbK=Melkbarkeit

Tabelle 2: Ab der ZWS Apr. 16 verwendete genetische Korrelationen (fehlende Werte = 0).

| | Fkg | Ekg | NTZ | AUS | HKL | ND | Pers | FRW | KVLp | KVLm | VIW | EGW | Mbk |
|-------------|-------|-------|-------|-------|-------|------|-------|-------|-------|------|------|-------|------|
| 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 | | | | | |
| KVLp | | | -0,20 | -0,15 | -0,15 | | | | 1,00 | | | | |
| KVLm | 0,10 | 0,10 | | -0,05 | -0,10 | 0,15 | | 0,40 | -0,25 | 1,00 | | | |
| VIW | 0,10 | 0,10 | | | -0,10 | 0,20 | | 0,10 | 0,45 | 0,10 | 1,00 | | |
| EGW | -0,25 | -0,25 | | | -0,10 | 0,50 | 0,30 | 0,10 | | | 0,10 | 1,00 | |
| Mbk | 0,35 | 0,35 | | -0,10 | -0,10 | | -0,10 | -0,10 | | | | -0,20 | 1,00 |

Fkg=Fett-kg, Ekg=Eiweiß-kg, NTZ=Nettozunahme, AUS=Ausschlachtung, HKL=Handelsklasse, ND=Nutzungsdauer, Pers=Persistenz, FRW=Fruchtbarkeitswert, KVLp/m=Kalbeverlauf paternal/maternal, TOTp/m=Totgeburtenrate paternal/maternal, EGW=Eutergesundheitswert, MbK=Melkbarkeit

3. Neue Berechnungsmethode

Die Kombination der einzelnen Zuchtwerte im Gesamtzuchtwert erfolgte bisher anhand einer Selektionsindexmethode, die auf der Dissertation von Miesenberger (1997) beruht. Diese Methode zeigte die Eigenschaft, dass sie zu überhöhten Streuungen der Gesamtzuchtwerte bei niedrigen bis mittleren Sicherheiten führte. Deshalb musste diese Methode modifiziert werden, indem neu eine Sicherheits-abhängige Skalierung der Gesamtzuchtwerte erfolgt. Diese modifizierte Methode zeigte bei ausführlichen, möglichst realitätsnahen Simulationsstudien im Rahmen des Projekts Optigene die besten Eigenschaften von allen untersuchten Indexmethoden (Pfeiffer, 2015). Mit der verbesserten Methodik wird die Streuung verringert, das heißt, die Gesamtzuchtwerte rücken enger zusammen. Davon sind vor allem Kühe, Kandidaten und genomische Jungvererber betroffen.

Die Sicherheitsberechnung wurde ebenfalls geringfügig adaptiert (Verwendung von mit der modifizierten Indexmethode berechneten Sicherheiten für Nutzungsdauer und Eutergesundheitswert EGW) und führt (in Kombination mit den neuen Gewichten) überwiegend zu etwas niedrigeren GZW-Sicherheiten. Beim FIT sind die Sicherheitsänderungen relativ gering, weil die höheren genetischen Korrelationen dagegen wirken. Die MW-Sicherheit ist

nicht betroffen, da hier die Sicherheit für Fett-kg verwendet wird.

4. Neue wirtschaftliche Gewichte

Wie bereits erwähnt, wurde die neue Gewichtung der Merkmale im GZW, das Zuchtziel, in den letzten Monaten ausführlich mit den Zuchtorganisationen diskutiert. Grundlagen dafür waren die rein ökonomisch abgeleiteten wirtschaftlichen Gewichte (Fürst-Waltl et al., 2016) und darauf aufbauend zahlreiche Varianten, um den erwarteten Zuchtfortschritt bei Selektion nach dem GZW bei den einzelnen Merkmalen einschätzen zu können. Im November 2015 haben sich schließlich die jeweiligen Rassen-Arbeitsgemeinschaften auf die neuen Gewichtungen geeinigt.

Fleckvieh

Die neue Gewichtung verschiebt sich von 38 : 16 : 46 für Milch : Fleisch : Fitness geringfügig auf 38 : 18 : 44% (Tabelle 3). Mit der etwas höheren Gewichtung des Fleischkomplexes und der gleichzeitigen Verschiebung der Gewichtung innerhalb des Fleischblocks auf die Schlachtqualitätsmerkmale wird der großen Bedeutung der Doppelnutzung Rechnung getragen. Innerhalb des Milchblocks verschiebt sich die Gewichtung von Fett-kg zu Eiweiß-kg von 1 : 10 auf 1 : 1,4 und entspricht damit der

wirtschaftlichen Realität nach dem Wegfall der Milchquote. Innerhalb des Fitnessblocks sind die wichtigsten Änderungen die Verdoppelung des Gewichts für den Fruchtbarkeitswert (FRW) und die Einbeziehung des neuen Merkmals Vitalitätswert (VIW, Fürst et al., 2016). Der Kalbeverlauf paternal wird nicht mehr im Gesamtzuchtwert berücksichtigt, da bei diesem Merkmal von den Besamungsorganisationen bzw. den Züchtern ohnehin strenge eigene Selektionsgrenzen gelten. Der ZW wird aber selbstverständlich weiterhin unverändert veröffentlicht.

Braunvieh

Die neue Gewichtung verschiebt sich von 48 : 5 : 47 für Milch : Fleisch : Fitness leicht auf 50 : 5 : 45% (Tabelle 4). Innerhalb des Milchblocks ändert sich die Gewichtung von Fett-kg zu Eiweiß-kg von 1 : 10 auf 1 : 1,7. Innerhalb des Fitnessblocks sind die wichtigsten Änderungen die deutliche Erhöhung des Gewichts für den Fruchtbarkeitswert (FRW) und die Einbeziehung des neuen Merkmals Vitalitätswert (VIW). Kalbeverlauf paternal und Melkbarkeit werden nicht mehr im Gesamtzuchtwert berücksichtigt, da bei diesen Merkmalen in der Praxis strenge Selektionsgrenzen gelten.

Die neuen Gewichte werden selbstverständlich nicht nur für den GZW, sondern auch für die Berechnung von Milchwert (MW), Fleischwert (FW) und Fitnesswert (FIT) verwendet.

Selektionserfolg

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

In der Entwicklung des neuen GZWs wurden zahlreiche Gewichtungsvarianten mit den entsprechenden Auswirkungen auf den erwarteten Selektionserfolg untersucht. Bei Verwendung der rein ökonomisch abgeleiteten Gewichte (Fürst-Waltl et al., 2016) hätten sich durch den stark negativen genetischen Zusammenhang der Milch zur Fruchtbarkeit (-0,40) bei beiden Rassen deutlich negative Selektionserfolge im Fruchtbarkeitsbereich erwarten lassen. Beim Fleckvieh errechneten sich außerdem deutlich negative ‚Zuchtfortschritte‘ in der Handelsklasse. Beides Entwicklungen, auf die in der Entscheidungsfindung der optimalen Gewichtung entsprechend reagiert werden musste. In den Tabellen 3 und 4 sind neben den Gewichten auch die theoretisch zu erwartenden Zuchtfortschritte in den einzelnen Merkmalsblöcken bei ausschließlicher Selektion nach dem bisherigen bzw. neuen GZW dargestellt.

Beim Fleckvieh verschiebt sich mit dem neuen GZW das Verhältnis des relativen monetären Selektionserfolgs von ca. 75 : 10 : 15 für Milch : Fleisch : Fitness auf ca. 70 : 10 : 20 etwas zugunsten der Fitness. Dies kommt trotz des geringfügig niedrigeren Gewichtes durch die höheren genetischen Korrelationen zwischen den Fitnessmerkmalen zustande, die sich dadurch gegenseitig unterstützen. Trotz der sehr hohen Gewichtung der Fruchtbarkeit ist durch die deutlich negative Korrelation zur Milch kein Zuchtfortschritt zu erwarten, sofern nicht andere Maßnahmen ergriffen werden (z.B. Vorselektion).

Beim Braunvieh bleibt das relative Verhältnis zwischen den Blöcken mit 90 : 0 : 10 praktisch gleich, es ist allerdings etwas mehr Milchmenge zu erwarten. So ist pro Generation (ca. 5 Jahre) ein genetischer Fortschritt von 371 kg Milch zu erwarten. Bei der Melkbarkeit ist gut zu sehen, dass trotz der Nicht-Gewichtung im GZW ein deutlicher Selektionserfolg erwartet werden kann (3,9 ZW-Punkte pro Generation). Das ergibt sich durch die positive Korrelation zur Milch.

Tabelle 3: Wirtschaftliche Gewichte pro genetischer Standardabweichung (%) und theoretischer Selektionserfolg in kg (Milch, Fett, Eiweiß) bzw. ZW-Punkten (Fleisch und Fitness) pro Generation bei Selektion nach GZW beim Fleckvieh.

| | Merkmale | Gewichte | | | | Selektionserfolg | | | |
|----------------|------------------------------|---------------|-------------|---------------|-------------|------------------|-------------|---------------|-------------|
| | | bis Dez. 2015 | | ab April 2016 | | bis Dez. 2015 | | ab April 2016 | |
| | | rel. (%) | rel. (%) | rel. (%) | rel. (%) | kg, ZW | rel. (%) | kg, ZW | rel. (%) |
| Milch | Milch-kg | 0 | 38 | 0 | 38 | 363 | 75 | 325 | 70 |
| | Fett-kg | 4,4 | | 18,6 | | 15 | | 13 | |
| | Eiweiß-kg | 33,4 | | 19,4 | | 12 | | 10 | |
| Fleisch | Nettozunahme | 7,3 | 16 | 4 | 18 | 5 | 10 | 3 | 10 |
| | Handelsklasse | 4,6 | | 7 | | 1 | | 2 | |
| | Ausschlachtung | 4,6 | | 7 | | 2 | | 1 | |
| Fitness | Nutzungsdauer | 13,4 | 46 | 10 | 44 | 2 | 15 | 4 | 20 |
| | Persistenz | 2,0 | | 3 | | 2 | | 2 | |
| | Fruchtbarkeit (FRW) | 6,8 | | 14 | | 0 | | 0 | |
| | Kalbeverlauf paternal | 1,8 | | 0 | | 0 | | 0 | |
| | Kalbeverlauf maternal | 1,8 | | 1 | | 3 | | 4 | |
| | Totgeburten paternal | 4,0 | | - | | 1 | | - | |
| | Totgeburten maternal | 4,0 | | - | | 2 | | - | |
| | Vitalitätswert (VIW) | - | | 5 | | - | | 4 | |
| | Eutergesundheit (EGW) | 9,7 | | 10 | | 0 | | 2 | |
| | Melkbarkeit | 2,0 | | 1 | | 3 | | 3 | |

Tabelle 4: Wirtschaftliche Gewichte pro genetischer Standardabweichung (%) und theoretischer Selektionserfolg in kg (Milch, Fett, Eiweiß) bzw. ZW-Punkten (Fleisch und Fitness) pro Generation bei Selektion nach GZW beim Braunvieh.

| | Merkmale | Gewichte | | | | Selektionserfolg | | | |
|----------------|------------------------------|---------------|-------------|---------------|-------------|------------------|-------------|---------------|-------------|
| | | bis Dez. 2015 | | ab April 2016 | | bis Dez. 2015 | | ab April 2016 | |
| | | rel. (%) | rel. (%) | rel. (%) | rel. (%) | kg, ZW | rel. (%) | kg, ZW | rel. (%) |
| Milch | Milch-kg | 0 | 48 | 0 | 50 | 360 | 89 | 371 | 90 |
| | Fett-kg | 4,8 | | 20,7 | | 15,5 | | 14,6 | |
| | Eiweiß-kg | 38,4 | | 27,8 | | 13,4 | | 12,1 | |
| | Eiweiß-% | 4,7 | | 1,5 | | -0,00 | | -0,01 | |
| Fleisch | Nettozunahme | 2,2 | 5 | 3 | 5 | 1,9 | 0 | 0,9 | 0 |
| | Handelsklasse | 1,4 | | 1 | | -1,8 | | -1,3 | |
| | Ausschlachtung | 1,4 | | 1 | | -0,6 | | -2,6 | |
| Fitness | Nutzungsdauer | 16,1 | 47 | 12 | 45 | 2,3 | 11 | 2,2 | 10 |
| | Persistenz | 2,7 | | 3 | | 1,8 | | 1,7 | |
| | Fruchtbarkeit (FRW) | 8,6 | | 15 | | -0,3 | | -0,8 | |
| | Kalbeverlauf paternal | 0,9 | | 0 | | -0,7 | | 0,2 | |
| | Kalbeverlauf maternal | 0,9 | | 1 | | 2,5 | | 3,5 | |
| | Totgeburten paternal | 3,0 | | - | | 0,7 | | - | |
| | Totgeburten maternal | 3,0 | | - | | 1,3 | | - | |
| | Vitalitätswert (VIW) | - | | 4 | | - | | 3,5 | |
| | Eutergesundheit (EGW) | 10,0 | | 10 | | -0,3 | | 0,7 | |
| | Melkbarkeit | 2,0 | | 0 | | 3,0 | | 3,9 | |

5. Auswirkungen

Die Auswirkungen der Änderungen auf den GZW der Stiere und Kühe wurden für folgende Kategorien ausgewertet: alle Besamungsstiere in der gemeinsamen ZW-Liste mit offiziellem GZW (GZL), alle NK-geprüften Stiere der Geburtsjahre 2008 bis 2011 (NK), die genomischen Jungvererber der Geburtsjahre 2012-2015 (GJV) und für die lebenden Kühe.

Die auffälligste Änderung entsteht durch die neue Berechnungsmethode und die damit verbundene geringere Streuung bei Tieren im niedrigen bis mittleren Sicherheitsbereich.

Die Stauchung der GZWe ist bei den NK-Stieren nur sehr gering, bei den GJV und Kühen allerdings deutlich ausgeprägt.

Beim Fleckvieh verlieren Tiere mit einem GZW von 140 oder mehr im Schnitt etwa 8 GZW-Punkte. Zur groben Orientierung kann man von den durchschnittlichen alt-neu-Änderungen in Tabelle 5 ausgehen.

Tabelle 5: Durchschnittliche alt-neu-Änderungen beim GZW bei den Kandidaten, GJV und Kühen

| alter GZW | neuer GZW | |
|------------|-----------|-----------|
| | Fleckvieh | Braunvieh |
| 140 | 132 | 134 |
| 135 | 128 | 130 |
| 130 | 124 | 126 |
| 125 | 120 | 122 |
| 120 | 116 | 118 |

Bei den Fleckvieh-Stieren bedeutet die Umstellung, dass statt zuletzt 27 nur mehr 1 Stier einen GZW über 140 bzw. nur mehr 104 statt 384 Stieren einen GZW über 130 aufweisen. Bei den Braunvieh-Stieren haben nur mehr 2 Stiere statt zuletzt 21 einen GZW über 136. Da sich die Stauchung auf die NK-Stiere kaum auswirkt, rücken sie in der Rangierung der GZL merklich nach vorne (Tabelle 6). War beim Fleckvieh bisher kein einziger NK-Stier in den Top 100, sind es neu immerhin 17. Beim Braunvieh ist die Situation sehr ähnlich (Tabelle 7).

Tabelle 6: Anzahl NK-geprüfter Stiere in den Top 10 bis Top 1000 beim Fleckvieh.

| Top | alt | neu |
|-------------|-----|-----|
| 10 | 0 | 0 |
| 50 | 0 | 6 |
| 100 | 0 | 17 |
| 500 | 28 | 86 |
| 1000 | 103 | 210 |

Tabelle 7: Anzahl NK-geprüfter Stiere in den Top 10 bis Top 1000 beim Braunvieh.

| Top | alt | neu |
|-------------|-----|-----|
| 10 | 0 | 4 |
| 50 | 2 | 9 |
| 100 | 5 | 18 |
| 500 | 91 | 121 |
| 1000 | 320 | 371 |

Die Stauchung ist beim MW relativ gering ausgeprägt, beim FIT allerdings sehr deutlich. Die Stauchung beim FIT trifft auch die NK-Stiere, da die Fitness-Sicherheiten bei den jungen NK-Stieren auch noch relativ niedrig sind. Die zahlreichen Umstellungen und hier besonders die neue GZW-Berechnungsmethode wirken sich auch auf die genetischen Trends aus. Bei den Stieren ist der Anstieg bei den jüngsten Geburtsjahren etwas weniger steil als bisher (Abb. 2 und 3).

Durch die leicht adaptierte Sicherheitsberechnung gehen die Sicherheiten für den GZW leicht zurück.

Die alt-neu-Korrelationen liegen beim GZW über alle Besamungsstiere in der GZL mit 0,99 recht hoch, bei den einzelnen Untergruppen (NK-Stiere, GJV) mit ca. 0,95 doch deutlich darunter. Bei den lebenden Kühen ist die Korrelation bei ca. 0,97. Deutlich niedriger sind die Korrelationen beim FIT, wo die Werte bei rund 0,90 liegen.

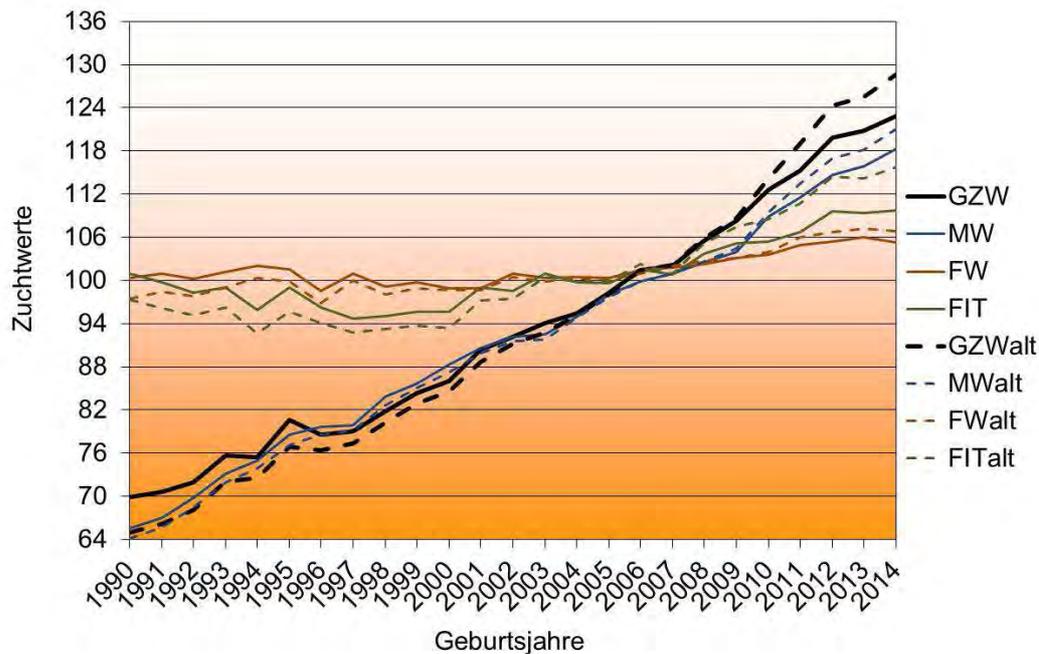


Abb. 2: Genetischer Trend bei den Fleckvieh-Stieren (neu=durchgezogen, alt=strichliert)

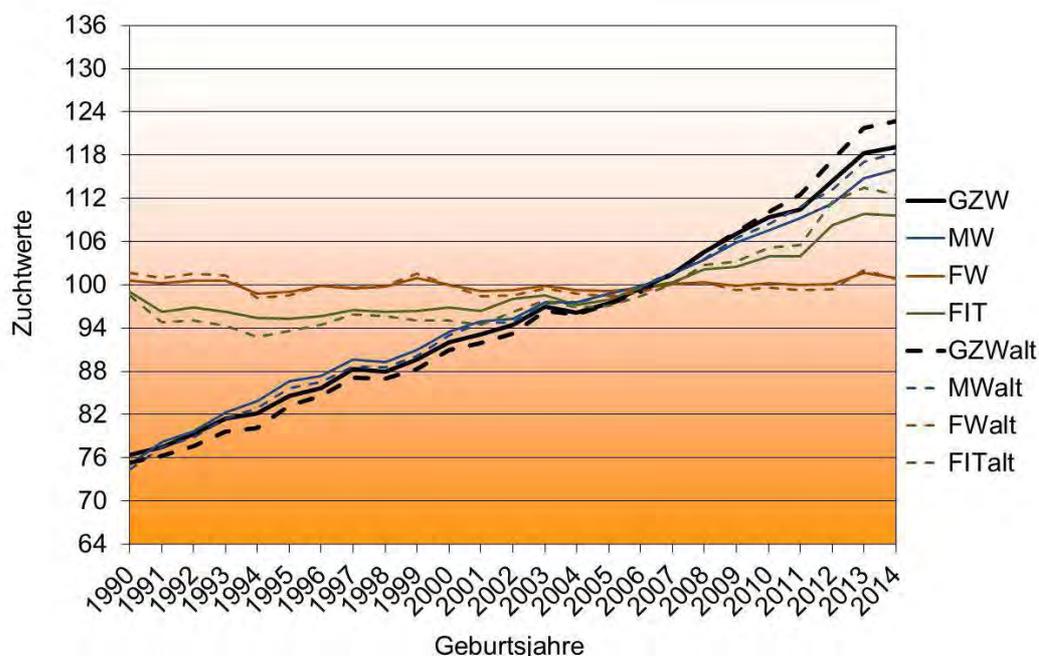


Abb. 3: Genetischer Trend bei den Braunvieh-Stieren (neu=durchgezogen, alt=strichliert)

6. Resümee

Die Entwicklung des neuen GZW hat gezeigt, dass keine gravierenden Änderungen bei der Gewichtung notwendig sind. Durch die verschiedenen Änderungen, die mit der Zuchtwertschätzung im April 2016 eingeführt werden – neue Gewichtung, angepasste Berechnungsmethode, neue Korrelationen, neues Merkmal – kommt es zu größeren Änderungen

bei den Zuchtwerten bzw. in der Rangierung der Tiere. Der neue GZW ist als wesentliche Orientierungshilfe für die Auswahl der besten Tiere anzusehen. Der einzelne Züchter hat wie bisher zusätzlich zum GZW die Möglichkeit, durch die individuelle Berücksichtigung der einzelnen Merkmale sein eigenes Zuchtziel bestmöglich umzusetzen.

Danksagung

Für die Finanzierung des Projektes OptiGene (Optimierung der langfristigen züchterischen Entwicklung der österreichischen Rinderrassen unter besonderer Berücksichtigung der Gesundheit und der genomischen Selektion, Projekt 100808), danken wir dem Bundesministerium für Land- und Forstwirtschaft, Umwelt und Wasserwirtschaft sowie der Zentralen Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter und den Rassenarbeitsgemeinschaften für Fleckvieh, Braunvieh, Pinzgauer und Grauvieh sehr herzlich. Vielen Dank auch der Arbeitsgruppe Zuchtziel im Rahmen der gemeinsamen Zuchtwertschätzung für intensive Diskussionen und Anregungen.

Literatur

- Coffey, M.P., Wall, E., Mrode, R., Brotherstone, S., 2006: Breeding for novel traits in dairy cattle. 8th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Belo Horizonte, Brasilien.
- Egger-Danner, C., Fürst, C., Fürst-Waltl, B., Pfeiffer, C., Schwarzenbacher, H., Steininger, F., Willam, A., 2015. Optimierung der langfristigen züchterischen Entwicklung der österreichischen Rinderrassen unter besonderer Berücksichtigung der Gesundheit und der genomischen Selektion. Endbericht zum Projekt 100808; https://www.dafne.at/dafne_plus_homepage/download.php?t=ProjectReportAttachment&k=3703.
- Ebl, A., 1999: Grundsatzfragen zum Zuchtziel beim Rind. In: Zuchtziele beim Rind, Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter (Hrsg.): 3-9.
- Fewson, D., 1993: Definition of breeding objective. Design of Livestock Breeding Programs, Australien.
- Fuerst, C. und Egger-Danner, C., 2014. Inclusion of direct health traits in the total merit index of Fleckvieh and Brown Swiss cattle in Austria and Germany. ICAR Conference Berlin, 19.-23.5.2014.
- Fürst, C., Egger-Danner, C., Schwarzenbacher, H., Fürst-Waltl, B., 2016. Neue Merkmale – Fitness, Vitalität und Gesundheit im Fokus. Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, Salzburg (dieses Heft)
- Fürst-Waltl, B., Fürst, C., Obritzhauser, W., Egger-Danner, C., 2016. Wirtschaftlichkeit des Zuchtziels. Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, Salzburg (dieses Heft).
- Lind, B., 2007: Ableitung der Wirtschaftlichkeitskoeffizienten und optimalen Indexgewichte des Gesamtzuchtwertes für die deutschen Milch- und Zweinutzungsrasen unter Berücksichtigung aktueller und erwarteter zukünftiger Rahmenbedingungen. Dissertation, Georg-August-Universität. Göttingen, Deutschland.
- Miesenberger, J., 1997: Zuchtzieldefinition und Indexselektion für die österreichische Rinderzucht. Dissertation, Institut für Nutztierwissenschaften, Universität für Bodenkultur Wien.
- Pfeiffer, C., 2015. Optimization of the total merit index of Austrian dairy cattle – Validation and adaptation of an approximate multitrait two-step procedure. PhD Thesis, University of Natural Resources and Live Sciences Vienna (BOKU), Austria.
- Steininger, F., Fürst-Waltl, B., Egger-Danner, C., 2013: Welche Anforderungen stellen die Züchter an die Kühe? In: Die beste Kuh für's Gras. Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, Salzburg.

Zuchtfortschritt steigern, Variation erhalten – wie kann das gehen?

Hermann Schwarzenbacher

Einleitung

Selektion in geschlossenen Populationen führt unweigerlich zur Steigerung des Inzuchtniveaus. Dieser Inzuchtanstieg ist jedoch nicht per se negativ zu sehen. Schließlich wird er unter anderem dadurch verursacht, dass gewünschte Allelvarianten in der Population angereichert werden, also vermehrt in reinerbigem Zustand bei Tieren auftreten. In der praktischen Rinderzucht ist vor allem die Selektion über den Pfad der Stierväter und Stiermütter

entscheidend für die Inzuchtentwicklung einer Population. In der Vergangenheit konnte immer wieder beobachtet werden, dass sich Genanteile von herausragenden Stieren in der aktiven Zuchtpopulation stark anreichern können. Wie bereits oben erwähnt, ist dies durchaus erwünscht, da Genanteile von Tieren, die stark von ihrem Elternmittel abweichen, besonders viel zum zukünftigen Zuchtfortschritt beitragen sollen.

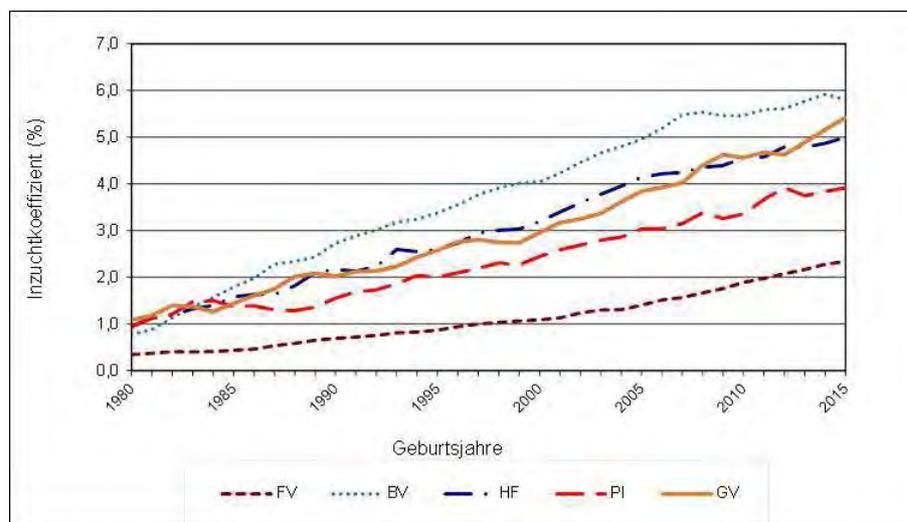


Abbildung 1: Inzuchtentwicklung bei den Rinderrassen in Österreich im Zeitraum 1980 bis 2015 (ZuchtData Jahresbericht 2015). Bei Fleckvieh und Pinzgauer fallen das niedrige Inzuchtniveau und die langsame Inzuchtsteigerung auf. Auch bei Grauvieh ist das Inzuchtniveau unter Berücksichtigung der Populationsgröße als gering zu beurteilen. Lediglich Braunvieh und Holstein zeigt ein etwas höheres Niveau bei knapp 5% und darüber.

Inzucht hat jedoch auch negativ zu beurteilende Folgen auf eine Zuchtpopulation. Es sind dies die Inzuchtdepression, das erhöhte Risiko der phänotypischen Ausprägung von homozygot rezessiven Gendefekten und der Verlust an genetischer Variabilität. Die Auswirkungen der Inzuchtdepression mit rund 7 kg Milch bzw. rund 5 Tagen Nutzungsdauer pro Prozent Inzuchtsteigerung (Fuerst und Sölkner, 1994) sind beim jetzigen Inzuchtniveau der hier untersuchten Rassen als vernachlässigbar gering

einzuordnen. Ebenso kann die erhöhte Rate von rezessiven Defektallelen, die in homozygotem Zustand phänotypisch zur Ausprägung kommen, als durchaus vorteilhaft betrachtet werden, da damit eine frühere Erkennung der Erbfehler einhergehen kann. Bei bekannten Erbfehlern wird das Inzuchtniveau in einer Population immer unwichtiger, da heute über Anpaarungsprogramme Risikopaarungen für bekannte Erbfehler effizient vermieden werden können. Die wohl größte Bedeutung kommt

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

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

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

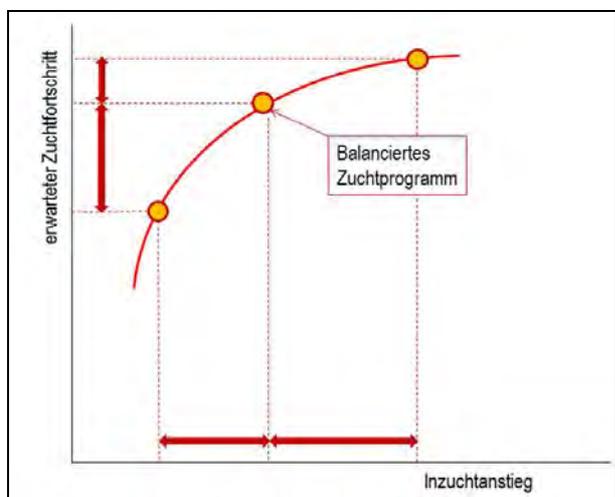


Abbildung 2: Modellhafter Zusammenhang von Inzuchtanstieg und erwartetem Zuchtfortschritt und das Optimierungspotential über den Ansatz der optimierten Genbeiträge

In Abbildung 2 wird das Potenzial zur Optimierung eines Zuchtprogramms mit OGB schematisch dargestellt. Die Rote Line zeigt dabei den jeweils höchst möglichen Zuchtfortschritt bei gegebenem Inzuchtanstieg auf. Vor allem durch den optimierten Einsatz von Ver-

erbern am Selektionspfad der Stiereväter können mit relativ geringen Einbußen im kurzfristig möglichen Zuchtfortschritt relativ hohe Reduktionen im Inzuchtanstieg erzielt werden. In Zuchtprogrammen, in denen ein nur sehr geringer Inzuchtanstieg zulässig ist (Erhaltungszuchtprogramme), müssen große Einbußen im erwartbaren Zuchtfortschritt in Kauf genommen werden.

Bevor auf die Methode der Optimalen Genbeiträge eingegangen wird, müssen einige Begriffe geklärt werden.

Inzuchtkoeffizient

Unter Inzucht versteht man die Paarung von Tieren in deren Abstammung gemeinsame Ahnen auftreten. Dadurch können bei Nachkommen aus solchen Paarungen Allele an Genorten reinerbig auftreten, da sie unabhängig voneinander vom gemeinsamen Vorfahren über die väterliche und mütterliche Abstammung vererbt werden. Die Wahrscheinlichkeit für inzuchtbedingte Reinerbigkeit ist umso höher, je mehr gemeinsame Vorfahren in der Abstammung vorliegen und je weniger Generationen zwischen den Eltern und dem gemeinsamen Ahnen liegen.

Der Inzuchtkoeffizient ist ein relatives Maß im Vergleich zur sogenannten Basispopulation. Die Basispopulation wird modellhaft als nicht ingezüchtet angenommen. Je weiter man die Abstammung zurückverfolgt, desto mehr Tiere können also als miteinander verwandt erkannt werden. Daher führen tiefe Pedigrees zu höheren durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten. Inzuchtkoeffizienten sagen daher wenig über den Grad der tatsächlichen Inzucht im Genom aus, sondern dienen in erster Linie der Quantifizierung der Inzuchtentwicklung über einen Zeitraum.

Der Inzuchtkoeffizient wird wie folgt berechnet:

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

Dabei sind

F = der Inzuchtkoeffizient des Tieres
 n_1, n_2 = die Anzahl an Generationen, die zwischen dem Tier und dem jeweilige gemeinsa-

men Vorfahren auf mütterlicher und väterlicher Seite liegen und F_A = der Inzuchtkoeffizient des gemeinsamen Ahnen.

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

Inzucht und Genominformation

Genomische Inzuchtkoeffizienten können entweder genomweit oder innerhalb bestimmter Genombereiche über die Erstellung der genomischen Verwandtschaftsmatrix berechnet werden. VanRaden (2008) hat Methoden vorgestellt, wie über genomweite SNP Information eine genombasierte Verwandtschaftsmatrix aufgestellt werden kann. Die genombasierten Inzuchtkoeffizienten können in der Folge aus den Diagonalelementen ($1+F$) der Matrix extrahiert werden.

In der Vergangenheit wurden aber auch alternative Ansätze zur Berechnung der genombasierten Inzucht vorgeschlagen. Von verschiedenen Autoren wurde eine Inzuchtberechnung auf der Basis sogenannter „Runs of Homozygosity“ (ROH) vorgeschlagen bzw. angewendet (Ferencakovic et al. 2013, Mészáros et al. 2015, Zavarez et al. 2015, Rodríguez-Ramilo et al. 2015). Unter ROH werden kontinuierliche Genomabschnitte von durchgehend homozygoten Genotypen verstanden. Man geht heute davon aus, dass ROH vor allem durch Inzucht entstehen. Auf der Basis dieser ROH können auch genombasierte Inzuchtkoeffizienten berechnet werden, wobei sich der Inzuchtkoeffizient durch die Genomgröße (in Basenpaaren) die als ROH vorliegen, geteilt durch die gesamte Genomgröße ergibt.

Inzuchtanstieg und effektive Populationsgröße

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

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

F_t = Inzuchtniveau in der Generation t

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

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

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

Für das Inzuchtmanagement in geschlossenen Populationen ist nicht das absolute Inzuchtniveau sondern der Inzuchtanstieg pro Generation zu begrenzen. Wie bereits erwähnt ist Inzucht ohne Einkreuzung weder zu vermeiden noch per se negativ zu beurteilen. Im Gegenteil: Zuchtprogramme mit besonders niedrigen Inzuchtanstiegen deuten oft auf ineffiziente Selektion hin.

Allerdings besteht bei intensiver Selektion stets die Gefahr, dass das Inzuchtniveau einer Population ungewollt schnell ansteigt. Während der Zuchtfortschritt linear mit der Selektionsintensität ansteigt, verhält sich der Inzuchtanstieg proportional zum Quadrat der Selektionsintensität (Woolliams et al. 1993). Entscheidend ist daher, dass ein bestimmter Zuchtfortschritt mit möglichst geringem Inzuchtanstieg erreicht wird. Da die züchtungsbedingte Reduktion der genetischen Vielfalt proportional zum Inzuchtanstieg ist, bedeutet Inzuchtmanagement den Erhalt zukünftiger Potenziale zur Selektion.

Der Ansatz der optimierten Genbeiträge (OGB)

Unter Genbeitrag versteht man den Anteil von Allelen eines Vorfahren in einem einzelnen oder einer Gruppe von Nachkommen (James und McBride, 1958).

Bei der Selektion nach OGB (Wray und Thompson (1990), Woolliams und Thompson (1994), Wray und Goddard (1994), Woolliams et al. (1999), Meuwissen (1997), Meuwissen und Sonesson (1998), Grundy et al. (1998),

Grundy et al. (2000)) wird der Zuchtfortschritt in einer Population bei gleichzeitiger Begrenzung der durchschnittlichen Verwandtschaft der als Elterntiere selektierten Kandidaten in der aktuellen Population maximiert. Dabei werden die Genanteile von Vorfahren mit positiven Elternabweichungen über die Auswahl und den Einsatz der Elterntiere der nächsten Generation langfristig optimiert. Da so bei gleichem Zuchtfortschritt mehr genetische Variabilität in einer Zuchtpopulation erhalten werden kann, ist der zu erwartende langfristige Zuchtfortschritt höher als bei alleiniger Selektion nach Zuchtwerten (Meuwissen 1997, Daetwyler et al. 2007).

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

$$H = w_{\Delta G} c' \hat{a} + w_{\Delta F} c' A c'$$

$w_{\Delta G}$ = relative Gewichtung der Zuchtwertkomponente,

$w_{\Delta F}$ = relative Gewichtung der Inzuchtkomponente,

c' = Genanteile

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

A = additiv genetische Verwandtschaft (pedigree-basiert oder genomisch)

Mit der Optimierung dieser Funktion wird unter Idealbedingungen (korrekte Abstammung, wahre Zuchtwerte sind bekannt) folgende Beziehung zwischen dem Genanteil eines Ahnen und dessen Zufallshälfte (Abweichung des Zuchtwerts vom Elternmittel) hergestellt (Abbildung 3):

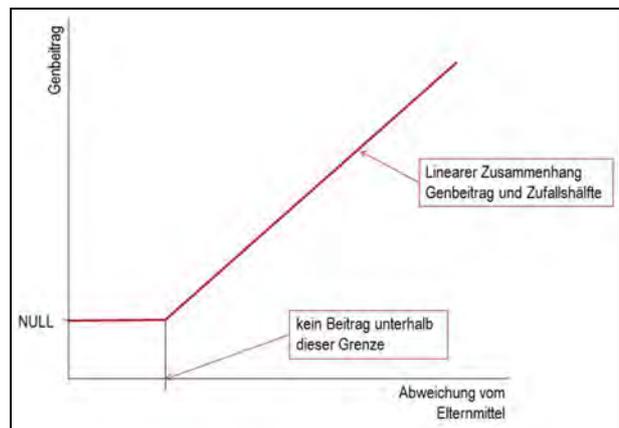


Abbildung 3: Zusammenhang bei Idealbedingungen (z.B. wahre Zuchtwerte bekannt) zwischen dem Genbeitrag und der Abweichung vom Elternmittel („Zufallshälfte“) bei der Optimierung der Genbeiträge.

Verfahren zur Berechnung eines Ranges nach OGB für alle Kandidaten einer Selektionsgruppe

Aufgrund der Bedeutung des Selektionspfades für den Zuchtfortschritt und die Inzuchtentwicklung wurden alle OGB Analysen ausschließlich auf den Stiervaterpfad ausgerichtet. In den meisten Zuchtprogrammen sind die Entscheidungen, welche Selektionskandidaten für die gezielte Paarung selektiert werden und wie häufig bzw. an welche Paarungspartner diese angepaart werden, auf eine größere Anzahl von Entscheidungsträgern verteilt. Aus diesem Grund ist es, abgesehen von Anpaarungsverträgen, meist nicht möglich die tatsächliche Anpaarungsentscheidung vollständig zu beeinflussen.

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

Bei genomischen Jungvererbern hat sich bei Fleckvieh und Braunvieh in den letzten Jahren gezeigt, dass der Rang innerhalb väterlicher Halbgeschwistergruppen einen bedeutenden Einfluss darauf hat, ob ein Stier von einer Station angekauft wird. Auf der Grundlage dieser Beobachtung wurde ein vereinfachtes Verfah-

ren entwickelt, über das für jeden Selektionskandidaten ein populationsweiter Rang nach OGB berechnet werden kann. Tiere mit niedrigen Rängen sind eine interessante Kombination aus hohem Zuchtwertniveau bei gleichzeitiger Berücksichtigung der Inzuchtrestriktion.

Rangierung nach OGB (Abbildung 4)

- Ausgehend von der optimalen Lösung aus dem OGB Verfahren werden alle selektierten weiblichen und männlichen Kandidaten im Hinblick auf deren durchschnittliche Zuchtwerte sowie deren durchschnittliche Verwandtschaft analysiert.
- Dann werden alle selektierten weiblichen Tiere beibehalten, alle männlichen Anpaarungen aber durch jenen Stier ersetzt, dessen Rang jeweils berechnet werden soll.
- Aus diesen fiktiven Anpaarungen wird die Veränderung im durchschnittlichen Zucht-

wert (ΔZF) sowie in der durchschnittlichen Verwandtschaft (ΔREL) im Vergleich zur optimalen Lösung beobachtet.

- Nachdem diese Abweichungen für alle Kandidaten erhoben wurden, werden ΔZF und ΔREL jeweils auf eine Standardnormalverteilung skaliert und zu einem OGB Wert über die einfache Formel $OGB\ Wert = b_1 \times \Delta ZF + b_2 \times \Delta REL$ kombiniert.
- Die Gewichtungsfaktoren b_1 und b_2 sind nicht theoretisch ableitbar, sondern entsprechen approximativ der jeweils angestrebten Inzuchtrestriktion im Zuchtprogramm. Daher werden diese Werte mit den Zuchtverantwortlichen der Rassendachverbände gemeinsam diskutiert und festgelegt. OGB Werte können dann in einen Rang übersetzt werden.

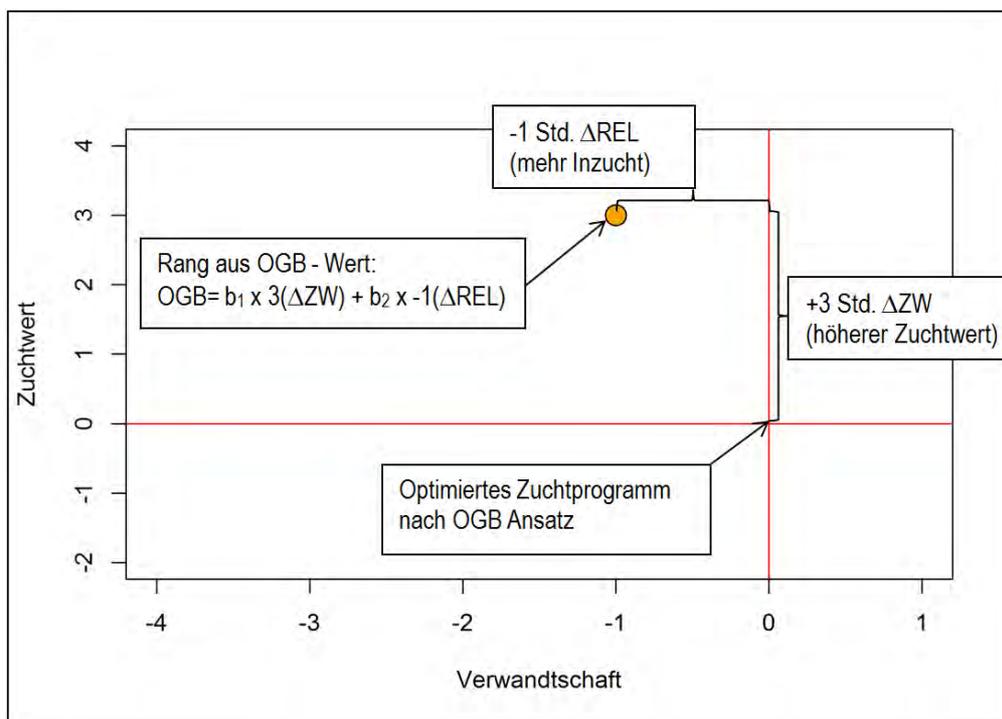


Abbildung 4: Approximiertes Verfahren zur Berechnung eines Ranges für genomische Jungvererber nach Optimierten Genbeiträgen

Um eine bessere Vorstellung von den züchterischen Auswirkungen des approximierten OGB Verfahrens zu bekommen, wurden die mittleren OGB Ränge von genomischen Jungvererbern innerhalb der Väter bei den Rassen

Fleckvieh (Tabelle 1) und Braunvieh (Tabelle 2) berechnet. Aufgelistet sind die jeweils 10 extremsten Stierväter nach den Eigenschaften „inzuchtreduzierend“ bzw. „zuchtwertsteigernd“.

Tabelle 1: Rangierung der Stierväter nach mittleren Rängen aus OGB bei ihren Söhnen bei Fleckvieh. Links sind Stierväter aufgelistet, deren Söhne inzucht-dämpfend wirken. Rechts sind Stierväter aufgelistet, deren Söhne besonders hohe Gesamtzuchtwerte aufweisen.

| Väter von Kandidaten mit geringster Verwandtschaft (Stiere mit ‚Outcross‘ Qualitäten) ¹ | | Väter von Kandidaten mit höchsten Gesamtzuchtwerten ² | | | |
|--|------------|--|------|-------------|--------------|
| Rang | NAME | Anzahl Söhne | Rang | NAME | Anzahl Söhne |
| 1 | ZASPIN | 17 | 1 | VESTEL | 14 |
| 2 | GARIBALDI | 11 | 2 | VALEUR | 43 |
| 3 | PASSION | 15 | 3 | GS WOHLTAT | 255 |
| 4 | SILVERSTAR | 12 | 4 | GS VOLLWERT | 77 |
| 5 | HURLY | 14 | 5 | WATZMANN | 14 |
| 6 | HUMPERT | 52 | 6 | WATT | 218 |
| 7 | HUTERA | 149 | 7 | WEISSBLAU | 17 |
| 8 | ZAUBER | 17 | 8 | DAX | 15 |
| 9 | RALDI | 26 | 9 | WISCONA | 19 |
| 10 | MAGIC | 12 | 10 | WILDSTERN | 58 |

¹⁾ Nur züchterisch interessante Kandidaten mit GZW>125, FU>95 und EU>105 einbezogen.

²⁾ Nur Väter mit mindestens mehr als 10 genotypisierten Söhnen einbezogen.

Tabelle 2: Rangierung der Stierväter nach mittleren Rängen aus OGB bei ihren Söhnen bei Braunvieh

| Väter von Kandidaten mit geringster Verwandtschaft (Stiere mit ‚Outcross‘ Qualitäten) ¹ | | Väter von Kandidaten mit höchsten Gesamtzuchtwerten ² | | | |
|--|------------|--|------|-----------|--------------|
| Rang | NAME | Anzahl Söhne | Rang | NAME | Anzahl Söhne |
| 1 | ERASCO | 17 | 1 | AG VERDI | 65 |
| 2 | HIMAYA | 11 | 2 | HUSOLD | 41 |
| 3 | AG JUKEBOX | 20 | 3 | HUPAYS | 19 |
| 4 | AG HEBRON | 25 | 4 | AG ALABA | 12 |
| 5 | AG PUCK | 16 | 5 | AG VOX | 12 |
| 6 | VASIENT | 16 | 6 | AG HEBRON | 37 |
| 7 | HEGALL | 27 | 7 | EASTROG | 71 |
| 8 | HIDALGO | 26 | 8 | VINTAGE | 92 |
| 9 | AG EUDEGO | 44 | 9 | HERZASS | 21 |
| 10 | AG POINT | 47 | 10 | VENEZIO | 12 |

¹⁾ Nur züchterisch interessante Kandidaten mit GZW>120, FU>95 und EU>105 einbezogen.

²⁾ Nur Väter mit mindestens mehr als 10 genotypisierten Söhnen einbezogen.

Zusammenfassung und Ausblick

Ein Blick auf die Inzuchtentwicklung der heimischen Rinderrassen zeigt, dass das Inzuchtmanagement in den Zuchtprogrammen grundsätzlich funktioniert und somit kein akuter Handlungsbedarf in diesem Bereich besteht. Klar ist, dass über Anpaarung möglichst entfernt verwandter Tiere die Inzuchtentwicklung einer Population langfristig nicht beeinflusst werden kann. Inzuchtmanagement kann daher nicht über Anpaarungsplanung, sondern nur durch die Steuerung der Selektion und der Ein-

satzhäufigkeiten der selektierten Tiere erreicht werden.

Ein Management der langfristigen Inzuchtentwicklung über optimierte Genbeiträge ist vor allem in kleinen geschlossenen Populationen sinnvoll, die neben der Erhaltung der genetischen Variabilität auch einen moderaten Zuchtfortschritt erreichen wollen. Hier kann über OGB ein höherer Zuchtfortschritt bei Einhaltung der Inzuchtrestrictionen erzielt werden.

Aber auch Populationen, die über genomische Selektion intensiv selektiert werden und deren

Generationsintervalle vergleichsweise kurz sind, können vom Inzuchtmanagement über OGB profitieren. Die Praxis zeigt, dass der Erhaltung der Linienbreite von Praktikern eine hohe Bedeutung zugemessen wird. Bei Stieren mit interessanter Blutlinienführung werden manchmal auch größere Kompromisse beim Zuchtwertniveau gemacht. Hier besteht ein Potenzial zur Optimierung über ein wissenschaftlich fundiertes Inzuchtmanagement. Sollte die Selektionsintensität über den Einsatz von Reproduktionstechnologie wie Embryotransfer, Ovum Pick-Up und In Vitro Fertilisation weiter erhöht werden, gewinnt professionelles Inzuchtmanagement weiter an Bedeutung. Die zentrale Herausforderung bleibt bei OGB die Umsetzung in der Praxis. Nur wenn es gelingt Selektionsentscheidungen am Selektionspfad der Stierväter ausreichend zu steuern, kann der theoretisch mögliche Nutzen des Verfahrens in der Praxis realisiert werden.

Literatur

- Berg P., Nielsen J. und Sorenson MK. (2006): EVA realized and predicted optimal genetic contributions. 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production 2006.
- Daetwyler H.D., Villanueva B., Bijma P. und Woolliams JA. (2007): Inbreeding in genome wide selection. *J. Anim. Breed. Genet.* 124:369-76.
- Falconer D.S. und Mackay TFC. (1996): *Introduction to Quantitative Genetics*. London:Pearson Education Ltd., 1996.
- Fegg T. (2014): *Modellierung alternativer Zuchtprogramme zur Optimierung des langfristigen Zuchtfortschrittes bei der Rasse Pinzgauer*, Wien. Masterarbeit, 2014.
- Ferenčaković M., Hamzić E., Gredler B., Solberg TR., Klemetsdal G., Curik I. und Sölkner J., (2013). Estimates of autozygosity derived from runs of homozygosity: empirical evidence from selected cattle populations. *J. Anim. Breed. Genet.* 130(4): 286-293.
- Fuerst C. und Sölkner J. (1994). Additive and nonadditive genetic variances for milk yield, fertility, and lifetime performance traits of dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 77:1114-1125.
- Grundy B., Villanueva B. und Woolliams JA. (1998): Dynamic selection procedures for constrained inbreeding and their consequences for pedigree development. *Genet. Res.* 72:159-68.
- Grundy B., Villanueva B. und Woolliams JA. (2000): Dynamic selection for maximizing response with constrained inbreeding in schemes with overlapping generations. *Anim Sci.* 70:373-82.
- James J.W. und McBride G. (1958): The spread of genes by natural and artificial selection in closed poultry flock. *J. Genet.*, 56, 55-62.
- Michalewicz Z. (1996): *Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs*. Springer.
- Meuwissen THE. (1997): Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *J. Anim Sci.* 75:934-40.
- Meuwissen THE. und Sonesson AK. (1998): Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding: overlapping generations. *J. Anim Sci.* 76:2575-83.
- Meuwissen THE., (2002): GENCONT: An operational tool for controlling inbreeding in selection and conservation schemes. 7th WCGALP, August 19-23, 2002, Montpellier, France.
- Meszaros G., Boison SA., Perez O'Brien AM., Ferenčaković M., Curik I., Da Silva MV., Utsunomiya YT., Garcia JF. und Sölkner J. (2015): Genomic analysis for managing small and endangered populations: a case study in Tyrol Grey cattle. *Front Genet.* May 13; 6:173.
- Rodriguez-Ramilo ST., Fernandez J., Toro MA., Hernandez D. und Villanueva B. (2015): Genome-wide estimates of coancestry, inbreeding and effective population size in the Spanish Holstein population. *PLoS One.* Apr 16;10(4).
- Thomassen JR. und Sorensen AC. (2014): *Strategies for Use of Reproductive Technologies in Genomic Dairy Cattle Breeding Programs*. 10th WCGALP, August 17-22, 2014, Vancouver, Canada.
- VanRaden PM. (2008): Efficient methods to compute genomic predictions. *J. Dairy Sci* 91: 4414-4423.
- Wellmann R., Hartwig S. und Bennewitz J. (2012): Optimum contribution selection for conserved populations with historic migration. *Genet. Sel. Evol.* 44:34.
- Woolliams J.A., Wray N.R. und Thompson R. (1993): Prediction of long-term contributions and inbreeding in populations undergoing mass selection. *Genet. Res.*, 62, 231-242.
- Woolliams J.A., Thompson R. (1994) A theory of genetic contributions. *Proc. 5th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.*, 19, 127-134.
- Woolliams J.A., Bijma P., Villanueva B. (1999) Expected genetic contributions and their impact on gene flow and genetic gain. *Genetics*, 153, 1009-1020.
- Wray N.R., Thompson R. (1990) Prediction of rates of inbreeding in selected populations. *Genet. Res.*, 55, 41-54.
- Wray NR. und Goddard ME. (1994): Increasing long-term response to selection. *Genet. Sel. Evol.* 26:431-51.
- ZuchtData (2015): *ZuchtData-Jahresbericht 2015*. <http://zar.at/dam/jcr:428d9c44-7dc4-40f4-ab99-77425f79e6c8/ZAR-Jahresbericht-Ausgabe-2015-web.pdf>

Ist die bäuerliche Zucht noch gut aufgestellt?

Kay-Uwe Götz

1. Einleitung

Die Rinderzucht hat bisher nur drei große Paradigmenwechsel erlebt. Zu Beginn der organisierten Zucht wurde durch die Einführung der Zuchtbücher und der Tierzuchtgesetzgebung das öffentliche Interesse an der Tierzucht und vor allem an der Steigerung der Leistungen dokumentiert. In der Folge wurde eine Tierzuchtverwaltung eingeführt und es stellten sich erste Erfolge ein, wenn auch nicht immer ganz freiwillig. Auf organisatorischer Ebene brachte diese Phase die ersten Züchter mit sich, die nicht nur lokale, sondern regionale, teils auch darüber hinausgehende Bedeutung aufwiesen.

Der zweite Paradigmenwechsel ergab sich, als man erkannte, dass die künstliche Besamung neben der Bekämpfung von Deckseuchen auch die Möglichkeit zu einer drastischen Steigerung des Zuchterfolgs mit sich brachte. In der Folge entwickelten sich Besamungsorganisationen als eigenes Geschäftsfeld, häufig gegen den Widerstand der etablierten Züchter. Aber auch nicht so direkt erkennbare Folgen, wie der internationale Samenhandel, die länderübergreifende Zusammenarbeit in Zucht und Zuchtwertschätzung und systematische Zuchtviehexporte sind erst durch die Möglichkeiten der KB entstanden. Neben diesen fachlichen Folgen, hatte die Einführung der KB aber auch erhebliche strukturelle Folgen. Hierzu gehörten die Neuausrichtung der Zuchtverbände, die bis dato hauptsächlich vom Bullenverkauf gelebt hatten, die Gründung der Berufsgruppe der Besamer, die Erfassung von Fruchtbarkeitsdaten, Kalbeverlauf und Erbfehlern und ein massiver Aufschwung der Reproduktionsforschung.

Seit Ende 2010 leben wir mit der Genomischen Selektion (GS). Diese hat uns zunächst hohe Zuchtwerte und hohe Preise für genomische Jungvererber (GJV) beschert. Es ist jedoch erkennbar, dass auch dieser Paradigmenwechsel weitreichende Folgen für die Organi-

sation der Tierzucht haben wird. Einiges davon ist absehbar, anderes eher spekulativ. Dennoch lohnt es sich, sich heute bereits Gedanken über die Rinderzucht von morgen zu machen. Hierzu betrachte ich zunächst die Potenziale genomischer Zuchtprogramme, gehe dann über zu den Risiken, die der Einsatz der GS im (internationalen) Wettbewerb mit sich bringt und ziehe am Ende einige Schlussfolgerungen für die Rinderzucht im alpinen Raum.

2. Potenziale der Genomischen Selektion

2.1 Mehr Zuchtfortschritt, weniger Kosten

Die GS ist das erste Forschungsfeld, das maßgeblich von den Zucht- und Besamungsorganisationen finanziert und vorangetrieben wurde. Auslöser dieser Euphorie war ein Artikel von Schaeffer (2006), der für genomische Zuchtprogramme „100% mehr Selektionserfolg bei 10% der Kosten“ voraussagte. Im Nachhinein stellen wir fest, dass die 100% mehr Selektionserfolg zwar möglich wären, nicht aber die 10% der Kosten, denn Schaeffer übersah die (damals noch unbekannt) Tatsache, dass die Kalibrierung permanent weitergeführt werden muss, um die Sicherheit der genomischen Zuchtwerte zu gewährleisten. Das zieht die dauerhafte Fortführung der Leistungsprüfungen nach sich, die in allen Zuchtprogrammen den größten Kostenfaktor darstellen.

Richtigerweise ging Schaeffer (2006) davon aus, dass in einem genomischen Zuchtprogramm ausschließlich Jungvererber eingesetzt werden und dass Bullenmütter als Kälber genomisch selektiert werden und ihren einzigen männlichen Nachkommen mit 24 Monaten auf die Welt bringen. In dieser Konsequenz ist GS noch nirgendwo auf der Welt realisiert worden, was zwei wesentliche Gründe hat:

- ein solcher Ansatz ist mit dem Geschäftsmodell unserer Besamungsorganisationen nicht kompatibel und
- die züchterischen Entscheidungen trifft nicht das Management eines Zuchtprogramms, sondern der einzelne Landwirt als Mitglied der Züchtervereinigung.

Die von Genetikern vorhergesagte Entwertung des geprüften Altbullen ist bisher also scheinbar nicht eingetreten, obwohl ein objektiver Blick auf die Topliste zeigt, dass unter den 50 besten Bullen nur sechs nachkommengeprüfte Bullen vertreten sind.

Obwohl Schaeffers Prognose einer deutlichen Kostensenkung nicht zutrifft, konnten Kostensenkungspotenziale genutzt werden. Dies geschieht zum einen durch den Ankauf von weniger Bullen, weil diese bereits mit einer höheren Sicherheit gekauft werden, zum anderen durch den weitgehenden Wegfall der Wartebullenhaltung und der Subventionen für den Prüfeinsatz.

2.2 Produktdifferenzierung

Der Wegfall des aufwändigen und teuren Nachkommenprüfungssystems eröffnet theoretisch die Möglichkeit, mehr Bullen mit speziellen Profilen anzubieten. Krogmeier (2016) wird in seinem Beitrag auf einige Optionen eingehen, z.B. Bullen mit einem speziellen Ökoprofil. Insbesondere in Kombination mit Sperma-Sexing würden sich aber noch weitere Möglichkeiten anbieten, z.B. leichtkalbige Bullen mit guter Mast eignung oder Exterieurbullen zur Produktion weiblicher Verkaufstiere.

Ebenso wenig gelingt bislang der Verkauf von „Bullenpaketen“. Während man in Neuseeland bei der Einführung deutlich auf solche Pakete setzte, hat man im Gebiet von Fleckvieh und Braunvieh zwar von wissenschaftlicher Seite darauf hingewiesen, dass man das Risiko beim Jungvererbereinsatz streuen sollte, aber von Seiten der Besamungsorganisationen wurden kaum konkrete Angebote unterbreitet.

2.3 Neue Zuchtansätze

Über kurz oder lang werden durch technische Fortschritte und neue Anwendungsmöglichkeiten alle Rinder genotypisiert wer-

den. Denkt man diesen Ansatz zu Ende, bedeutet er eigentlich, dass wesentliche Teile des Zuchtprogramms eingespart werden können. Konsequente Genotypisierung kann die gesamte Herdbuchführung inklusive Abstammungssicherung ersetzen und wissenschaftlich betrachtet muss man auch kein Mitglied einer Züchtervereinigung mehr sein, um die Reinerassigkeit seines Tieres bzw. dessen Zugehörigkeit zu einer Zuchtpopulation nachweisen zu können. Damit könnte die Selektionsbasis noch einmal deutlich vergrößert werden, was wiederum zu mehr Zuchtfortschritt führt. Andererseits kann das Zuchtprogramm dann auch ganz alleine von der KB gefahren werden, ein Punkt, auf den wir weiter unten noch eingehen werden.

2.4 Neue Merkmale

Die Möglichkeiten, neue Merkmale züchterisch zu bearbeiten, wurden zunächst zu optimistisch beurteilt. Zwar wiesen Neuner und Götz (2011) bereits nach, dass sich am relativen Zuchtfortschritt in funktionalen Merkmalen bei genomischer Selektion nichts ändert, solange das Zuchtziel gleich bleibt, in der ersten Phase herrschte jedoch großer Optimismus, dass man ganz neue Merkmale nach einer einmaligen Kalibrierung züchterisch nutzen könnte. Inzwischen ist Ernüchterung eingetreten, unter anderem deshalb, weil man sich klar ist, dass eine zügige Bearbeitung neuer Merkmale nur möglich ist, wenn Phänotypen regelmäßig und an einer Vielzahl von Kühen erhoben werden. Das hängt damit zusammen, dass sich die Phänotypen neuer Merkmale nicht nachträglich für die vielen alten Kalibrierungsbullen herstellen lassen. Coffey (2010) hat dies in der markanten Formulierung „In the age of the genotype, phenotype is king!“ zusammengefasst. In der Folge sind zahlreiche Initiativen entstanden, die (für Holstein) versuchen, strategisch wichtige neue Merkmale wie Trockenmasseaufnahme oder Methanausstoß züchterisch zu erschließen.

3. Risiken für die bäuerliche Zucht

Bevor ich im Folgenden auf einzelne Aspekte eingehe, möchte ich klarstellen, dass der intensive Einsatz der genomischen Selektion an sich keinerlei Risiko für den landwirtschaftlichen Betrieb darstellt. Es ist völlig unstrittig, dass ein konsequentes genomisches Zuchtprogramm das Potenzial zu 30-40% mehr Zuchtfortschritt hat (z.B. Neuner und Götz, 2009). Die Hauptrisiken für eine Rasse gehen daher von einer zu wenig intensiven Nutzung der genomischen Selektion aus!

3.1 Zu wenig Fortschritt

Dieses Risiko hat eine rasseübergreifende und eine rasseninterne Dimension. Auch wenn derzeit die drei für uns wichtigsten Rassen ökonomisch ungefähr auf gleichem Level stehen (z.B. Rinderreport Baden-Württemberg, 2014), sind die biologischen und organisatorischen Voraussetzungen zur Erzielung von weiterem Zuchtfortschritt im Zeitalter der Genomik sehr unterschiedlich (Götz und Emmerling, 2015).

3.1.1 Absolute Populationsgröße

Global betrachtet müssen Fleckvieh und Braunvieh in der Entwicklung der genetischen Qualität mit Holstein mithalten. Damit ist nicht nur die Milchleistung gemeint, sondern auch andere Bereiche, wie z.B. die Nutzungsdauer. Fleckvieh und Braunvieh sind von der Tierzahl die Nr. 2 und Nr. 5 in Europa und damit in der Verfolgerrolle, was bedeutet, dass es bei der Planung der Zuchtprogramme auch ganz wesentlich darum geht, den Anschluss an Holstein nicht zu verlieren.

Die absolute Populationsgröße hat einen erheblichen Einfluss auf die Selektion der Bullenmütter. Je größer die Population, desto intensiver können die Bullenmütter selektiert werden. Sinnvoll wäre dabei eine rein genomische Selektion von Bullenmüttern, die jegliche phänotypischen Kriterien ausschließt. Tabelle 1 zeigt die Potenziale, die sich bei der Bullenmutterselektion ergeben. Gegenwärtig selektieren wir in Bayern ca. 4% der Herdbuchkühe als Bullenmutterkandidatinnen, tatsächlich benötigt werden jedoch nur 1-2%. Neuner (2009)

berichtete, dass beim Fleckvieh effektiv etwa eine Intensität von 2,6 erreicht wird. Der Preis für diesen guten Wert ist aber ein Generationsintervall von 5,2 Jahren auf dem BM-Pfad. Würde man die Bullenmütter ausschließlich an genomischen Zuchtwerten mit ihren deutlich höheren Sicherheiten selektieren, könnte man sowohl die Sicherheit steigern, als auch das Generationsintervall verkürzen.

Tabelle 1: Relativer Selektionserfolg auf dem Bullenmutterpfad bei unterschiedlich intensiver Selektion der Bullenmütter

| Anteil BM (%) | Selektionsintensität | Selektionserfolg (rel.) |
|---------------|----------------------|-------------------------|
| 4 | 2,15 | 100% |
| 2 | 2,42 | 112% |
| 1 | 2,66 | 124% |
| 0,5 | 2,89 | 134% |

3.1.2 Größe der Kalibrierungsstichprobe

Die Größe der Kalibrierungsstichprobe ist innerhalb einer Rasse ein kaum beeinflussbarer Parameter. Fleckvieh und Braunvieh sind heute bereits in Kooperationen, die alle relevanten Bullen umfassen. Insofern lässt sich die Größe der Kalibrierung mit den bisherigen Konzepten lediglich um die Zahl der jährlich neu hinzukommenden Bullen erhöhen. Das wird schon bald zu einem „genomischen Rucksack“ werden, d.h. die Bullen der jüngsten 5 Jahrgänge werden prozentual einen immer geringeren Anteil an der Kalibrierungsstichprobe ausmachen. Hinzu kommt die Tatsache, dass bei sehr intensiver genomischer Zuchtarbeit zunehmend junge Bullen auftreten, die zwar genetisch immer noch überlegen sind, aber unter Umständen die Anerkennungskriterien für den KB-Einsatz nicht mehr erfüllen.

Für einen nachhaltigen Zuchtfortschritt sind daher neue Ansätze erforderlich. Schnelles Wachstum der Kalibrierung und die Erschließung neuer Merkmale setzen voraus, dass zukünftig Kühe in großem Umfang in die Kalibrierung mit einfließen. Das stellt neue Anforderungen an die Organisation und die Finanzierung des Zuchtprogramms, die weiter unten behandelt werden.

3.1.3 Länge des Generationsintervalls

Bei diesem Kriterium besteht noch deutlicher Nachholbedarf. Das effektive Generationsintervall wird maßgeblich durch den Anteil GJV in der KB bestimmt. Bei diesem Kriterium treten erhebliche Unterschiede zwischen den ein-

zelnen Regionen der Fleckviehpopulation auf (Abb. 1).

Abbildung 2 zeigt, welchen starken Einfluss der Anteil genomischer Jungvererber auf das Generationsintervall auf den männlichen Pfaden im Zuchtprogramm ausübt.

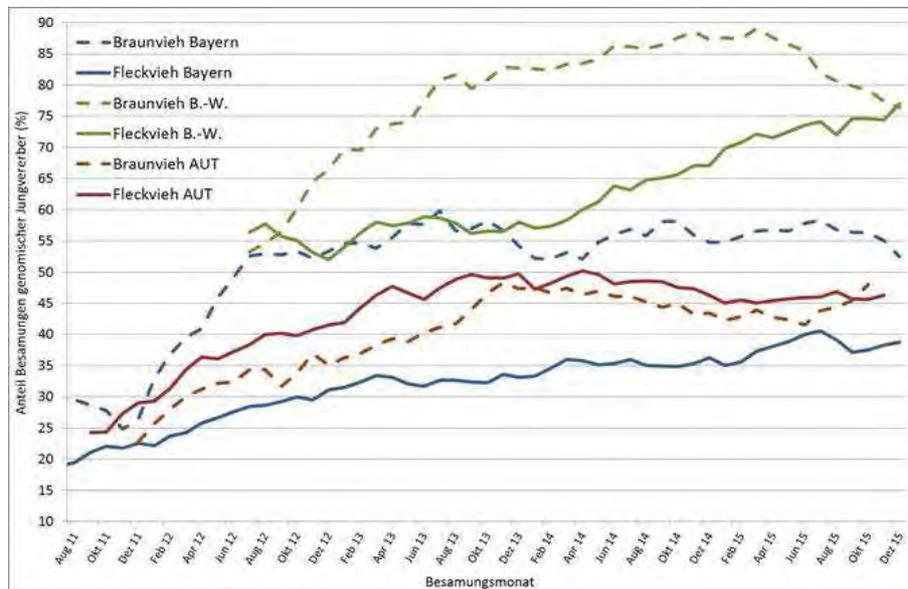


Abbildung 1: Einsatz von GJV in den Populationen Bayern, Baden-Württemberg und Österreich (Emmerling, 2016)

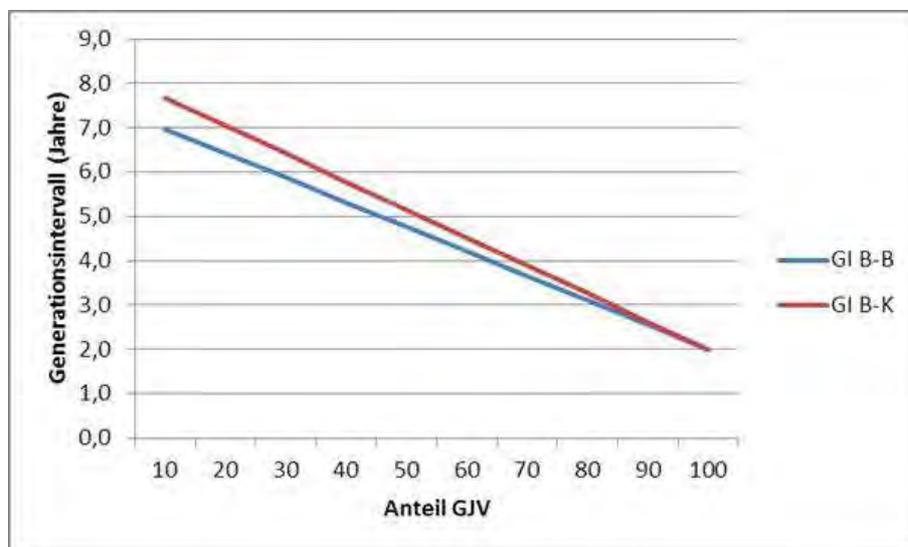


Abbildung 2: Einfluss des Anteils GJV auf das Generationsintervall (Planungsparameter aus Neuner und Götz, 2009)

Beim gegenwärtigen Niveau des Einsatzes von GJV liegt z.B. Bayern beim Fleckvieh noch bei einem Generationsintervall von 5,6 Jahren auf dem Bullenvater-Pfad und 6,2 Jahren auf dem Kuhvater-Pfad. Für Baden-Württemberg z.B. betragen die analogen Zahlen 3,7 bzw. 3,9 Jahre. Diese Diskrepanz wird sich über kurz oder

lang in einer erkennbaren genetischen Überlegenheit Baden-Württembergs manifestieren. Sicherlich ist dies nur eine Durchschnittsbetrachtung, die das Verhalten von Spitzenzuchtbetrieben nicht widerspiegelt, das gilt aber natürlich für alle betrachteten Regionen.

3.1.4 Keine neuen Leistungsprüfungen

Wenn es um zukünftigen Zuchtfortschritt geht, werden andere Merkmale zu den heutigen hinzukommen. Für diese fehlen uns vielfach noch die Leistungsprüfungen. Während im Gesundheitsbereich zumindest in Österreich ein erfolgreiches System existiert, ist die Fleckvieh- und Braunviehzucht in den Bereichen Tierwohl, Tierverhalten, Ressourceneffizienz, Resilienz und Treibhausgasemissionen schlecht aufgestellt. Zwar gibt es erste Ansätze wie die Projekte „Efficient Cow“ in Österreich oder „optiKuh“ in Deutschland, insgesamt ist die Forschung auf diesen Gebieten aber enorm teuer, was der Rasse Holstein, die allein in Europa in 23 Ländern gezüchtet wird, einen Vorteil im Hinblick auf die Anzahl möglicher Projekte verschafft.

In diesem Zusammenhang muss auch das Thema „Big Data“ erwähnt werden, das im Moment in aller Munde ist. Meine Hauptsorge ist, dass die Landwirte die Kontrolle über ihre Daten verlieren. Es wäre an der Zeit, dass man auch hier über neue, bäuerlich dominierte Organisationsformen nachdenkt, die dafür sorgen, dass langfristig die Landwirte die Oberhoheit über ihre betrieblichen Daten behalten und dass diese in ihrem Sinne auch für züchterische Zwecke nutzbar werden. Im Extremfall müssen in einigen Jahren Zuchtorganisationen die Leistungsprüfungsergebnisse von den AMS-Herstellern zurückkaufen.

3.2 Leistungsfähigkeit der organisatorischen Strukturen

Hierunter ist die Größe, die Fähigkeit zur konsequenten Umsetzung der Vorgaben im Zuchtprogramm und die finanzielle Leistungsfähigkeit der an der Zucht beteiligten Organisationen zu verstehen. Je schneller das Zuchtgeschehen abläuft, desto deutlicher kommen auch kleine Unterschiede zwischen Zuchtprogrammen zum Tragen. Gerade kleinere Programme müssen eine besonders straffe Organisation aufweisen, um nicht abgehängt zu werden. Die Trennung von Zucht und Besamung ist dabei ein Hemmnis, das es schnellstmöglich zu überwinden gilt. Die Hauptgründe für eine Vereinigung von Zucht und Besamung zu möglichst großen Einheiten (ZKB) sind:

- Die Zuchtverbände drohen im Zeitalter der Genomik ihr Kerngeschäft zu verlieren und zu reinen Kälbervermarktern zu werden,
- Die Qualität der Bullen wird homogener und Leistungsträger verbrauchen sich schneller als früher. Vermarktungskonzepte, die auf den massenhaften Absatz einzelner Bullen hinauslaufen sind nicht zukunftsfähig.
- Ein starker internationaler Trend geht in Richtung innovativer Dienstleistungen, die noch zahlreiche andere Partner umfassen. Hier sollte die ZKB auf Grund ihrer Größe und Bedeutung die dominierende Rolle beanspruchen können.
- Besamungsorganisationen sind heute gleichzeitig Anbieter und (einziger) Nachfrager von hochwertiger Genetik. Die jetzigen Strukturen behindern die KB, die Erzeugung von GJV optimal zu organisieren.
- Die Tierzuchtgesetzgebung sieht die KB als reinen Dienstleister im Zuchtprogramm der Züchtervereinigung, und dies wird sich im neuen EU-Tierzucht recht nicht ändern.
- Der Finanzbedarf heutiger Zuchtprogramme ist um ein Vielfaches höher als in der Vergangenheit. Eine gerechte Verteilung der Wertschöpfung ist am leichtesten innerhalb eines Unternehmens möglich.

3.3 Neue Umgangsformen

Bisher war die Rinderzucht durch eine große Offenheit und freie Vermarktung von Samen geprägt. Das beruhte unter anderem darauf, dass das Leistungsprüfungssystem öffentlich gefördert und getrennt von der eigentlichen Zuchtarbeit war und somit der Großteil der Kosten im Zuchtprogramm sozusagen durch Dritte gedeckt wurde. Mit der genomischen Selektion hat sich das einerseits schon dadurch geändert, dass seitens der Zucht- und Besamungsorganisationen erhebliche Investitionen in die Genotypisierung geleistet wurden. Es wird sich zukünftig fortsetzen mit neuen Leistungsprüfungen und Kuhgenotypisierungen, die dann vermutlich von Zucht und Besamung finanziert werden müssen. Das wird auch einen starken Refinanzierungsbedarf hervorrufen, der nur durch eine kontinuierlich hohe Nachfrage nach den eigenen Zuchtprodukten gedeckt werden kann.

Wesseldijk (2015) schildert in einem Beitrag in Holstein International, welche Tendenzen derzeit schon in der Holsteinzucht zu beobachten sind. Bei zahlreichen international agierenden Unternehmen werden die Top-Vererber entweder zeitverzögert oder nur noch in gesexter Form für die Allgemeinheit zugänglich gemacht. Das Ziel ist klarerweise, die ersten männlichen Nachkommen solcher Top-Vererber selbst auf den Markt zu bringen. Auch in der Fleckvieh- und Braunviehzucht sind solche Tendenzen denkbar. Österreich und Baden-Württemberg setzen intensiver auf genomische Jungvererber. Es liegt nahe, dass sie auf lange Sicht auch den Nutzen aus ihrem höheren züchterischen Risiko ziehen wollen. Es geht aber bei solchen Betrachtungen nicht nur um die Tatsache, dass einige Bullen nur noch in gesexter Form und damit teurer verfügbar werden. Das Ziel, die Nachkommen von Top-Vererbern selbst verfügbar zu haben ist auch mit den traditionellen Zucht- bzw. Aufzuchtstrukturen nicht vereinbar. Solche Systeme lassen sich am besten mit vertraglich eng an die KB gebundenen „Kooperationsherden“ umsetzen.

3.4 Ablehnung von technischem Fortschritt

Technische Fortschritte werden in Europa tendenziell langsamer aufgenommen als im Rest der Welt. Glücklicherweise gibt es außerhalb von Europa keine nennenswerten Fleckvieh-Doppelnutzungspopulationen, aber beim Braunvieh gilt das nicht. Während in den USA erste erfolgreiche Ansätze von Genome Editing in die Praxis umgesetzt werden (Harmon, 2015), beginnt in Deutschland eine zögerliche Diskussion darüber, ob solche Tiere als gentechnisch veränderte Organismen anzusehen wären oder nicht. Die Nutzung bzw. Nicht-Nutzung dieser Technik könnte zukünftig für die wichtigen Exportmärkte für Samen von erheblicher Bedeutung werden.

Ähnlich verhält es sich mit der Genotypisierung von Embryonen. Die Technik ist schon weitestgehend praxisreif, wird aber bisher bei Fleckvieh und Braunvieh nicht nachgefragt. Ein Blick auf Tabelle 1 zeigt, dass in der Bullenmütterselektion noch erhebliche Potenziale stecken, die aber nur durch Biotechnik genutzt

werden können. Da die Haltung der Empfängertiere der wichtigste Kostenfaktor bei einer intensiven ET-Nutzung von Bullenmüttern ist, kommt der Embryonengenotypisierung erhebliche Bedeutung zu. Egger-Danner et al. (2015) zeigen, dass mit dieser Technik auch der Verlust an Zuchtfortschritt durch die Selektion gegen Erbfehler ausgeglichen werden kann. Hemmend wirken sich hierbei vor allem die tradierten Organisationsformen aus, denn sie werfen komplizierte Fragen nach der Kostenverteilung auf. Denkt man unabhängig von traditionellen Strukturen, liegt die Lösung auf der Hand: Die ZKB kauft dem Landwirt Eizellen eines „gut genotypisierten“ Jungrinds ab, erzeugt selbst Embryonen, die genomisch selektiert werden, transferiert den vielversprechendsten Embryo auf ein eigenes Empfängertier und hält dieses bis zur Abkalbung. Fünfzehn Monate später ist der nächste Spitzenbulle einsatzbereit.

4 Was tun?

Angesichts der obigen Ausführungen dürfte klar sein, dass die genomische Selektion eine Umgestaltung bäuerlicher Zuchtprogramme nach sich ziehen muss. Was wir derzeit sehen, ist nur die erste Phase eines tiefgreifenden Veränderungsprozesses, die noch ziemlich erratisch verläuft. Es kommt darauf an, diesen Prozess so zu gestalten, dass zukunfts- und wettbewerbsfähige Strukturen geschaffen werden.

4.1 Rinderzucht in bäuerlicher Hand

Bäuerliche Organisationen müssen sich so aufstellen, dass sie im Wettbewerb mit rein privatwirtschaftlich organisierten Unternehmen mithalten können. Das gilt auch über Rassen hinweg, denn wenn die Lücke zu Holstein zu groß wird, ist der Bestand gefährdet. Gleichzeitig müssen die Strukturen so angelegt werden, dass sie finanziell tragfähig sind und einen deutlich reduzierten Abstimmungsaufwand zeigen. Österreich und Baden-Württemberg sind da schon weiter als Bayern. Dabei ist die schiere Größe nicht ausschlaggebend, aber schon heute zeigt sich, dass Organi-

sationen mit 100.000 Kühen alleine nicht dauerhaft ein wettbewerbsfähiges Zuchtprogramm tragen können. Kooperationen sind zwar ein Weg, setzen aber meist den Schwerpunkt auf gemeinsamen Einkauf und Vermarktung, was nicht unmittelbaren Zuchtfortschritt generiert.

4.2 Auch bäuerliche Organisationen müssen modern sein

Wer glaubt, bäuerliche Organisationen müssten sich der Tradition mehr verpflichtet fühlen als der Wettbewerbskraft, irrt. Bestand haben werden nur Organisationen, die Rinderzucht von der Population her denken und alle modernen züchterischen Möglichkeiten ausschöpfen. Der Staat kann und sollte bäuerliche Modelle finanziell unterstützen, er kann aber nicht auf Dauer immer größer werdende Wettbewerbsnachteile ausgleichen.

4.3 Leistungsprüfungen und Merkmalspektrum überdenken

Es ist absehbar, dass wesentliche Teile der Leistungsprüfung in Zukunft automatisiert und dezentral durchgeführt werden können. Das schafft bei einem gegebenen Budget für die Leistungsprüfung Freiräume für neue Merkmale, erzwingt aber auch eine Umgestaltung der Systeme. Gesundheitsmerkmale waren ein erster Schritt, Klauenpflagedaten sind eine logische Fortsetzung und Verhaltensmerkmale werden ebenfalls bereits erprobt. Die großen Schwachpunkte in der Leistungsprüfung sind derzeit Effizienz, Klimaschutz und Wohlbefinden. Diese sind nicht nur wegen der schwierigen Messbarkeit problematisch, es ist auch unklar, ob es für Klimaschutz und Wohlbefinden jemals eine angemessene Entlohnung geben wird.

Organisatorisch werden sich dabei vermutlich zwei parallele Tendenzen ergeben. Einerseits wird man mehr Merkmale sehen, die von Landwirten selbst über Smartphones erfasst werden, also sozusagen in einer Strategie mit großer Breite, aber geringer Tiefe. Andererseits stellen insbesondere Effizienz und Resilienz in der Leistungsprüfung Herausforderungen dar, die nur noch in technisch besonders ausgestatteten Herden, in denen die Datenerhebung entlohnt wird, erhoben werden können.

4.4 Voraussetzungen für Kuhgenotypisierungen schaffen

Wie oben bereits erwähnt, wird es ohne Kühe in der Lernstichprobe nicht gehen. Eigene Untersuchungen (Plieschke et al, 2016) zeigen, dass sich mit 50 zufällig ausgewählten Nachkommen pro Bulle, die genotypisiert werden, die Kalibrierungslücke ohne Qualitätsverlust schließen lässt. Erhöht man die Zahl auf 100 Nachkommen pro Bulle, könnte man sogar das Sicherheitsniveau junger nachkommegeprüfter Bullen erreichen. Das bedeutet aber auch, dass die Fleckviehzüchter die Typisierung von 20.000 - 40.000 Kühen pro Jahr finanzieren müssten. Das wird nur in einem sehr engen Verbund von Zucht und Besamung gehen.

4.5 Offen bleiben!

Wie oben ausgeführt, könnte es durchaus auch bei Fleckvieh und Braunvieh zu Tendenzen kommen, Mitbewerber (temporär) vom Zuchtfortschritt auszuschließen. Für die internationale Wettbewerbsposition wäre dies verheerend, denn angesichts der biologischen Voraussetzungen zählt jeder einzelne Punkt an Zuchtfortschritt. Die Fleckvieh- und Braunviehpopulationen sollten folglich auch weiterhin züchterisch sehr eng kooperieren, um ihre Marktanteile weltweit zu halten bzw. auszubauen.

4.6 Geschäftsmodelle überdenken

Nach wie vor setzen viele Besamungsorganisationen in der Vermarktung auf den geprüften Altbullen. Das ist zwar im Sinne der Besamungsorganisation, aber nicht im Sinne der Zuchtorganisation oder des Milcherzeugers. Ebenso falsch sind Strategien, einzelne GJV zu extrem hohen Preisen einzukaufen und massenhaft einzusetzen. Ein radikaler Wechsel auf GJV, die zu günstigen Preisen jeweils nur in kurzen Zeitfenstern verfügbar sind und somit automatisch für die gewünschte Risikostreuung sorgen wäre angebracht. Eine solche Strategie würde niedrige Kosten, hohe Effizienz, gute Linienvielfalt, geringes Risiko neuer Erbfehler und hohen Zuchtfortschritt in sich vereinen.

4.7 Arbeitsteilung andenken

Bereits heute wäre es sinnvoll, wenn die biotechnischen Möglichkeiten auch dazu genutzt würden, den Zuchtfortschritt zu optimieren. Sinnvoll wäre es beispielsweise, wenn die bessere Hälfte der Betriebe mit gesextem Sperma ausschließlich weibliche Kälber erzeugt, die dann zur eigenen Remontierung und zur Remontierung der schlechteren Hälfte der Betriebe dienen. Umgekehrt kann man die Erzeugung von Mastkälbern getrost der schlechteren Hälfte der Betriebe überlassen. Der Zuchtfortschritt auf dem Kuhmütterpfad könnte somit mehr als verdoppelt werden und in etwa das Niveau des Fortschritts auf dem Kuhväterpfad erreichen.

5. Schlussbemerkung

Ich erwarte nicht, dass die obigen Vorschläge in naher Zukunft 1:1 umgesetzt werden, aber in der Diskussion ist es hilfreich, eine Vorstellung vom idealen Zuchtprogramm zu entwickeln, der man sich dann in Teilschritten annähern kann. Ein solches Zuchtprogramm ist ein modernes Programm mit straffer Steuerung, kurzen Entscheidungswegen und einer Million Erstbesamungen pro Jahr, das innovative Merkmale in geeigneten Betrieben erhebt und die Kosten der Leistungsprüfung für klassische Merkmale begrenzt. Dabei nutzt es gleichzeitig intensiv Biotechniken und Arbeitsteilung zwischen Mitgliedsbetrieben, um eine maximale Effizienz zu erreichen und kooperiert offen mit den Mitbewerbern der gleichen Rasse.

6. Literaturverzeichnis

- Coffey M (2010): Utilising sequence data and genomics to improve novel carcass traits in beef cattle. <http://www.limousin-international.com/documents/MikeCoffey.pdf>
- Egger-Danner C, Schwarzenbacher H, Fürst C, Willam A (2015): Management von Erbfehlern im Zuchtprogramm von Fleckvieh AUSTRIA. Ergebnisse von Modellrechnungen. *Züchtungskunde* 87:210-214
- Emmerling, R. (2014): Auswertungen zum Zuchtprogramm in Bayern. Besamungsinfortagung 2014
- Götz KU, Emmerling R (2015): Positionierung der bayrischen Rassen im freien Wettbewerb. *LfL-Schriftenreihe* 5/2015: 32-44
- Harmon A (2015): Open Season Is Seen in Gene Editing of Animals. http://www.nytimes.com/2015/11/27/us/2015-11-27-us-animal-gene-editing.html?_r=0
- Krogmeier, D. (2016): Eines für Alle – oder brauchen wir verschiedene Zuchtziele? in diesem Heft Landesanstalt für die Entwicklung der Landwirtschaft und der ländlichen Räume, Schwäbisch-Gmünd (2014): Rinderreport Baden-Württemberg
- Neuner S (2009): Planungsdaten für die Zuchtplanung bei den Rinderrassen Braunvieh und Fleckvieh in Bayern. FUGATOplus BRAIN Abschlussbericht, LfL-ITZ
- Neuner S, Götz KU (2009): Strategien für die Integration von genomischer Selektion in das Rinderzuchtprogramm für Fleckvieh. *Züchtungskunde* 81:312-327
- Neuner S, Götz KU (2011): Auswirkungen der genomischen Selektion auf den Zuchtfortschritt in funktionalen Merkmalen. *Züchtungskunde* 83:350-360
- Plieschke L, Edel C, Pimentel ECG, Emmerling R, Bennewitz J, Götz KU (2016): Systematic genotyping of cow groups to improve genomic breeding values of young candidates. GSE (in prep.)
- Schaeffer LR (2006): Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. *J Anim Breed Genet* 123:218-223
- Wesseldijk B (2015): Immer mehr Topbullen nicht mehr frei erhältlich. *Holstein International* 11/2015

Veranstalter des ZAR-Seminars

RINDERZUCHT AUSTRIA

Organisiert in Zusammenarbeit mit:

ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH
Dresdner Straße 89/19, A-1200 Wien

Institut für Nutztierwissenschaften
Universität für Bodenkultur
Gregor Mendel Straße 33, A-1180 Wien



Gefördert aus Mitteln des BMLFUW:



Medieninhaber und Herausgeber:

Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter (ZAR)
Dresdner Straße 89/19, 1200 Wien

Für den Inhalt verantwortlich:

Die jeweiligen AutorInnen

Layout Umschlag:

DI Lukas Kalcher, ZAR

Redaktion:

Dr. Christian Fürst, ZuchtData

Druck: www.digitaldruck.at



**ZAR – ZENTRALE ARBEITSGEMEINSCHAFT
ÖSTERREICHISCHER RINDERZÜCHTER**

1200 Wien, Dresdner Straße 89/19
Tel. + 43 1 33 17 21 0
Fax + 43 1 33 17 13
E-mail: info@zar.at