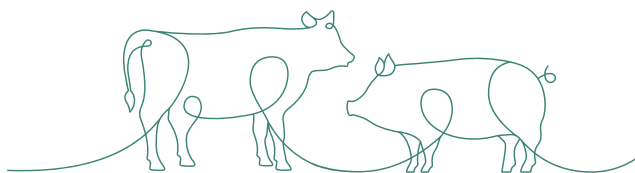


JONAS HEROLD

---

Entwicklung von Selektionsinstrumenten für Milchrinder  
und Schweine in heterogenen sozial-ökologischen  
Systemen mit Anwendungspotenzial für vom Aussterben  
bedrohte Rassen und kleinbäuerliche Betriebsstrukturen

Optimierung von Zuchtwertschätzverfahren für  
heterogene sozial-ökologische Systeme



INAUGURAL-DISSERTATION  
zur Erlangung des Doktorgrades (Dr. agr.)  
im Fachbereich Agrarwissenschaften, Ökotrophologie und  
Umweltmanagement der Justus-Liebig-Universität Gießen



*edition orientierung*  
VVB LAUFERSWEILER VERLAG

**Das Werk ist in allen seinen Teilen urheberrechtlich geschützt.**

**Die rechtliche Verantwortung für den gesamten Inhalt dieses Buches liegt ausschließlich bei dem Autoren dieses Werkes.**

Jede Verwertung ist ohne schriftliche Zustimmung der Autoren oder des Verlages unzulässig. Das gilt insbesondere für Vervielfältigungen, Übersetzungen, Mikroverfilmungen und die Einspeicherung in und Verarbeitung durch elektronische Systeme.

1. Auflage 2023

All rights reserved. No part of this publication may be reproduced, stored in a retrieval system, or transmitted, in any form or by any means, electronic, mechanical, photocopying, recording, or otherwise, without the prior written permission of the Authors or the Publisher.

1<sup>st</sup> Edition 2023

© 2023 by VVB LAUFERSWEILER VERLAG, Giessen  
Printed in Germany



*édition scientifique*  
**VVB LAUFERSWEILER VERLAG**

STAUFENBERGRING 15, 35396 GIESSEN, GERMANY  
Tel: 0641-5599888 Fax: 0641-5599890  
email: [redaktion@doktorverlag.de](mailto:redaktion@doktorverlag.de)

[www.doktorverlag.de](http://www.doktorverlag.de)

Aus dem Institut für Tierzucht und Haustiergenetik  
Professur für Tierzüchtung  
der Justus-Liebig-Universität Gießen

---

**Entwicklung von Selektionsinstrumenten für Milchrinder und  
Schweine in heterogenen sozial-ökologischen Systemen mit  
Anwendungspotenzial für vom Aussterben bedrohte Rassen und  
kleinbäuerliche Betriebsstrukturen**

Optimierung von Zuchtwertschätzverfahren für  
heterogene sozial-ökologische Systeme

**INAUGURAL-DISSERTATION**

zur Erlangung des Doktorgrades (Dr. agr.)  
im Fachbereich Agrarwissenschaften, Ökotrophologie und  
Umweltmanagement der Justus-Liebig-Universität Gießen

vorgelegt von

**Jonas Herold**

aus Biehlen

Gießen, 2022

Mit Genehmigung des Fachbereiches Agrarwissenschaften, Ökotropologie und  
Umweltmanagement der Justus-Liebig-Universität Gießen

Dekan: Prof. Dr. Klaus Eder

**Prüfungskommission**

1. Gutachter:	Prof. Dr. Sven König
2. Gutachter:	Prof. Dr. Dirk Hinrichs
Prüfer:	Prof. Dr. Andreas Gattinger
Prüfer:	Prof. Dr. Horst Brandt
Vorsitzende:	Prof. Dr. Gesine Lühken

Tag der Disputation: 27.02.2023

Das Projekt wurde aus Mitteln des Zweckvermögens der Bundesregierung bei der Landwirtschaftlichen Rentenbank gefördert (Förderkennzeichen: 313-06.01-28-RZ-3.061).

Teile dieser Arbeit wurden bereits veröffentlicht:

Herold, J., Brügemann, K., König, S. (2021): Herd clustering strategies and corresponding genetic evaluations based on social-ecological characteristics for a local endangered cattle breed. *Archives Animal Breeding* 64, 187-198, <https://doi.org/10.5194/aab-64-187-2021>



**Inhaltsverzeichnis**

<b>Tabellenverzeichnis</b> .....	<b>IV</b>
<b>Abbildungsverzeichnis</b> .....	<b>VIII</b>
<b>Anhangsverzeichnis</b> .....	<b>X</b>
<b>Abkürzungsverzeichnis</b> .....	<b>XI</b>
<b>Zusammenfassung</b> .....	<b>XIII</b>
<b>Summary</b> .....	<b>XVII</b>
<b>1. Einleitung</b> .....	<b>1</b>
<b>2. Literaturübersicht</b> .....	<b>2</b>
2.1 Bedeutung bedrohter Rassen.....	2
2.2 Grundlagen der Zuchtwertschätzung.....	5
2.2.1 Besonderheiten der Zucht in kleinstrukturierten Populationen.....	8
2.2.2 Modellierung von Umwelteffekten.....	11
2.3 Multivariate Analyseverfahren in der Tierzucht.....	13
2.3.1 Grundlagen und Ziele der Clusteranalyse.....	14
2.3.2 Proximitätsmaße clusteranalytischer Verfahren.....	15
2.3.3 Clustermethoden.....	16
2.3.3.1 Agglomerative hierarchische Clusterung.....	16
2.3.3.2 Partitionierung um Medoiden (k-medoids).....	16
2.3.3.3 Fuzzy-Clusterung.....	17
2.3.3.4 Clusterung von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clusterung.....	17
2.3.4 Evaluierungskriterium clusteranalytischer Verfahren.....	19
2.3.5 Anwendung clusteranalytischer Verfahren im landwirtschaftlichen Kontext.....	20
2.4 Beschreibung der ausgewählten Rassen und Merkmale.....	23
2.4.1 Beschreibung der verwendeten Rinderrassen.....	23
2.4.2 Beschreibung der verwendeten Schweinerassen.....	25
2.4.3 Beschreibung der analysierten Merkmale - Rind.....	28
2.4.3.1 Produktionsmerkmale.....	28
2.4.3.2 Fruchtbarkeitsmerkmale.....	29
2.4.3.3 Funktionale Merkmale und Gesundheitsindikatoren.....	30
2.4.3.4 Methanemissionen.....	34
2.4.4 Beschreibung der analysierten Merkmale - Schwein.....	35
2.4.4.1 Produktionsmerkmale.....	36

2.4.4.2 Fruchtbarkeitsmerkmale.....	36
2.4.4.3 Funktionale Merkmale.....	37
<b>3. Material und Methoden.....</b>	<b>39</b>
3.1 Auswahl der Betriebe, Phänotypisierung und Datenmaterial.....	39
3.1.1 Phänotypisierung und Datenmaterial - Rind.....	39
3.1.1.1 Pedigree.....	39
3.1.1.2 Produktionsmerkmale.....	40
3.1.1.3 Fruchtbarkeitsmerkmale.....	40
3.1.1.4 Funktionale Merkmale.....	41
3.1.1.5 Methanmerkmale.....	42
3.1.2 Phänotypisierung und Datenmaterial - Schwein.....	43
3.1.2.1 Pedigree.....	43
3.1.2.2 Fleisch- und Schlachtleistungsmerkmale.....	44
3.1.2.3 Fruchtbarkeitsmerkmale.....	45
3.1.2.4 Funktionale Merkmale.....	46
3.2 Betriebscharakterisierung.....	47
3.3 Datenaufbereitung und -verarbeitung.....	49
3.4 Clusteranalyseverfahren.....	49
3.5 Schätzung genetischer Parameter und Zuchtwerte unter Berücksichtigung von Betriebstypeneffekten.....	51
3.6 Analyse von Genotyp-Umwelt-Interaktionen unter Berücksichtigung von Betriebstypen.....	56
3.7 Analyse der Populationsstruktur.....	57
<b>4. Ergebnisse.....</b>	<b>58</b>
4.1 Ergebnisdarstellung - Rind.....	58
4.1.1 Clusterung.....	58
4.1.2 Vergleich der gebildeten Betriebstypen.....	68
4.1.3 Vergleich unterschiedlicher genetisch-statistischer Modelle.....	70
4.1.4 Varianzkomponentenschätzung und Heritabilitäten.....	74
4.1.5 Vergleich der Zuchtwertschätzung zwischen konventioneller und neukonzipierter Modellierung.....	79
4.1.6 Populationsstruktur.....	86
4.1.7 Genotyp-Umwelt-Interaktion.....	92
4.1.8 Rangvergleich.....	93
4.2 Ergebnisdarstellung - Schwein.....	95

4.2.1 Clusterung .....	95
4.2.2 Vergleich der gebildeten Betriebstypen .....	100
4.2.3 Varianzkomponentenschätzung und Heritabilitäten .....	103
4.2.4 Vergleich der Zuchtwertschätzung zwischen konventioneller und neukonzipierter Modellierung .....	107
4.2.5 Populationsstruktur .....	109
4.2.6 Genotyp-Umwelt-Interaktion .....	111
4.2.7 Rangvergleich .....	112
<b>5. Diskussion .....</b>	<b>114</b>
5.1 Clusterung .....	114
5.2 Vergleich der gebildeten Betriebstypen .....	120
5.3 Vergleich unterschiedlicher genetisch-statistischer Modelle .....	127
5.4 Varianzkomponentenschätzung und Heritabilitäten .....	129
5.5 Vergleich der Zuchtwertschätzung zwischen konventioneller und neukonzipierter Modellierung .....	137
5.6 Populationsstruktur .....	140
5.7 Genotyp-Umwelt-Interaktion .....	147
5.8 Rangvergleich .....	149
<b>6. Schlussfolgerungen .....</b>	<b>151</b>
<b>7. Literaturverzeichnis .....</b>	<b>152</b>
<b>8. Anhang .....</b>	<b>177</b>
Anhang I Fragebogen Rind .....	177
Anhang II Fragebogen Schwein .....	186
Anhang III Vergleich der gebildeten Betriebstypen - Rind .....	188
Anhang IV Varianzkomponentenschätzung und Heritabilitäten - Rind .....	189
Anhang V Vergleich der Zuchtwertschätzung zwischen konventioneller und neukonzipierter Modellierung - Rind .....	191
Anhang VI Varianzkomponentenschätzung und Heritabilitäten - Schwein .....	192
Anhang VII Vergleich der Zuchtwertschätzung zwischen konventioneller und neukonzipierter Modellierung - Schwein .....	193
<b>Danksagung .....</b>	<b>194</b>
<b>Erklärung .....</b>	<b>196</b>

**Tabellenverzeichnis**

Tabelle 1: Gefährdungskategorie der einheimischen Nutzierrassen (modifiziert nach BLE, 2019)..... 9

Tabelle 2: Übersicht einiger Clusterungsansätze von Betrieben/Herden in der Literatur (modifiziert nach Herold et al., 2021) ..... 22

Tabelle 3: Genetische Korrelationen zwischen dem Body-Condition-Score (BCS) und Fruchtbarkeitsmerkmalen ..... 33

Tabelle 4: Bewertungsschemata zur Lahmheitsbeurteilung (Sprecher et al., 1997)..... 34

Tabelle 5: Übersicht der wichtigsten Merkmale der Methoden zur Messung des Methanausstoßes von Einzeltieren<sup>1</sup> (Garnsworthy et al., 2019)..... 35

Tabelle 6: Übersicht der Beobachtungen der Milchleistungsprüfung für die Jahre 2012 bis 2018 für die Rassen Deutsches Schwarzbuntes Niederungsring (DSN) und Holstein Friesian (HF) für die Laktationen 1 bis 3. .... 40

Tabelle 7: Übersicht der Fruchtbarkeitsmerkmale (Erstbelegungs-erfolg und Rastzeit) für die Jahre 2012 bis 2018 für die Rassen Deutsches Schwarzbuntes Niederungsring (DSN) und Holstein Friesian (HF). .... 41

Tabelle 8: Übersicht der phänotypisierten Tiere hinsichtlich funktionaler Merkmale der Rassen Deutsches Schwarzbuntes Niederungsring (DSN) und Holstein Friesian (HF). .... 42

Tabelle 9: Anzahl der Methanmessungen pro Betrieb innerhalb der Laktationen 1 bis  $\geq 5$ .... 43

Tabelle 10: Verteilung der Fleisch- und Schlachtqualitätsmerkmale nach Geschlecht innerhalb der Betriebe. .... 45

Tabelle 11: Übersicht der Fruchtbarkeitsmerkmale, durchschnittlich geborene bzw. abgesetzte Ferkel sowie die durchschnittliche Zitzenzahl der Sauen..... 46

Tabelle 12: Übersicht der beurteilten Tiere hinsichtlich der Merkmale Verhalten, Fundament, Bemuskulung und Exterieur innerhalb der Geschlechtskategorien weiblich, männlich und Kastrat..... 47

Tabelle 13: Aufbau der unterschiedlichen univariaten Modellierungen für die Tierart Rind. Gleiche oder ähnliche Merkmale in unterschiedlichen Modellen wurden mit identischen Indizes versehen. .... 53

Tabelle 14: Beschreibung der einzelnen Modellparameter der verschiedenen Modelle in Tabelle 13 für die Tierart Rind. .... 53

Tabelle 15: Aufbau der unterschiedlichen univariaten Modellierungen für die Tierart Schwein. Gleiche oder ähnliche Merkmale in unterschiedlichen Modellen wurden mit identischen Indizes versehen. .... 55

Tabelle 16: Beschreibung der einzelnen Modellparameter der verschiedenen Modelle in Tabelle 15 für die Tierart Schwein. .... 55

Tabelle 17: Anteil der Hauptkriterien in den jeweiligen Betriebstypen basierend auf der Clusterung von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clusterung (CoVAHC). Der Fisher's Exact Test mit Freeman-Halton-Erweiterung wurde für qualitative Merkmale und der Kruskal-Wallis Test für quantitative Merkmale verwendet, um Unterschiede zwischen den Betriebstypen zu identifizieren. ....	66
Tabelle 18: Least Square Means und Standardfehler von Produktions- und Fruchtbarkeitsmerkmalen sowie Gesundheitsindikatoren der ersten drei Laktationen für die vier Betriebstypen unter Verwendung der Clusterung von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clusterung (CoVAHC).....	69
Tabelle 19: Least Square Means und Standardfehler der Methanmerkmale für zwei Betriebstypen unter Verwendung der Clusterung von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clusterung (CoVAHC).....	70
Tabelle 20: Varianzkomponenten ( $\sigma_a^2$ = additiv-genetische Varianz, $\sigma_{pu}^2$ = permanente Umweltvarianz, $\sigma_e^2$ = Restvarianz), Verhältnis Restvarianz zur Gesamtvarianz (Ratio), Heritabilität ( $h^2$ ) sowie die Wiederholbarkeit (W) für Produktionsmerkmale und Gesundheitsindikatoren stratifiziert nach der Modellierung der Zeitgefährtengruppe als Kombination aus Betrieb oder Betriebstyp mit dem Testtag bzw. dem Testmonat (zugehörige Standardfehler in Klammern).....	75
Tabelle 21: Varianzkomponenten ( $\sigma_a^2$ = additiv-genetische Varianz, $\sigma_{pu}^2$ = permanente Umweltvarianz, $\sigma_e^2$ = Restvarianz), Verhältnis Restvarianz zur Gesamtvarianz (Ratio), Heritabilität ( $h^2$ ) sowie die Wiederholbarkeit (W) für Fruchtbarkeitsmerkmale stratifiziert nach der Modellierung mit Betrieb bzw. Betriebstyp (zugehörige Standardfehler in Klammern).....	77
Tabelle 22: Varianzkomponenten ( $\sigma_a^2$ = additiv-genetische Varianz, $\sigma_e^2$ = Restvarianz), Verhältnis Restvarianz zur Gesamtvarianz (Ratio), Heritabilität ( $h^2$ ) für ausgewählte funktionale Merkmale (Body-Condition-Score, Sauberkeit und Lahmheit) stratifiziert nach der Modellierung der Zeitgefährtengruppe als Kombination aus Betrieb oder Betriebstyp mit dem Testtag bzw. dem Testmonat sowohl als lineares Modell als auch als Schwellwert-Modell (zugehörige Standardfehler in Klammern).....	78
Tabelle 23: Mittlere Zuchtwerte (ZW, als Naturalzuchtwert) und deren Sicherheiten ( $R^2$ ) für Produktionsmerkmale und Gesundheitsindikatoren für die Gesamtpopulation sowie die Bullenpopulation stratifiziert nach der Modellierung der Zeitgefährtengruppe als Kombination aus Betrieb oder Betriebstyp (BT) mit dem Testtag bzw. dem Testmonat (zugehörige Standardfehler in Klammern). Die Differenz der Zuchtwertsicherheiten ( $\Delta R^2$ ) ergibt sich aus der Differenz zwischen Betriebs- und Betriebstypvariante.....	80
Tabelle 24: Mittlere Zuchtwerte (ZW, als Naturalzuchtwert) und deren Sicherheiten ( $R^2$ ) von Fruchtbarkeitsmerkmalen für die Gesamtpopulation sowie die Bullenpopulation stratifiziert nach Modelleffekt Betrieb bzw. Betriebstyp (zugehörige Standardfehler in Klammern). Die Differenz der Zuchtwertsicherheiten ( $\Delta R^2$ ) ergibt sich aus der Differenz zwischen Betriebs- und Betriebstypvariante. ....	82
Tabelle 25: Mittlere Zuchtwerte (ZW, als Naturalzuchtwert) und deren Sicherheiten ( $R^2$ ) für funktionale Merkmale für die Gesamtpopulation stratifiziert nach Modelleffekt Betrieb bzw. Betriebstyp sowohl im linearen Modell als auch im Schwellwert-Modell(zugehörige Standardfehler in Klammern). Die Differenz der	

Zuchtwertsicherheiten ( $\Delta R^2$ ) ergibt sich aus der Differenz zwischen Betriebs- und Betriebstypvariante.....	83
Tabelle 26: Anzahl der Zeitgefährtengruppen (ZGG) sowie Mittelwert (Standardfehler), Minimum und Maximum der ZGG-Besetzung und Anzahl schwach besetzter ZGG bei divergierenden ZGG-Zusammensetzungen.....	87
Tabelle 27: Effektive Töchterzahl (Standardfehler), Anzahl Bullen mit/ohne Töchterinformationen, durchschnittliche Anzahl Testtagsbeobachtungen je Bulle, durchschnittliche Anzahl Töchter mit Leistungen je Bulle bezogen auf Produktionsmerkmale, Inzuchtkoeffizient (Inzucht; F) und mittlere Verwandtschaft ( $R_{xy}$ ) der Tiere innerhalb der einzelnen Betriebe bzw. Betriebstypen.....	88
Tabelle 28: Heritabilität (Diagonale), genetische Korrelationen (oberhalb der Diagonalen) und phänotypische Korrelationen (unterhalb der Diagonalen) zwischen den vier Betriebstypen für das Merkmal Milchmenge. Angaben in den Klammern entsprechen den Standardfehlern.....	93
Tabelle 29: Rangierung von Bullen (absteigend nach Zuchtwert) mit mind. 70 Nachkommen (über alle Betriebstypen hinweg) mit Leistungsinformationen im Merkmal Milchmenge. Die Rangierung im Betriebstyp 1 dient als Referenz für die übrigen Betriebstypen. Die Betriebstypen basieren auf einer hierarchischen Clusterung mit vorheriger Variablenclusterung. HF = Holstein Friesian; DSN = Deutsches Schwarzbuntes Niederungsring; nNK = Anzahl Nachkommen; $R^2$ = Sicherheit der geschätzten Zuchtwerte. ....	94
Tabelle 30: Least Square Means und Standardfehler für Merkmale der Schlacht- und Fleischqualität sowie der Fruchtbarkeit und funktionale Merkmale (linear und logistische Modellierung) innerhalb der drei Betriebstypen unter Verwendung der Clusterung von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clusterung (CoVAHC).....	102
Tabelle 31: Varianzkomponenten ( $\sigma_a^2$ = additiv-genetische Varianz, $\sigma_{pU}^2$ = permanente Umweltvarianz, $\sigma_e^2$ = Restvarianz), Heritabilität ( $h^2$ ) sowie das Verhältnis Restvarianz zur Gesamtvarianz (Ratio) für Schlacht- und Fleischqualitätsmerkmale sowie funktionale Merkmale (linear und logistisch), stratifiziert nach dem Modelleffekt Betrieb bzw. Betriebstyp (zugehörige Standardfehler in Klammern).....	104
Tabelle 32: Varianzkomponenten ( $\sigma_a^2$ = additiv-genetische Varianz, $\sigma_{pU}^2$ = permanente Umweltvarianz, $\sigma_v^2$ = Ebervarianz, $\sigma_e^2$ = Restvarianz), Heritabilität ( $h^2$ ) sowie das Verhältnis Restvarianz zur Gesamtvarianz (Ratio) für Fruchtbarkeitsmerkmale, stratifiziert nach dem Modelleffekt Betrieb bzw. Betriebstyp (zugehörige Standardfehler in Klammern).....	106
Tabelle 33: Genetische (oben) und phänotypische (unten) Korrelationen der <i>in vivo</i> ( <i>i.v.</i> ) erfassten Merkmale (Rückenmuskeldicke = Muskel bzw. Rückenspeckdicke = Speck) mit den korrespondierenden <i>post mortem</i> ( <i>p.m.</i> ) erfassten Merkmalen. ....	106
Tabelle 34: Zuchtwerte (ZW, als Naturalzuchtwert) und deren Genauigkeiten (R) für Schlacht- und Fleischqualitätsmerkmale sowie funktionale Merkmale (linear und logistisch) und Fruchtbarkeitsmerkmale für die Gesamtpopulation sowie die Eberpopulation, stratifiziert nach dem Modelleffekt Betrieb bzw. Betriebstyp	

(zugehörige Standardfehler in Klammern). Die Differenz der Zuchtwertgenauigkeiten ( $\Delta R$ ) ergibt sich aus der Differenz zwischen Betriebs- und Betriebstypvariante..... 108

Tabelle 35: Effektive Töchterzahl (Standardfehler), Anzahl Eber mit/ohne Töchterinformationen bezogen auf Fruchtbarkeitsmerkmale, Inzuchtkoeffizient (Inzucht; F) und mittlere Verwandtschaft ( $R_{xy}$ ) der Tiere innerhalb der einzelnen Betriebe bzw. Betriebstypen..... 110

Tabelle 36: Heritabilität (Diagonale), genetische Korrelationen (oberhalb der Diagonalen) und phänotypische Korrelationen (unterhalb der Diagonalen) zwischen den drei Betriebstypen für die Merkmale lebendgeborene bzw. abgesetzte Ferkel. Angaben in den Klammern entsprechen den Standardfehlern..... 112

Tabelle 37: Rangierung von Ebern (höchste Zuchtwerte) mit mind. 50 Nachkommen (über alle Betriebstypen hinweg) mit Leistungsinformationen im Merkmal lebendgeborene Ferkel. Die Rangierung im Betriebstyp 1 dient als Referenz für die übrigen Betriebstypen. Die Betriebstypen basieren auf einer hierarchischen Clusterung mit vorheriger Variablenclusterung.  $nN_k$  = Anzahl der Nachkommen; R = Genauigkeiten der geschätzten Zuchtwerte..... 113

**Abbildungsverzeichnis**

Abbildung 1: Zielkonflikt bei der züchterischen Bearbeitung kleiner Rassen (Hartwig und Bennewitz, 2014)..... 10

Abbildung 2: Beispielhafte Visualisierung der Clusterzugehörigkeiten durch Anwendung verschiedener Clustermethoden bei identischen Ausgangsdaten (modifiziert nach Bracholdt, 2009). ..... 19

Abbildung 3: Entwicklung der Zuchttierpopulationen (männlich/weiblich getrennt) der Rassen Deutsches Schwarzbuntes Niederungsring und Holstein Friesian (rotbunt und schwarzbunt) seit 1997 (TGRDEU, 2021b). ..... 25

Abbildung 4: Entwicklung der Zuchttierpopulationen (männlich/weiblich getrennt) der Rassen Bunte Bentheimer und Leicoma seit 1997 (TGRDEU, 2021b). ..... 27

Abbildung 5: Bestandszahlen des „Nordschwein e.V.“ für die Rasse Bunte Bentheimer innerhalb der Geburtsjahrgänge zwischen 1984 und 2019..... 44

Abbildung 6: Maximale durchschnittliche Silhouettenweite (dSW) sowie die dabei verwendete Anzahl gebildeter Betriebstypen (Farben) bei der „Clustering von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clustering“ (CoVAHC) bei unterschiedlicher Anzahl gebildeter Variablencluster ( $C_k = 2$  bis  $C_k = 100$ )..... 59

Abbildung 7: Durchschnittliche Silhouettenweite (dSW) der verschiedenen Clustermethoden bei unterschiedlicher Anzahl zu bildender Betriebstypen; AHC = hierarchische Clustering, PAM = Partitionierung um Medoide, FZC = Fuzzy Clustering, CoVAHC = Clustering von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clustering (Bildung von drei Variablenclustern  $C_k = 3$ ), gestrichelte Linien = geglätteter Mittelwert, senkrechte gestrichelte Linie = optimale Anzahl an Betriebstypen ..... 60

Abbildung 8: Silhouettenweite der Betriebe bei der Gruppierung von vier Betriebstypen unter Anwendung einer agglomerativen hierarchischen Clustering (AHC), einer Partitionierung um Medoide (PAM), einer Fuzzy-Clustering (FZC) und einer Clustering von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clustering (CoVAHC; Bildung von drei Variablenclustern  $C_k = 3$ ). Die Farbgebung und Nummerierung der Betriebstypen für AHC, PAM und FZC wurde so gewählt, dass möglichst viele Betriebe mit den Betrieben der Betriebstypen von CoVAHC übereinstimmen. .... 61

Abbildung 9: Dendrogramm der charakterisierten 30 Betriebe, gruppiert durch eine Clustering von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clustering (CoVAHC;  $C_k = 3$ )..... 62

Abbildung 10: Vergleich der Berechnungen getrennt nach Rassen (Deutsches Schwarzbuntes Niederungsring (DSN):  $n = 71.831$ , Holstein Friesian (HF):  $n = 116.225$ ) bzw. der gemeinsamen Berücksichtigung beider Rassen (DSN + HF:  $n = 188.056$ ) im Modell anhand der Sicherheit ( $R^2$ , oben) und des Ratio-Wertes (unten) differenziert nach dem Modelleffekt Betrieb (rot) bzw. Betriebstyp (grün) sowohl für das Merkmal Milchmenge (Punkt) als auch den Somatic-Cell-Score (Dreieck) jeweils für die mit dem Betrieb kombinierten Effekte Testtag (links) und Testmonat (rechts). .... 71

Abbildung 11: Vergleich der Berechnungen unter Berücksichtigung der Einzeleffekte „Betrieb“ bzw. „Betriebstyp“, der Nutzung des Effektes „Betrieb genestet im Betriebstyp“ sowie der gemeinsamen Verwendung von Betrieb und Betriebstyp im selben Modell anhand der Sicherheit ( $R^2$ , oben) und des Ratio-Wertes (unten), sowohl für das Merkmal Milchmenge (roter Punkt) als auch den Somatic-Cell-Score (grünes Dreieck) jeweils für die mit Betrieb kombinierten Effekte Testtag (links) und Testmonat (rechts).....	73
Abbildung 12: Sicherheit der geschätzten Bullenzuchtwerte der Merkmale Milchmenge (oben) und Somatic-Cell-Score (unten) in Abhängigkeit der verfügbaren Töchterinformationen (Anzahl Nachkommen) für die vier Zeitgeführten Modellierungsvarianten: Betrieb + Testtag; Betrieb + Testmonat, Betriebstyp + Testtag, Betriebstyp + Testmonat (unterschiedliche Linientypen dienen der Visualisierung). .....	85
Abbildung 13: Least Square Means für Milchmenge [kg] und Somatic-Cell-Score in Abhängigkeit der Inzuchtkoeffizienten innerhalb der Betriebstypen unter Verwendung des Testtages.....	90
Abbildung 14: Durchschnittliche Inzuchtkoeffizienten in Abhängigkeit der Betriebstypen für die Geburtsjahre 2005 bis 2016 (2014) für die Rassen Deutsches Schwarzbuntes Niederungsrind (DSN) und Holstein Friesian (HF), jeweils geschlechtsspezifisch separiert. Gepunktete Linien entsprechen dem allgemeinen Trend des jeweiligen BT. ....	92
Abbildung 15: Maximale durchschnittliche Silhouettenweite (dSW) sowie die dabei verwendete Anzahl gebildeter Betriebstypen (Farben) bei der „Clustering von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clustering“ (CoVAHC) bei unterschiedlicher Anzahl gebildeter Variablencluster ( $C_k = 2$ bis $C_k = 13$ ), für den Datensatz 1, welcher alle charakterisierten Bunte Bentheimer-Betriebe enthält und für Datensatz 2, welcher nur Betriebe mit phänotypischer Leistung für Fleischqualitätsmerkmale bzw. funktionale Merkmale enthält.....	96
Abbildung 16: Anordnung der Variablen in Form eines Dendrogramms nach Variablenclustering. Die roten Umrandungen kennzeichnen die Zugehörigkeit der Variablen bei $C_k = 2$ . .....	97
Abbildung 17: Durchschnittliche Silhouettenweite (dSW) der verschiedenen Clustermethoden bei unterschiedlicher Anzahl zu bildender Betriebstypen für den Datensatz 1, welcher alle charakterisierten Bunte Bentheimer-Betriebe enthält und für Datensatz 2, welcher nur Betriebe mit phänotypischer Leistung für Fleischqualitätsmerkmale bzw. funktionale Merkmale enthält; AHC = agglomerative hierarchische Clustering, PAM = Partitionierung um Medoide, FZC = Fuzzy Clustering, CoVAHC = Clustering von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clustering (Bildung von drei Variablenclustern $C_k = 3$ ), gestrichelte Linien = geglätteter Mittelwert, senkrechte gestrichelte Linie = optimale bzw. verwendete (Datensatz 2) Anzahl an Betriebstypen.....	98
Abbildung 18: Dendrogramm der charakterisierten 21 Betriebe (Datensatz 2) mit Fleischqualitätsmerkmalen bzw. funktionalen Merkmalen, gruppiert durch eine Clustering von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clustering (CoVAHC; $C_k = 3$ ).....	100

**Anhangsverzeichnis**

Anhang Tabelle 1: Stichwortartige Fragestellungen und Antwortmöglichkeiten des zur Charakterisierung verwendeten Fragebogens innerhalb der rinderhaltenden Betriebe..... 177

Anhang Tabelle 2: Stichwortartige Fragestellungen und Antwortmöglichkeiten des zur Charakterisierung verwendeten Fragebogens innerhalb der schweinehaltenden Betriebe.  
..... 186

Anhang Tabelle 3: Least Square Means und Standardfehler der Methanmerkmale für drei Betriebe..... 188

Anhang Tabelle 4: Tabelle 22 (Fortsetzung): Varianzkomponenten ( $\sigma_a^2$  = additiv-genetische Varianz,  $\sigma_e^2$  = Restvarianz), Verhältnis Restvarianz zur Gesamtvarianz (Ratio), Heritabilität ( $h^2$ ) für funktionale Merkmale (Sauberkeit) stratifiziert nach der Modellierung der Zeitgefährtengruppe als Kombination aus Betrieb oder Betriebstyp mit dem Testtag bzw. dem Testmonat sowohl als lineares Modell als auch als Schwellwert-Modell (zugehörige Standardfehler in Klammern). ..... 189

Anhang Tabelle 5: Tabelle 25 (Fortsetzung): Zuchtwerte (ZW, als Naturalzuchtwert) und deren Sicherheiten ( $R^2$ ) für funktionale Merkmale für die Gesamtpopulation stratifiziert nach Modelleffekt Betrieb bzw. Betriebstyp sowohl im linearen Modell als auch im Schwellwert-Modell. Die Differenz der Zuchtwertsicherheiten ( $\Delta R^2$ ) ergibt sich aus der Differenz zwischen Betriebs- und Betriebstypvariante (zugehörige Standardfehler in Klammern)..... 191

Anhang Tabelle 6: Tabelle 31 (Fortsetzung): Varianzkomponenten ( $\sigma_a^2$  = additiv-genetische Varianz,  $\sigma_{pU}^2$  = permanente Umweltvarianz,  $\sigma_e^2$  = Restvarianz), Heritabilität ( $h^2$ ) sowie das Verhältnis Restvarianz zur Gesamtvarianz (Ratio) für Schlachtqualitätsmerkmale sowie funktionale Merkmale (linear und logistisch), stratifiziert nach dem Modelleffekt Betrieb bzw. Betriebstyp (zugehörige Standardfehler in Klammern)..... 192

Anhang Tabelle 7: Tabelle 34 (Fortsetzung): Zuchtwerte (ZW, als Naturalzuchtwert) und deren Genauigkeiten (R) für Schlacht- und Fleischqualitätsmerkmale sowie funktionale Merkmale (linear und logistisch) und Fruchtbarkeitsmerkmale für die Gesamtpopulation sowie die Eberpopulation, stratifiziert nach dem Modelleffekt Betrieb bzw. Betriebstyp (zugehörige Standardfehler in Klammern). Die Differenz der Zuchtwertgenauigkeiten ( $\Delta R$ ) ergibt sich als der Differenz zwischen Betriebs- und Betriebstypvariante..... 193

**Abkürzungsverzeichnis**

$\sigma_a^2$	=>	Additiv-genetische Varianz
$\sigma_{pU}^2$	=>	Permanente Umweltvarianz
$\sigma_c^2$	=>	Restvarianz
$\sigma_v^2$	=>	Ebervarianz
AHC	=>	Agglomerative hierarchische Clusterung
BB	=>	Bunte Bentheimer Schweine
BCS	=>	Body-Condition-Score
BLE	=>	Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
BLUP	=>	Best linear unbiased predictor
BP	=>	Bullenpopulation
BT	=>	Betriebstyp
CoVAHC	=>	Clusterung von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clusterung
DGfZ	=>	Deutschen Gesellschaft für Züchtungskunde e.V.
DIM	=>	Tage in Milch (bzw. engl.: Days in milk)
DSN	=>	Deutsches Schwarzbuntes Niederungsgrind
dSW	=>	Durchschnittliche Silhouettenweite
EBE	=>	Erstbesamungserfolg
EP	=>	Eberpopulation
F	=>	Inzucht
FAO	=>	Food and Agriculture Organization of the United Nations
FEQ	=>	Fett-Eiweiß-Quotient
Fkg	=>	Fettmenge [kg]
FPr	=>	Fettgehalt [%]
FZC	=>	Fuzzy-Clusterung
GbR	=>	Gesellschaft bürgerlichen Rechts
GmbH	=>	Gesellschaft mit beschränkter Haftung
GP	=>	Gesamtpopulation
GUI	=>	Genotyp-Umwelt-Interaktion
$h^2$	=>	Heritabilität/Erblichkeit
HF	=>	Holstein Friesian-Kühe
ICAR	=>	International Committee for Animal Recording
i.v.	=>	<i>in vivo</i>

## Abkürzungsverzeichnis

---

KB	=>	Künstliche Besamung
Lei	=>	Leicoma
LMD	=>	Laser-Methan-Detektor
MCA	=>	Multiple Korrespondenz-Analyse
MHS	=>	Maligne Hyperthermie-Syndrom
Mkg	=>	Milchmenge [kg]
MLP	=>	Milchleistungsprüfung
Muskel	=>	Rückenmuskeldicke [mm]
nNk	=>	Anzahl Nachkommen
n.s.	=>	Nicht signifikant
OCS (OGC)	=>	Optimum Contribution Selection (Optimum Genetic Contribution)
PAM	=>	Partitionierung um Medoiden
PCA	=>	Principal component analysis
PKg	=>	Proteinmenge [kg]
p.m.	=>	<i>post mortem</i>
PPr	=>	Proteingehalt [%]
R/R <sup>2</sup>	=>	Genauigkeit/Sicherheit des geschätzten Zuchtwertes
RAST	=>	Rastzeit [Tage]
Ratio	=>	Verhältnis der Restvarianz zur Gesamtvarianz
RBB	=>	Rinderproduktion Berlin-Brandenburg GmbH
R <sub>xy</sub>	=>	Verwandtschaft
SCS	=>	Somatic-Cell-Score
Sig.	=>	Signifikant
SMR	=>	Schwarzbuntes Milchrind der DDR
Speck	=>	Rückenspeckdicke [mm]
SW	=>	Silhouettenweite
VIT	=>	Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.
W	=>	Wiederholbarkeit
ZGG	=>	Zeitgefährtengruppe
ZW	=>	Zuchtwert
ZWS	=>	Zuchtwertschätzung
$\Delta R/\Delta R^2$	=>	Differenz zwischen zwei Sicherheiten/Genauigkeiten

### **Zusammenfassung**

In den letzten Jahrzehnten lag der Fokus der Tierzuchtwissenschaften vordergründig auf der Verbesserung von Leistungsmerkmalen, gleichwohl entwickelt sich die Tierzucht kontinuierlich weiter. So orientiert sich die aktuelle Ausrichtung der Zuchtziele allgemein an den gesellschaftlichen Interessen für mehr Tierwohl und Nachhaltigkeit. Neben den für die Praxis direkt monetär bedeutenden Merkmalen, wie z.B. der Milchleistung, Milchinhaltsstoffen (Eiweiß, Fett), Mastleistung, Legeleistung etc., gewinnen in den vergangenen Jahren häufiger Merkmale, welche nur eine indirekte monetäre Bewertung haben oder aktuell noch gar keinen wirtschaftlich vergüteten Wert besitzen, an Bedeutung. Hierzu zählen Merkmale wie das Verhalten der Tiere, die Fleischqualität, die Robustheit, die Resistenz gegen Erkrankungen oder Hilfsmerkmale wie die somatische Zellzahl, Milchketonkörper ( $\beta$ -Hydroxybutyrat, Aceton) oder MilCHFettsäuren als Indikatoren für (Stoffwechsel-) Erkrankungen. Durch die Identifikation und Etablierung neuer Merkmale versucht die Tierzuchtwissenschaft ihren Beitrag für eine zukunftsfähige Landwirtschaft zu generieren. In der praktischen Zuchtarbeit sind aber vor allem die ausgewiesenen Zuchtwerte sowie deren Sicherheiten/Genauigkeiten für eine erfolgreiche Zucht entscheidend. Je früher der/dem Landwirt:in Zuchtwerte mit entsprechenden Sicherheiten/Genauigkeiten zur Verfügung stehen, desto effizienter kann sie/er Selektionsentscheidungen treffen. Innerhalb großer Populationen hat sich die genomische Selektion auf der Basis großer Lernstichproben mittlerweile etabliert, wodurch Zuchtwerte zwar anfänglich mit mäßigen Sicherheiten/Genauigkeiten, aber sehr früh zur Verfügung stehen. Bedrohte Rassen bzw. kleine Populationen stehen hierbei vor einem Problem, da die Populationsstruktur meist nicht die notwendige Größe für die Lernstichprobe hergibt. Des Weiteren ist der finanzielle Aufwand der Genotypisierung meist recht groß. Speziell diese kleinen und z.T. bedrohten Rassen bilden jedoch das lebende genetische Back-up für die Tierzuchtwissenschaften, um in hochspezialisierte Rassen zukünftig neue Eigenschaften einkreuzen zu können und so den Marktanforderungen Genüge zu tun.

Das Ziel der vorliegenden Arbeit besteht darin für kleinstrukturierte Populationen, speziell bedrohte Rassen, die klassische pedigree-basierte Zuchtwertschätzung so zu optimieren, dass höhere Sicherheiten/Genauigkeiten für die Zuchtpraxis generiert werden und eine Rangierung von Genotypen innerhalb von Produktionssystemen (= Betriebstypen) ermöglicht wird.

Hierfür wurden zunächst 30 rinderhaltende Betriebe mit Deutschen Schwarzbunten Niederungsrindern (DSN) bzw. Holstein Friesian (HF) sowie 45 schweinehaltende Betriebe mit Bunten Bentheimer Schweinen (BB) anhand von sozio-ökologischen Kriterien charakterisiert.

Basierend auf der Annahme, dass die phänotypische Leistung von Tieren durch Umwelt- und Betriebsfaktoren ähnlich wirtschaftender Betriebe in einem ähnlichen Umfang beeinflusst werden, werden verschiedene clusteranalytische Verfahren (agglomerative hierarchische Clusterung, Partitionierung um Medoiden, Fuzzy-Clusterung und Clusterung von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clusterung) zur Identifikation von Ähnlichkeiten angewendet. Ziel ist es Betriebe mit vergleichbaren Eigenschaften innerhalb von Betriebstypen zu gruppieren. Sowohl in der Rinder- als auch der Schweinepopulation zeichnet sich die Clusterung von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clusterung (CoVAHC) basierend auf der Silhouettenweite (= Evaluationskriterium) als die beste Methode zur Einteilung von Betrieben in Betriebstypen aus. Innerhalb des Rinderdatensatzes können vier Betriebstypen und im Schweinedatensatz drei Betriebstypen als Optimum identifiziert werden. Anhand der erfassten Merkmale lassen sich die Rinder-Betriebstypen differenzieren als „mittlere DSN-Betriebe mit dem Fokus auf Milchproduktion“, „kleine DSN-Betriebe mit geringer Intensität“, „Intensiv wirtschaftende DSN-Großbetriebe“ und „spezialisierte HF-Betriebe“. Der Fokus bei der Charakterisierung der schweinehaltenden Betriebe liegt vor allem auf deren Zuchtbestrebungen sowie dem Vermarktungspotential. Entsprechend können die Betriebstypen beschrieben werden als Betriebstypen mit geringer, mittlerer und hoher Zuchtaktivität bzw. mit geringem, mittlerem und hohem Vermarktungspotential. Die erfassten Produktions- und Fruchtbarkeitsmerkmale, die Gesundheitsindikatoren und die Fleisch- und Schlachtkörperqualitätsmerkmale zeigen überwiegend hochsignifikante Unterschiede zwischen den einzelnen Betriebstypen der jeweiligen Spezies. Dies untermauert, dass eine Gruppierung der Betriebe in Betriebstypen sinnvoll sein kann.

Verglichen mit den separaten rassespezifischen Rechenläufen, können innerhalb der Rinderpopulation durch die Verwendung eines gemeinsamen Datensatzes (DSN und HF) unter Berücksichtigung eines Rasseneffektes in der Modellierung eineinhalb- bis dreifach höhere Sicherheiten sowie höhere Anpassungsgüten der Modellierung generiert werden.

Die unterschiedlichen Definitionen der Zeitgefahrntengruppen (Betrieb, Betriebstyp, Kombinations- oder Nestungsvarianten aus beiden, sowie Kombination mit Testtag oder Testmonat) im Rinderdatensatz zeigen einen deutlichen Vorteil der Bildung von Zeitgefahrntengruppen mittels Betriebstyp als Einzeleffekt in Kombination mit dem Testtag oder dem Testmonat. Insgesamt konnten so die höchsten Sicherheiten sowie Anpassungsgüten erzielt werden. Der Unterschied zwischen den beiden Kombinationseffekten Testtag bzw. Testmonat führt lediglich zu geringfügigen Unterschieden in den Evaluationskriterien.

Die Berechnung der genetisch-statistischen Parameter (Varianzkomponenten, Heritabilitäten sowie Zuchtwerte und deren Sicherheiten/Genauigkeiten) zeigen grundsätzlich eine Überlegenheit bei der Verwendung von Betriebstypen anstelle des Betriebseffekts in der Modellierung. So können bei den klassischen Merkmalen Steigerungen der Heritabilität bis zu 16 % (Proteinmenge; Testtag) bzw. 17 % (Proteinmenge; Testmonat) in der Rinderpopulation und bis zu 11 % (Leitfähigkeit) bzw. bei den *in vivo* erfassten Fleischqualitätsmerkmalen von bis zu 17 % gegenüber dem Modell mit Betriebseffekt in der Schweinepopulation ermittelt werden. Auch die Sicherheiten/Genauigkeiten der geschätzten Zuchtwerte können z.T. deutlich gesteigert werden. So sind für die Produktionsmerkmale Milch- und Proteinmenge Steigerungen der Sicherheiten zwischen 3,9 % (tägliche Milchmenge in der Gesamtpopulation unter Berücksichtigung des Testtages) und 9,8 % (tägliche Proteinmenge in der Bullenpopulation unter Berücksichtigung des Testmonats) bzw. in der Schweinepopulation merkmalsabhängig Steigerungen der Genauigkeiten von deutlich über 10 % bis zu 39 % (*in vivo* erfasster Rückenspeckdicke innerhalb der Eberpopulation) zu verzeichnen. Zwar können z.T. auch bei den funktionalen Merkmalen Erblichkeiten bzw. Sicherheiten/Genauigkeiten durch Verwendung der Betriebstypen verbessert werden, allerdings auf einem deutlich geringeren Niveau. Hierbei wirkt sich der geringe Datenumfang, die Beurteilungshäufigkeit sowie eine womöglich ungünstige Datenstruktur/-verteilung bei den Merkmalen Body-Condition-Score, Sauberkeit-Euter, Lahmheit, Methanausstoß (Rind) bzw. Verhalten, Fundament und Exterieur (Schwein) negativ auf die Schätzparameter aus. Nichtsdestotrotz können auch hier Steigerungen der Sicherheiten bis zu 2,4 % (Rind: lineare Modellierung, Sauberkeit-Euter, Testmonat, Gesamtpopulation) bzw. Steigerungen der Genauigkeiten bis zu 22,3 % (Schwein: lineare Modellierung, Fundament, Eberpopulation) erzielt werden. Allerdings kommt es durch den Betriebstypeneffekt auch bei einigen Merkmalen zu einer Verschlechterung genetischer Parameter, wie z.B. innerhalb des Rinderdatensatzes für das Merkmal Body-Condition-Score in Höhe von -0,6 % (lineare Modellierung, Testmonat) bzw. im Schweinedatensatz für das Merkmal Exterieur von -9,5 % (logistische Modellierung, Eberpopulation).

Innerhalb der Rinderpopulation ist zu erkennen, dass insbesondere, wenn wenig Töchterinformationen (< 15 Nachkommenleistungen) zur Verfügung stehen, der Betriebstypeneffekt deutliche Zunahmen der Sicherheiten ermöglicht (Milchmenge: bis 9,7 % (Testtag) bzw. bis 11,2 % (Testmonat)). Hingegen bewirkt die Berücksichtigung des Testmonats gegenüber dem Testtag lediglich geringfügige Steigerungen der Zuchtwertsicherheiten.

In den Vorüberlegungen zu dieser Arbeit wurde dahingehend argumentiert, dass die Verwendung von Betriebstypen in den genetisch-statistischen Modellierungen zu einer Reduktion der Restvarianz führt, jedoch kam es vielmehr zu einer Steigerung der additiv-genetischen Varianz. Anhand der Analyse der Populationsstruktur kann gezeigt werden, dass es durch die Nutzung der Betriebstypen grundsätzlich zu einer Erhöhung der Zahl der eingesetzten Bullen/Eber innerhalb der Betriebstypen gegenüber der einzelbetrieblichen Betrachtung kommt. Zudem erhöht reduziert sich der Anteil von Bullen/Ebern mit Nachkommeninformationen gegenüber den Bullen/Ebern im Pedigree, bei denen diese fehlen. Des Weiteren verringern sich die über die Betriebstypen gemittelten Inzucht- bzw. Verwandtschaftskoeffizienten gegenüber denen in Einzelbetrieben. Folglich bedingt der Betriebstypeneffekt eine gleichmäßigere Verteilung der Vatertiere, was letztlich zu einer höheren Schätzgenauigkeit führt.

Die ermittelten Genotyp-Umwelt-Interaktionen sowohl in der Rinder- als auch der Schweinepopulation zeigen deutlich, dass nicht jedes Tier an die jeweiligen Betriebstypen optimal angepasst ist. Dies bestätigt sich auch in den Rangierungsunterschieden der Topvererber. Hierbei zeigen sich basierend auf der Höhe der ermittelten Zuchtwerte z.T. erhebliche Platzverschiebungen der Vatertiere.

Mit der vorliegenden Untersuchung kann gezeigt werden, dass Modellierungen mittels Betriebstypen-Effekt denen mit Betriebseffekt sowohl in den kleinen Populationen (DSN und BB) als auch in großen Populationen (HF) in nahezu allen untersuchten Merkmalen überlegen sind.

## Summary

In recent decades, animal breeding science has focused primarily on improving performance traits, but animal breeding is continuously evolving. Thus, the current focus of breeding goals is generally oriented towards social interests for more animal welfare and sustainability. In addition to traits that are of direct monetary importance for practice, such as milk yield, milk ingredients (protein, fat), fattening performance, laying performance, and so on, traits that only have an indirect monetary evaluation or currently have no economically remunerated value at all have increasingly played a role in recent years. These include traits such as meat quality, animal behaviour, robustness, resistance to diseases or auxiliary traits such as somatic-cell-count, milk ketone bodies ( $\beta$ -hydroxybutyrate, acetone) or milk fatty acids as indicators of (metabolic) diseases. By identifying and establishing new traits, animal breeding science tries to contribute to sustainable agriculture. In practical breeding work, however, the estimated breeding values and their reliability/accuracy are decisive for successful breeding. The earlier the farmers have access to breeding values with appropriate reliabilities/accuracies, the more efficiently they can make selection decisions. Within large populations, genomic selection based on large training samples is now well established, providing breeding values, although initially with moderate reliabilities/accuracies, at a very early stage.

Endangered breeds or small populations face a problem here, since the population structure usually does not provide the necessary size for the training sample. Furthermore, the financial effort for genotyping is usually quite high. However, especially these small and partly endangered breeds are the living genetic back up for animal breeding sciences, in order to be able to cross new traits into highly specialized breeds in the future and thus meet market requirements.

The aim of the present work is to optimize the classical pedigree-based breeding value estimation for small-structured populations, especially endangered breeds, in such a way that higher reliabilities/accuracies are generated for breeding practice and a ranking of genotypes within production systems (= farm types) is enabled.

For this purpose, 30 cattle farms with “Deutsches Schwarzbuntes Niederungsgrind” (DSN) or “Holstein Friesian” (HF) and 45 pig farms with “Bunte Bentheimer” pigs (BB) were first characterized based on socio-ecological criteria. Based on the assumption that phenotypic performance of animals is influenced by environmental and management factors of similar farms at a similar level, different cluster methods (agglomerative hierarchical clustering, partitioning around medoids, fuzzy clustering and clustering of variables combined with agglomerative hierarchical clustering) are used to identify similarities. The goal is to group

farms with similar characteristics within farm types. In both the cattle and pig populations, clustering of variables combined with agglomerative hierarchical clustering (CoVAHC) based on silhouette width (= evaluation criterion) proves to be the best method for grouping farms into farm types. Four farm types can be identified as optimal in the cattle dataset and three farm types in the pig dataset. Based on the recorded characteristics, the cattle farm types can be differentiated as “medium DSN farms with a focus on milk production”, “small DSN farms with low intensity”, “large intensive DSN farms” and “specialized HF farms”. The focus of characterization of the pig farms is mainly on their breeding activities as well as their marketing potential. Accordingly, the farm types can be described as farm types with low, medium and high breeding activity or with low, medium and high marketing potential. The recorded production and fertility traits. Health indicators, and meat and carcass quality traits, respectively, show predominantly highly significant differences between the individual farm types of the respective species, which underlines that the grouping of farms into farm types is reasonable.

Within the cattle population, the use of a common data set (DSN and HF), taking into account a breed effect in the modelling, can generate 1,5 to 3,0 times higher reliabilities as well as higher goodness of fit of the modelling, compared to separate breed-specific calculations.

The different definitions of the contemporary groups (farm, farm type, combination or nesting variants of both, as well as combination with test day or test month) in the cattle data set show a clear advantage of the formation of contemporary groups by means of farm type as a single effect in combination with the test day or the test month, resulting in the highest overall reliabilities as well as goodness of fit. The difference between the two combination effects test day or test month leads only to minor differences in the evaluation criteria.

The calculation of the genetic parameters (variance components, heritabilities as well as breeding values and their reliabilities/accuracies) basically show a superiority when using farm types instead of the farm effect in the modelling. Thus, increases in heritability of up to 16 % (protein quantity; test day) and 17 % (protein quantity; test month) in the cattle population and up to 11 % (conductivity) for the classical traits and up to 17 % for the meat quality traits recorded *in vivo* in pigs can be observed compared to the model with farm effect. The reliabilities/accuracies of the estimated breeding values can also be increased considerably in most cases. Thus, for the production traits milk and protein yield, increases in reliabilities between 3,9 % (daily milk yield in the total population, combining farm type with test day) and 9,8 % (daily protein yield in the bull population taking into account the test month) were achieved. In the pig population, depending on the trait, increases in accuracies of noticeably

more than 10 % up to 39 % (back fat percentage recorded *in vivo* within the boar population) can be reported. Although heritabilities and reliabilities/accuracies for the functional traits can also be partially improved by using the farm types, they are at a considerably lower level. Here, the small size of the dataset, the low assessment frequency and the lack of data structure/distribution for the traits body condition score, cleanliness udder, lameness, methane emission (cattle) and behaviour, fundament and exterior (pigs) have a negative effect on the estimated parameters. Nevertheless, increases in reliability of up to 2,4 % (linear modelling, cleanliness udder, test month) and increases in accuracy of up to 22,3 % (linear modelling, fundament, boar population) can be achieved. However, the farm type effect also leads to a decrease of genetic parameters for some traits, e.g. within the cattle data set for the trait body condition score in the amount of -0,6 % (linear modelling, test month) or in the pig data set for the trait exterior of -9,5 % (logistic modelling, boar population).

Within the cattle population, it can be seen that especially when only few daughter information (< 15 progeny performances) is available, the farm type effect allows significant increases in reliabilities (milk quantity: up to 9,7 % (test day) and up to 11,2 % (test month)). In contrast, the consideration of test month compared to test day causes only slight increases in breeding value reliabilities.

In the preliminary reflections of this work it was argued that the use of farm types in the genetic-statistical modelling leads to a reduction of residual variance, but there was rather an increase of additive-genetic variance. Based on the analysis of the population structure, it can be shown that the use of farm types basically leads to an increase in the number of bulls/boars used within farm types compared to single farm analysis. Also, the number of bulls/boars with compared to bulls/boars without progeny information is increased. Furthermore, the inbreeding and relationship coefficients being averaged over the farm types are lower compared to those in individual farms. Consequently, the farm type effect causes a more even distribution of sires, which ultimately leads to a higher estimation accuracy.

The identified genotype-environment interactions in both the cattle and pig populations clearly show that not every animal is optimally adapted to the respective farm types. This is also confirmed in the ranking differences of the top sires. Here, based on the level of the determined breeding values, there are sometimes considerable shifts in the ranking of the sires.

In summary, modeling using farm type effect is superior to modeling using the farm effect in both the small populations (DSN and BB) and large populations (HF) in almost all characteristics studied.



### **1. Einleitung**

Die moderne Tierzucht nach dem Ende des 2. Weltkrieges war in Europa eine enorme Erfolgsgeschichte. Innerhalb weniger Jahrzehnte ermöglichte die intensive Zuchtarbeit aller beteiligter Organisationen die Entwicklung hochspezialisierter Rassen. Allerdings wird das hohe Leistungspotential angesichts einer soliden Lebensmittelversorgung mittlerweile durchaus kritisch betrachtet. Das grundlegende Ziel der Tierzucht ist es diese gesellschaftlichen Bedürfnisse zu erkennen, aber auch die wirtschaftlichen Aspekte der Betriebe kontinuierlich zu hinterfragen und durch gezielte Zuchtentscheidungen möglichst frühzeitig auf zukünftige Anforderungen zu reagieren. Entsprechend wird der Gesamtzuchtwert durch die Gewichtung der einzelnen Teilzuchtwerte stetig angepasst. Gleichzeitig werden regelmäßig neue Merkmale etabliert. So spielen in den letzten Jahren vor allem Tierwohlaspekte sowie die Umweltwirkungen der Tierhaltung eine wichtige Rolle. Merkmale wie Gesundheit/Krankheitsresistenz, Verhalten (z.B. Mütterlichkeit, Tier-Mensch-Beziehung) oder die Emission von Schadelementen (z.B. Methan, Stickstoff, Phosphor) stehen mittlerweile im Fokus der Tierzuchtwissenschaften.

Voraussetzung für eine züchterische Neu- oder Umorientierung innerhalb einer Rasse ist die genetische Veranlagung sowie die genetische Vielfalt innerhalb des betreffenden Merkmals. Vor allem hochspezialisierte Rassen haben, aufgrund intensiver Selektion häufig einen eher begrenzten Genpool, bei dem mitunter Eigenschaften, welche zukünftig interessant sein könnten, verloren gegangen sind. Hingegen zeichnen sich weniger intensiv genutzte, z.T. sogar bedrohte Rassen, i.d.R. durch eine große genetische Variabilität und spezielle standortangepasste Eigenschaften aus. Häufig in kleinstrukturierten Betrieben aus Traditionsgründen gehalten, haben die Rassen oft einen Liebhaberstatus. Trotz dessen besteht ein wirtschaftliches Interesse der Betriebe. Durch eine bedachte Zuchtarbeit innerhalb solcher Populationen wird versucht, den Genpool für zukünftige Zuchtstrategie zu erhalten und gleichzeitig eine Erhaltung durch eine wirtschaftliche Nutzung zu realisieren.

Das Ziel dieser Arbeit ist die Entwicklung und Implementierung von optimierten Zuchtwertschätzverfahren, die eine Rangierung der Selektionskandidaten nach Zuchtwerten innerhalb von Betriebstypen ermöglichen, wobei der Betriebstyp als eine Charakterisierung von Produktionsumwelten nach sozio-ökologischen Kriterien verstanden werden kann. Diese Schätzverfahren sollen dazu beitragen, die Sicherheiten/Genauigkeiten der Zuchtwertschätzung zu erhöhen. Die Verfügbarkeit von sicher geschätzten und an die jeweiligen Betriebstypen angepassten Zuchtwerte sollen letztendlich dazu dienen, die Selektionsentscheidungen für Tiere in heterogenen und/oder kleinbäuerlichen Betriebsstrukturen zu erleichtern.

### **2. Literaturübersicht**

Die nachfolgenden Ausführungen sollen die grundlegenden Ideen und Ansätze dieser Arbeit vermitteln. Hierzu soll zunächst die Bedeutung bedrohter Rassen für die Entwicklung der landwirtschaftlichen Nutztierhaltung herausgearbeitet werden. Weiter wird ein allgemeiner Überblick zur Zuchtwertschätzung und den Besonderheiten in kleinstrukturierten Populationen gegeben sowie die Berücksichtigung des Betriebseffektes bzw. der Zeitgefährtengruppe in der Zuchtwertschätzung erörtert. Auch soll ein kurzer Einblick in die Anwendung multivariater Analysen in der Tierzucht erfolgen. Abschließend werden die in dieser Arbeit analysierten Beispielerassen und Merkmale beschrieben.

#### **2.1 Bedeutung bedrohter Rassen**

Der Zustandsreport der tiergenetischen Ressourcen („The State of the World’s Animal Genetic Resources“) der Ernährungs- und Landwirtschaftsorganisation der Vereinten Nationen (engl.: Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO)) zeigt, dass von den weltweit ca. 50.000 bekannten Säugetier- und Vogelarten lediglich ca. 40 Arten durch Domestikationsprozesse und züchterische Bearbeitung die heutige Landwirtschaft prägen (FAO, 2007). Bedingt durch die kontrollierte Haltung und Zucht haben sich innerhalb dieser Spezies durch Selektionsdruck, Umweltfaktoren und menschliche Eingriffe unterschiedliche Rassen (oder geographisch definierte Populationen) sowie innerhalb dieser unterschiedliche Stämme/Linien entwickelt (Barker, 1994; Long, 2008), wobei anzumerken ist, dass der Begriff „Rasse“ nicht eindeutig definiert ist. Insbesondere in Entwicklungs- und Schwellenländern existieren Stämme oder geografisch getrennte Populationen, welche verschiedene Rassebezeichnungen besitzen, die phänotypisch allerdings keine Unterschiede aufweisen bzw. existieren phänotypisch unterschiedlichen Tiere, welche in verschiedenen Regionen die gleiche Rassebezeichnung tragen. Der Rassebegriff in Industrieländern hingegen ist meist klarer definiert. So teilen Tiere einer Rasse bestimmte morphologische Merkmale, welche sie deutlich von anderen unterscheidbar machen und es existieren im Regelfall formale Organisationen, welche die Rasse regional/national/international betreuen sowie deren Entwicklung gestalten (Barker, 1994). Die über Jahrtausende differenzierte (regionale) Nutzung derselben Spezies hat letztlich zur Bildung differenzierter Rassen und damit zu einer Nettosteigerung der genetischen Vielfalt geführt. Durch die Fokussierung auf bestimmte Rassen mit besonders gewünschten Produktionseignungen und überregionaler, teils weltweiter Bedeutung, kam es in den letzten 100 Jahren zu einer Verdrängung regional angepasster, aber weniger produktiver Rassen (Long, 2008). Insbesondere durch die Einführung der künstlichen Besamung sowie der genomischen

Selektion beschleunigte sich der Zuchtfortschritt produktiver Rassen enorm, mit dem Resultat eines rasanten Anstiegs der Produktionsdifferenzen zwischen regional angepassten und überregionalen (Hochleistungs-) Rassen (Hartwig und Bennewitz, 2014; Kohl und Herold, 2017). Harder et al. (2004) zeigten bspw., dass es zu einer drastischen Gewinnreduktion (abhängig von der Ausgestaltung des Zuchtprogramms) in ökologischen Zuchtprogrammen von Rindern kommt, wenn der Anteil der künstlichen Besamung unter 50 % sinkt. Peltoniemi et al. (2019) untersuchten das Reproduktionsmanagement sowie die verwendeten biotechnologischen Verfahren in europäischen Sauenbetrieben und stellten eine Verdopplung der Wurfgrößen (allerdings kombiniert mit einer Reduktion der Geburtsgewichte und Kolostrumaufnahme pro Ferkel) bei den europäischen Hausschweinerassen innerhalb der letzten 20 Jahre fest und gleichzeitig einen deutlichen Fortschritt bei der Kryokonservierung von Spermata, Eizellen und Embryonen. Dies interpretierten sie als ermutigende Grundlage für die Weiterentwicklung der Zucht, des Embryonentransfers sowie des Handels mit Schweineeizellen und -embryonen.

Infolgedessen starben bzw. sterben weniger produktive Rassen aus, was in einem stetigen Verlust an genetischer Variabilität resultiert (Long, 2008; FAO, 2015). Nach den Zustandsberichten der FAO (2007, 2015) sind insbesondere Rassen in Regionen mit einer hochspezialisierten Nutztierhaltung gefährdet. Hierzu zählen vor allem Europa und die Kaukasus-Region, wo im Jahr 2007 28 % der Säugetier- und 49 % der Geflügelrassen bzw. im Jahr 2015 31 % der Säugetier- und 35 % der Geflügelrassen als gefährdet beschrieben wurden. Ähnliche Verhältnisse werden auch für Nordamerika beschrieben, wo 2007 20 % der Säugetier- und sogar 79 % der Geflügelrassen bzw. 2015 16 % der Säugetier- und 35 % der Geflügelrassen als gefährdet deklariert wurden. In absoluten Zahlen sind insbesondere in Europa und der Kaukasus-Region Rassen vom Aussterben bedroht (FAO, 2007, 2015). Im Jahr 2007 waren von den registrierten 2.228 Säugetierrassen 624 bzw. 481 der 976 registrierten Geflügelrassen und 2015 850 der 2.738 Säugetier- sowie 492 der 1.403 Geflügelrassen gefährdet bis stark gefährdet. Grundlegend verfolgen züchterische Maßnahmen das Ziel zukünftigen Anforderungen eines Marktes gerecht zu werden. Diese Anforderungen allerdings sind nicht nur von wirtschaftlichen Interessen, sondern auch stark von der gesellschaftlichen Entwicklung und politischen Entscheidungen beeinflusst, sodass jeglicher Verlust an genetischer Vielfalt negativ zu bewerten ist (Merks et al., 2012; Biermann, 2015). Mit dem genetischen Verlust können grundsätzlich auch Merkmale verloren gehen, welche aktuell unbekannt bzw. züchterisch unbedeutend sind (Biermann, 2015), dies kann eine zukünftige Reaktion auf Marktanforderungen deutlich erschweren (Barker, 1994). Schulze (1956) beschreibt

beispielsweise einen Wandel der Schweinezucht in Deutschland in den 1950er Jahren, als Resultat einer positiven gesamtgesellschaftlichen Lohnentwicklung, in dessen Folge es zu einer höheren Nachfrage von Fleisch mit einer höheren Gewichtung von Fleischqualitätsmerkmalen kam. Dies führte nach Lengerken und Wicke (2006) zur Verdrängung der bis dahin vornehmlich gezüchteten „Fett-Fleischschweine“ (40 % bis 50 % Fett, z.B. Cornwall, Berkshire, Rotbunte Husumer Schweine) hin zu „Fleischschweinen“ (< 30 % Fett, z.B. Piétrain). Auch der zunehmend kritische Blick der breiten Öffentlichkeit auf die landwirtschaftliche Nutztierhaltung hat die Zucht Kriterien der letzten Jahrzehnte maßgeblich mitgeprägt. So ist die Bedeutung von Gesundheitsmerkmalen (z.B. Beta-Hydroxybutyrat als Gesundheitsindikator (Klein et al., 2020), die Langlebigkeit (Shabalina et al., 2020) oder das Tierwohlbefinden (Blanco-Penedo et al., 2020), sowie Kriterien der Produktqualität (Zucht gegen Ebergeruch (Haberland et al., 2014), Einfluss von Milchproteinvarianten auf die Gesundheit von Kälbern (Hohmann et al., 2020), aber auch Kriterien hinsichtlich der Umweltbelastung der Nutztierhaltung (Futtermittel-Effizienz zur Steigerung der Produktion und Reduktion von (Nährstoff-) Ausscheidungen über Kot, Harn oder Atmung (Guinguina et al., 2020) deutlich gestiegen.

Als Konsequenz der kritischen öffentlichen Betrachtung werden die gesetzlichen Rahmenbedingungen kontinuierlich angepasst und beeinflussen ebenfalls züchterische Entscheidungen. So führte beispielsweise die EU-Richtlinie (2008/120/EG) des Rates über Mindestanforderungen für den Schutz von Schweinen, welche die Gruppenhaltung tragender Sauen seit dem 01.01.2013 gesetzlich vorschreibt dazu, dass Verhaltensmerkmale zunehmend in den Fokus tierzüchterischer Anstrengungen rückten (Tönepöhl, 2012; Lindhorst et al., 2019). Mit dem Ende der betäubungslosen Kastration männlicher Ferkel seit 01.01.2021 (GG Art. 20a, Wissenschaftliche Dienste, 2018), steht insbesondere die einheimische Schweineproduktion vor Problemen, da der deutsche Markt sehr kritisch auf Schweinefleisch mit Ebergeruch reagiert. Zwar stehen neben technischen Lösungen zur Betäubung auch geänderte Mastverfahren (Ebermast, Schlachtung vor der Geschlechtsreife) als Alternativen zur Verfügung, aber auch die Zucht versucht hier ihren Beitrag durch geruchsarme Linien oder Rassen zu liefern (Hagmüller, 2006; Frieden, 2013; Brandt, 2019).

Auch die Rinderhaltung muss sich vor dem Hintergrund der kritischen öffentlichen Betrachtung kontinuierlich weiterentwickeln. So steht das Enthornen von Kälbern seit längerem in der Kritik. Zwar erlaubt das Tierschutzgesetz (§5 Abs. 3 Nr. 2) das betäubungslose Enthornen innerhalb der ersten sechs Lebenswochen, dennoch ist von mehr oder weniger starken Schmerzen während und nach dem Eingriff auszugehen (Heinrich et al., 2009). Neben der

tierwohlbezogenen Kritik ist der Eingriff an sich sowohl zeit- als auch kostenintensiv (Gottardo et al., 2011), was die Tierzucht veranlasste über die Züchtung hornloser Tiere zu diskutieren (Windig et al., 2015; Gehrke et al., 2020; Scheper et al., 2021). Als Resultat kann die zunehmende Etablierung genetisch hornloser Vererber in klassischerweise behornnten Rassen (z.B. Holstein Friesian, Fleckvieh) beobachtet werden.

Die aufgezeigten Beispiele verdeutlichen, wie volatil die Anforderungen sind, welche an die Tierzucht gestellt werden. Dies unterstreicht die Notwendigkeit, Rassen, welche aktuell eine untergeordnete Rolle spielen, für zukünftige Zuchtstrategien zu erhalten, um aus einem möglichst breiten genetischen Pool schöpfen zu können. Kohl und Herold (2017) benennen neben dem genetischen Potential weitere wertgebende Eigenschaften kleiner/bedrohter Rassen, z.B. deren Beitrag zur Agrobiodiversität, zum Erhalt der Kulturlandschaft sowie deren Eigenschaft als lebendiges Kulturgut. Jedoch betonen sie auch, dass all diese Attribute aktuell keinen monetären Wert besitzen (Kohl und Herold, 2017). Zur Bewertung der genetischen Vielfalt lokaler Nutztierassen (für Rind, Schaf, Ziege, Geflügel und Schwein) unter Verwendung verschiedener Genotypisierungstechniken sei auf den Übersichtsartikel von Olschewsky und Hinrichs (2021) verwiesen. Da die Landwirtschaft (abgesehen von der Hobbyhaltung) natürlicherweise ökonomische Interessen verfolgt, ist eine Argumentation zum Erhalt bedrohter Rassen durch die praktische Nutzung gegenüber effizienteren/produktiveren Rassen jedoch erschwert. Damit eben diese Rassen trotzdem für zukünftige Zuchtstrategien erhalten bleiben, bedarf es spezieller Vermarktungsstrategien, welche im Premiumsegment einen entsprechend höheren Preis generieren und damit eine Nutzung attraktiver gestalten. Beispielsweise sind im Mittelmeerraum zahlreiche spezielle Käsesorten (Banon aus Frankreich, Asiago aus Italien oder Anevato aus Griechenland) oder Wurstwaren/Fleisch (Bayonner Schinken aus Frankreich oder Bresaola aus Italien) mit bestimmten Regionen assoziiert. In Deutschland wurde so u.a. für die bedrohten regionalen Schweinerassen Schwäbisch-Hällische, Bunte Bentheimer oder die Schafrasse Heidschnucke ein entsprechender Nischenmarkt etabliert (Bühler und Zimmer, 2007; LPP et al., 2010; Biermann et al., 2014). Aber auch spezialisierte Zuchtprogramme und -strategien vonseiten der Tierzuchtwissenschaften sowie eine Unterstützung durch öffentliche Mittel (FAO, 2007; Bühler und Zimmer, 2007) sind für den Erhalt und die kontinuierliche Weiterentwicklung bedrohter Rassen entscheidend.

### **2.2 Grundlagen der Zuchtwertschätzung**

Das Ziel züchterischer Maßnahmen, ist es Leistungseigenschaften von Tieren in wirtschaftlich relevanten Merkmalen positiv zu beeinflussen (Willke, 2006; Dekkers, 2012). Hierbei wird die

Leistung in der Regel aus einer Kombination verschiedener Merkmale bzw. Eigenschaften zusammengesetzt. Diese wiederum können durch zahlreiche Gene mit z.T. geringen individuellen Wirkungen beeinflusst werden (Glazier et al., 2002; Falconer und Mackay, 2009). Dekkers (2012) gibt als wirtschaftlich relevante Merkmale bspw. die Milchleistung, Fett- und Eiweißausbeute oder die Langlebigkeit bei Milchkühen sowie Wachstumsrate, Körperfettgehalt und Futteraufnahme bei Rindern und Schweinen an.

Der Zuchtwert bzw. der genotypische Wert eines Tieres entspricht der Summe der additiv-genetischen Effekte aller Loci, welche ein Merkmal beeinflussen und repräsentiert hierbei die Abweichung eines Tieres vom genotypischen Populationsmittel (Willam und Simianer, 2011; Dekkers, 2012). Basierend auf dieser Abweichung werden männliche und weibliche Tiere selektiert, welche miteinander verpaart den genetischen Wert der Population innerhalb der folgenden Generation verbessern sollen (Willke, 2006; Dekkers, 2012). Der genetisch verbesserte Wert  $\Delta G$  (Zuchtfortschritt, Selektionserfolg oder genetischer Fortschritt) kann wie folgt berechnet werden:

$$\Delta G = \frac{i * \rho * \sigma_A}{\Delta t}$$

wobei  $i$  der Selektionsintensität der Eltern,  $\rho$  der Genauigkeit der Zuchtwertschätzung,  $\sigma_A$  der additiv-genetischen Varianz und  $\Delta t$  dem Generationsintervall entspricht (Falconer und Mackay, 2009; Sørensen et al., 2011; Willam und Simianer, 2011; Dekkers, 2012). Insbesondere die Reduktion des Generationsintervalls sowie die Erhöhung der Selektionsintensität und der Genauigkeit der Zuchtwertschätzung nehmen eine entscheidende Rolle ein (Neuner, 2009). Unter Zuhilfenahme mathematisch-statistischer Methoden wird versucht auf Basis des Modells der Leistung (Phänotyp = Genotyp + Umwelt) die systematischen (fixen) Umwelteffekte (z.B. Region, Herde/Betrieb, Zeitpunkt oder Alter bei der Leistungserbringung, Geschlecht oder Rasse), welche je nach Merkmal variieren, zu korrigieren und durch entsprechende verwandtschaftliche Beziehungen Zuchtwerte zu ermitteln (Garrick, 2010; Willam und Simianer, 2011). Generell ist es im züchterischen Interesse festzustellen, inwieweit die beobachtete phänotypische Leistung den jeweiligen Komponenten (Genotyp, Umwelt oder beiden) zugerechnet werden kann, wobei anzunehmen sei, dass grundsätzlich ein gewisser Restfehler (= unerklärbare Restvarianz) verbleibt (Garrick, 2010). In der Tierzucht werden hierfür vornehmlich lineare Modelle, mit fixen Effekten für die systematische Umwelt und zufällige Effekte für genetische Effekte bzw. den Restfehler, angewandt. Die angepassten zufälligen Effekte werden vorwiegend mit der von Henderson (1975) etablierten Methode „Best linear unbiased predictor“ (BLUP) unter Verwendung eines Shrinkage-Schätzers (= Minimierung der Streuung der Komponenten gegenüber der Verwendung als fixer Effekt)

modelliert. Die Methode nutzt sowohl den Phänotyp eines Tieres als auch den seiner Verwandten, mit dem Ziel die Genauigkeit der geschätzten Zuchtwerte zu verbessern (Dekkers, 2012). Hierbei ist die Genauigkeit definiert als die Korrelation zwischen dem wahren und dem geschätzten Zuchtwert und bestimmt damit die Rate für die genetische Verbesserung in einem Zuchtprogramm pro Zeiteinheit (Falconer und Mackay, 2009). Weitere Kriterien für die Qualität der Schätzung und der Selektion von Zuchttieren sind neben dem Schätzmodell (zur Korrektur von Umwelteffekten) sowohl Art und Umfang der verfügbaren Phänotypen und Pedigreeinformationen als auch Kenntnisse der genetischen Parameter des entsprechenden Merkmals (Dekkers und Hospital, 2002; Willam und Simianer, 2011). Somit ist eine Grundvoraussetzung jeglicher Zuchtwertschätzung die exakte Erfassung entsprechender Phänotypen sowie eine genaue Zuordnung der Leistung zu einem Tier mit bekanntem Pedigree (Willke, 2006). Dieses Prinzip gilt für alle Methoden der Zuchtwertschätzung, sowohl für die BLUP-Zuchtwertschätzung als auch den Aufbau einer Lernstichprobe innerhalb der genomischen Zuchtwertschätzung (Brandt, 2019). Brandt (2019) formuliert es als „GiGo-Prinzip“ (Garbage in = Garbage out), welches besagt, dass eine Merkmalerfassung (Leistungsprüfung), die ungenau, fehlerhaft bzw. nicht merkmalsorientiert ist, auch durch die beste Methode der Zuchtwertschätzung nicht korrigiert werden kann.

Im Rahmen von rassespezifischen Zuchtprogrammen wird das Zuchtziel, die Schätzung genetischer Parameter, die Auswahl der Merkmale und die Vorausschätzung des genetischen Fortschritts definiert. Des Weiteren werden die Durchführung der Leistungsprüfung (Merkmalerfassung), die Zuchtwertschätzung, die Selektion und die Zuchtorganisation festgehalten (Swalve, 2002). Liegt in der Milchrinderzucht das Augenmerk insbesondere auf der Milchleistung und der funktionalen Nutzungsdauer (Swalve, 2002), fokussiert nach Merks et al. (2012) die Schweinezucht auf die Vitalität von der Geburt bis zur Schlachtung ohne menschliche Eingriffe, Einheitlichkeit von der Geburt bis zum Schweinefleisch, geringeren Einsatz von Antibiotika und verbesserte Lebensmittelsicherheit. Innerhalb von Zuchtprogrammen sowie Zuchtzielen muss generell zwischen der Einfachheit bzw. der Überschaubarkeit und der Vollständigkeit bzw. Komplexität abgewogen werden (Merks et al., 2012).

Wurden in der Milchrinderzucht bis Anfang der 2000er-Jahre die Leistungsbeobachtungen einzelner Testtage noch überwiegend mit sogenannten aggregierten Testtagsmodellen zu Laktations- bzw. Abschnittsleistungen verrechnet und in die Zuchtwertschätzung einbezogen, werden durch die enorme Entwicklung computerbasierter Rechenmethoden heutzutage primär Testtagsmodellierungen (Swalve, 2000; Emmerling, 2001) spezies- bzw. merkmalsunabhängig

angewendet. Swalve (2000) verweist vor allem auf die verbesserte Voraussagekraft der Testtagsmodelle, bedingt durch die zeitabhängige Korrektur von Umwelteinflüssen zum Zeitpunkt der Leistungserbringung.

Von den anfänglichen (ca. Mitte der 90er-Jahre) Modellen mit konstantem Zuchtwert im Produktionsverlauf (bei wiederholten Messungen), den sogenannten „Fixed-Regression-Modellen“ (u.a. Ptak und Schaeffer, 1993; Reents et al., 1995), entwickelte sich die Zuchtwertschätzung hin zu Modellen mit zeitabhängigen Zuchtwerten im Produktionsverlauf, sogenannten „Random-Regression-Modellen“ (u.a. Schaeffer und Dekkers, 1994; Jamrozik und Schaeffer, 1997; Strabel et al., 2005). Im „Fixed-Regression-Modell“ wird unterstellt, dass zwischen aufeinander folgenden und zeitlich gleich weit auseinander liegenden Kontrolltagsbeobachtungen für jedes Tier identische genetische Beziehungen bestehen (Schaeffer und Dekkers, 1994; Emmerling, 2001). Hingegen werden im „Random-Regression-Modell“ Kovariablen mit zufälligen Regressionskoeffizienten genutzt, welche untereinander korrelieren und vom Testtag beeinflusst werden, wodurch je Testtag ein spezifischer Zuchtwert für ein Tier unterstellt wird. Dieser Zuchtwert entspricht dabei der Abweichung von einem durchschnittlichen Testtag, welcher mittels zufälliger Regressionskoeffizienten modelliert wird.

Die Modelle zur Schätzung von Zuchtwerten unterscheiden sich grundsätzlich in der Modellierung der genetischen und nichtgenetischen Tiereffekte sowie der Restabweichung. Bezogen auf die Notwendigkeit der Korrektur von Umwelteinflüssen gibt es jedoch zwischen den verschiedenen Modelltypen keine Unterschiede (Schaeffer und Dekkers, 1994; Emmerling, 2001).

### 2.2.1 Besonderheiten der Zucht in kleinstrukturierten Populationen

Zur objektiven Beurteilung der Größe einer Population kann die effektive Populationsgröße ( $N_e$ ) verwendet werden:

$$N_e = \frac{4 \times \text{Anzahl weiblicher Zuchttiere} \times \text{Anzahl männlicher Zuchttiere}}{\text{Anzahl weiblicher Zuchttiere} + \text{Anzahl männlicher Zuchttiere}}$$

Hierbei obliegt es der Bewertung der „Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung“ (BLE) gemeinsam mit dem „Fachbeirat Tiergenetische Ressourcen“ der „Deutschen Gesellschaft für Züchtungskunde e.V.“ (DGfZ), inwieweit eine Rasse als bedroht deklariert wird. Neben dem rechnerischen Kriterium können besondere Umstände den Gefährdungsstatus zusätzlich beeinflussen. Tabelle 1 gibt einen Überblick der Gefährungskategorien sowie der entsprechenden Kriterien (BLE, 2019).

## 2. Literaturübersicht

Tabelle 1: Gefährdungskategorie der einheimischen Nutzierrassen (modifiziert nach BLE, 2019).

<b>Gefährdungskategorie</b>	<b>Kriterien</b>	<b>Maßnahmen/Beispiel Rasse</b>
Phänotypische Erhaltungspopulation	<ul style="list-style-type: none"> <li>– <math>N_e \ll 200</math></li> <li>– Phylogenetisch keiner direkten Ursprungsrasse zuzuordnen</li> <li>– Kultureller Wert</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>– Aus tierzuchtwissenschaftlicher Sicht nur noch als Rudiment verstanden</li> <li>– Bsp.: Ansbach-Triesdorf</li> </ul>
Erhaltungspopulation	<ul style="list-style-type: none"> <li>– <math>N_e &lt; 200</math></li> <li>– Problematische Züchterstruktur</li> <li>– Erhebliches Gefährdungspotential durch Bestandsrückgang</li> <li>– Nur noch lokale Verbindung der Rasse</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>– Umsetzung von Erhaltungszuchtprogrammen</li> <li>– Anlegen von Kryokonserven</li> <li>– Bsp.: Deutsches Schwarzbuntes Niederungsrind, Leicoma</li> </ul>
Beobachtungspopulation	<ul style="list-style-type: none"> <li>– <math>200 &lt; N_e &lt; 1.000</math></li> <li>– Nur regionale Verbreitung der Rasse</li> <li>– Problematische Züchterstruktur</li> <li>– Erhebliches Gefährdungspotential durch Bestandsrückgang</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>– Anlegen von Kryokonserven</li> <li>– Bsp.: Glanrind, Bunte Bentheimer</li> </ul>
Nicht gefährdet	<ul style="list-style-type: none"> <li>– <math>N_e &gt; 1.000</math></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>– Keine staatlichen Erhaltungsmaßnahmen notwendig</li> <li>– Bsp.: Holstein Friesian</li> </ul>

Unabhängig der Gefährdungskategorie einer Population stellt die Zucht in kleinstrukturierten Populationen eine Herausforderung dar. Wie im Kapitel 2.2 erwähnt, wird die Qualität der Zuchtwertschätzung unter anderem von der Art und dem Umfang der verfügbaren Phänotypen und Pedigreeinformationen bestimmt (Dekkers und Hospital, 2002; Willam und Simianer, 2011). Entsprechend steht die Zucht in kleinstrukturierten Populationen durch den geringeren Datenumfang generell vor einer Schwierigkeit. Des Weiteren besteht in der Ausrichtung der Zuchtprogramme eine zusätzliche Herausforderung aufgrund des Zielkonfliktes (Abbildung 1), welcher zwischen der genetischen Eigenständigkeit, dem Zuchtfortschritt und der genetischen Diversität einer Rasse besteht (Hartwig und Bennewitz, 2014).

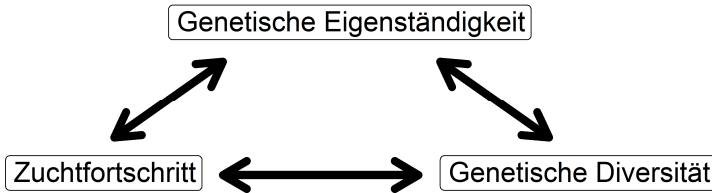


Abbildung 1: Zielkonflikt bei der züchterischen Bearbeitung kleiner Rassen (Hartwig und Bennewitz, 2014).

Kleine lokale Populationen zeigen in der Regel eine geminderte Leistung gegenüber vergleichbaren intensiv genutzten Rassen. Damit sich dieser Wettbewerbsnachteil nicht forciert und Tierhalter das Interesse an diesen Rassen verlieren, ist ein kontinuierlicher Zuchtfortschritt wichtig. Zudem ist es im Sinne der Rasseerhaltung die genetische Eigenständigkeit und Diversität zu erhalten, was bedeutet, dass der Fremdrasse- und Inzuchtanteil minimiert wird (Hartwig und Bennewitz, 2014). Biermann (2015) formuliert als wesentlichen Bestandteil von Erhaltungs-zuchtprogrammen die Bewahrung der genetischen Variabilität durch die Minimierung des Inzuchtzuwachses innerhalb einer Population, wobei Maßnahmen der Inzuchtkontrolle der Spezies, Rasse bzw. Population angepasst werden müssen. Speziell in kleinen Populationen stellen der Inzuchtzuwachs und die damit einhergehenden Inzuchtdepressionen ein Problem dar. Nach König und Simianer (2006) sollten Inzuchtdepression, Homozygotie sowie die Erhaltung der genetischen Variabilität bei jeglichen Selektionsentscheidungen berücksichtigt werden, um ein optimales Gleichgewicht zwischen langfristigen verwandtschaftlichen Beziehungen der Tieren untereinander sowie der Selektionsreaktion zu finden. Die „Optimum Contribution Selection“- (= Optimum Genetic Contribution; OCS bzw. OGC) Methode von Meuwissen (1997) bzw. deren Weiterentwicklung von Meuwissen und Sonesson (1998) dienen der Maximierung des genetischen Fortschritts mit gleichzeitiger Beschränkung der durchschnittlichen Inzuchtraten bei überlappenden Generationen (König und Simianer, 2006; Kohl et al., 2020). Weigel und Lin (2002) konnten zeigen, dass bei Anwendung der OCS für die Anpaarung von Bullenvätern und Bullenmüttern der genetische Gewinn bei konstantem Inzuchtgrad gegenüber klassischen Selektionsverfahren höher ist. Auch König und Simianer (2006) weisen darauf hin, dass ein gezieltes Inzucht- und Verwandtschaftsmanagement nach der OCS zu einer Steigerung des genetischen Gewinns um 13,1 % gegenüber konventionellen Zuchtprogrammen führt. Des Weiteren demonstrieren sie, dass kurzfristig, durch gezielte Anpaarungspläne basierend auf der OCS der Inzuchtkoeffizient der Nachkommen um 66,5 % geringer ist gegenüber Zufallspaarungen. Sie schlussfolgerten,

dass die OCS in Kombination mit spezifischen Anpaarungsplänen ein praktikables Instrument zur langfristigen Kontrolle der verwandtschaftlichen Beziehungen innerhalb einer Population und zur kurzfristigen Kontrolle der Inzuchtkoeffizienten innerhalb praktischer Tierbestände dient. Zum anderen weisen sie auch auf das Anwendungspotential für kleine Populationen hin. Der Inzuchtzuwachs wird begrenzt, gleichzeitig kann aber ein gewisses Niveau an genetischem Zuwachs angestrebt werden (König und Simianer, 2006). So konnten Gourdine et al. (2012) durch Simulationsanalysen für Schweinepopulationen mit lediglich 300 weiblichen Zuchttieren einen ähnlichen genetischen Zuwachs ( $\Delta G$ ) für Fleischqualitätsmerkmale ( $\Delta G = 0,2$  bis  $0,5$ ) nach der OCS generieren wie für klassische Selektionsentscheidungen ( $\Delta G = 0,3$  bis  $0,5$ ), allerdings mit deutlich geringeren Inzuchtraten von  $\Delta F = 0,7\%$  bis  $1,2\%$  gegenüber  $\Delta F = 2,3\%$  bis  $5,7\%$ . Entsprechend resümieren sie, dass der potenzielle Nutzen der OCS für kleine Population im Zusammenhang mit der nachhaltigen Bewirtschaftung und Nutzung genetischer Ressourcen liege.

Fernández et al. (2011) untersuchten Möglichkeiten des Managements der genetischen Diversität in kleinstrukturierten Populationen. Sie kamen zu dem Schluss, dass insbesondere in kleinen Populationen zunächst auf die Maximierung der effektiven Populationsgröße ( $N_e$ ) unter Beachtung der OCS fokussiert werden sollte, um die genetische Vielfalt zu erhalten bzw. zu erhöhen und gleichzeitig die Zunahme der Inzucht und deren negative Auswirkungen zu minimieren (Fernández et al., 2011).

### 2.2.2 Modellierung von Umwelteffekten

Das Aufstellen eines optimalen Modells zur Schätzung der phänotypischen Leistung ist mit einigen Schwierigkeiten verbunden (van Vleck, 1987). So kann es durch Selektion sowie eine mangelhafte Berücksichtigung von Zeitgefährtengruppen zu einer Verzerrung der genetischen Vorhersagen kommen (van Vleck, 1987), wobei grundsätzlich zwischen einer geringen Verzerrung und einer geringen Varianz der Vorhersagefehler (= hohe Genauigkeit) abgewogen werden muss (van Vleck, 1987; Carabano et al., 2004). Die Funktion des Zeitgefährten-Effektes besteht darin, ähnliche Bedingungen und Managementpraktiken bei der Leistungserbringung zu berücksichtigen und so Verzerrungen innerhalb genetischer Modellierungen zu reduzieren (van Vleck, 1987; Visscher und Goddard, 1993; van Bebber et al., 1997; Kennedy und Trus, 1993; Vasconcelos et al., 2008). Die Bildung der Zeitgefährtengruppe (ZGG) ist dabei nicht trivial. So haben die Merkmale zur Definition der ZGG, die Entscheidung zur Berücksichtigung als fixer oder zufälliger Effekt sowie die Anzahl der Beobachtungen pro ZGG einen Einfluss, sowohl auf die Verzerrungen, als auch die geschätzten genetischen Parameter (van Vleck, 1987;

Visscher und Goddard, 1993; Vasconcelos et al., 2008). ZGG können als Kombination z.B. aus der Herde/dem Betrieb, der Jahreszeit (= Saison), der Laktation und der Wurfnummer zusammengesetzt werden (van Vleck, 1987). Die Berücksichtigung der ZGG als fixer Effekt in der Modellierung minimiert Verzerrungen, sofern keine zufälligen Assoziationen mit dem Vatertier auftreten (van Vleck, 1987; Visscher und Goddard, 1993; Vasconcelos et al., 2008). Vasconcelos et al. (2008) vergleicht diese zufälligen Assoziationen mit einer Art Vorzugsbehandlung, bei der hochrangige Bullen bevorzugt (ausschließlich) in Herden mit hohem Produktionsniveau eingesetzt werden. Die Verwendung der ZGG als zufälliger Effekt kann diesen Umstand in gewisser Weise verringern (Visscher und Goddard, 1993; Strabel et al., 2005), insbesondere, wenn schwach besetzte ZGG auftreten (Vasconcelos et al., 2008). Zusätzlich erhöht sich durch die Verwendung als zufälliger Effekt die effektive Töchterzahl (van Vleck, 1987), allerdings auf Kosten eines möglichen Vorhersagefehlers (= Bias) (van Vleck, 1987; Vasconcelos et al., 2008). Visscher und Goddard (1993) empfehlen für die praktische genetische Bewertung die Verwendung der ZGG als fixen Effekt, da nicht zufällige Assoziationen zwischen Vatertier und ZGG bestehen können. Je umfassender die Gestaltung der ZGG (= mehr Merkmale zur Definition der ZGG) erfolgt, desto höher ist die Anzahl der verfügbaren ZGG und damit eine genauere Anpassung an die Umwelt bei der Leistungserbringung möglich. Gleichzeitig erhöht sich aber auch die Wahrscheinlichkeit schwach (= wenige Beobachtungen) besetzter Gruppen (van Vleck, 1987; Vasconcelos et al., 2008). Dies führt nach van Vleck (1987) zu einem Verlust der effektiven Töchterzahl eines Vatertieres und damit zu einer gesteigerten Varianz des Restfehlers.

Vasconcelos et al. (2008) führen an, dass es mitunter in kleinen Betrieben vorkommen kann, dass abhängig von der ZGG-Definition nur wenige (ein oder zwei) Beobachtungen vorliegen. Insbesondere, wenn die Datensätze für die genetischen Analysen klein sind, kann es dadurch zu Verzerrungen kommen (Strabel und Szwaczkowski, 1999). So schlagen Schmitz et al. (1991) eine Mindestbeobachtungszahl von 10 bis 15, Vasconcelos et al. (2006) mindestens 5 und Carabano et al. (2004) mindestens 3 Beobachtungen pro ZGG vor. Grünhagen und Swalve (1997) hingegen zeigen, dass eine Mindestbeobachtungszahl von 4 bei Verwendung von Kontrolltagsdaten erstlaktierender Holstein Friesian lediglich zu geringfügigen Steigerungen der Genauigkeiten führen im Vergleich zum Gesamtdatensatz, sodass sie eine Mindestbeobachtungszahl pro ZGG als nicht notwendig erachten (Grünhagen und Swalve, 1997). Des Weiteren hätte eine entsprechende Vorgabe zur Folge, dass vor allem kleine Betriebe aus der genetischen Bewertung ausgeschlossen werden (Vasconcelos et al., 2008). Ein Ausschluss dieser Betriebe würde jedoch zu einem Informationsverlust führen, was sich negativ

auf den genetischen Fortschritt auswirken kann (Swalve, 1995). Aus Züchtersicht wäre es nach Carabano et al. (2004) nicht nachvollziehbar, kleine Betriebe bzw. deren Tiere auszuschließen, da sie Informationen für das Selektionsprogramm innerhalb des Betriebes liefern. Um einen Ausschluss zu verhindern, schlagen einige Autoren vor, ZGG zu gruppieren, indem entweder Herden-Testtags-Klassen innerhalb einer Herde (Schmitz et al., 1991; Carabano et al., 2004), zwischen Herden (Vasconcelos et al., 2006) oder einer Kombination beider Varianten (Strabel und Szwaczkowski, 1999) verwendet werden. Vasconcelos et al. (2006) und Vasconcelos et al. (2008) nutzen zudem Managementinformationen (z.B. Herdengröße, das mittlere monatliche Produktionsniveau eines Tieres) zur Gruppierung von schwach besetzten ZGG und konnten zeigen, dass mit ihrer Strategie sich die so gruppierten ZGG nur gering von der ursprünglichen Herde unterscheiden, und generierten so höhere Genauigkeiten.

Ein ähnlicher Ansatz wird in der vorliegenden Arbeit speziell für kleine Populationen verwendet. Hierbei soll der generelle „Effekt des Betriebes“ durch einen gemeinsamen Effekt von Betrieben mit ähnlichen Merkmalen (= „Betriebstypen-Effekt“) ersetzt werden.

### **2.3 Multivariate Analyseverfahren in der Tierzucht**

Multivariate statistische Analyseverfahren sind bewährte statistische Methoden, um in umfassenden Datensätzen enthaltene Strukturen zu überprüfen oder identifizieren zu können (Köbrich et al., 2003). Strukturprüfende Methoden wie Regressionsanalyse, Varianzanalyse oder logistische Regression sind in den Tierwissenschaften weitverbreitete und gut evaluierte Anwendungen. So bildet bspw. die Varianzanalyse die Basis zahlreicher weiterführender Analysen, z.B. bei Abebiyi et al. (2018) zur Untersuchung der Wirkung von hydroponischem Maisfutter auf die Leistung und Nährstoffverdaulichkeit bei abgesetzten Ferkeln oder die logistische Regression u.a. bei May et al. (2019) - zur Bestimmung der Wahrscheinlichkeit für das Auftreten von heterozygoten Genotypen in Abhängigkeit vom betrachteten Zielmerkmal oder bei Bagheri et al. (2013) - zur Identifizierung günstiger SNP-Genotypen für klinische Mastitis und Produktionsmerkmale bei Holstein-Milchvieh. Wenn jedoch in umfangreichen Datensätzen keine Strukturen direkt bekannt sind, sondern diese nur vermutet werden, helfen strukturentdeckende Verfahren diese ausfindig zu machen. Dabei haben sich unter anderem die Faktorenanalyse (insbesondere die Hauptkomponentenanalyse) oder auch die Clusteranalyse bewährt.

Faktorenanalysen finden vor allem Anwendung, wenn Objekte von einer Vielzahl von Eigenschaften beeinflusst werden, welche untereinander korrelieren, d.h. Eigenschaften sich

gegenseitig beeinflussen. Mithilfe der Faktorenanalyse können voneinander unabhängige Haupteigenschaften ermittelt werden (Köbrich et al., 2003).

Im Kontext landwirtschaftsbezogener Themen wird häufig von „dem Betrieb“ gesprochen. Allerdings hat, wie Köbrich et al. (2003) berichten, kein Betrieb dieselben Ressourcen oder Probleme wie andere, was impliziert, dass letztlich jeder Betrieb mehr oder minder einzigartig ist. Dies verlangt theoretisch eine einzelbetriebliche Betrachtung jeglicher Fragestellungen. Im wissenschaftlichen Kontext bzw. in der praxisorientierten Beratung ist dies kaum umsetzbar und es müssen Verallgemeinerungen getroffen werden. Entscheidend hierbei ist, dass trotz der Zusammenfassung die notwendigen Informationen zur Beantwortung der Fragestellung nicht verschleiert werden. Wobei es je nach Fragestellung mitunter ausreichend ist, eine recht grobe Umwelteinteilung z.B. „bio vs. konventionell“, „Großbetrieb vs. Kleinbetrieb“ oder hinsichtlich spezieller Produktionsmerkmale (Milch- oder Fleischleistung) „Obere 25 %“ vs. „Untere 25 %“ vorzunehmen. Sollen jedoch differenziertere Einteilungen durchgeführt werden, kommt die subjektive „händische“ Einteilung schnell an ihre Grenzen. Als objektive Alternative finden hier clusteranalytische Methoden Anwendung, welche mit einer Vielzahl an beschreibenden Merkmalen umgehen können.

### **2.3.1 Grundlagen und Ziele der Clusteranalyse**

Grundlegendes Ziel clusteranalytischer Methoden ist es in Datensätzen Gruppen mit ähnlichen Eigenschaften zu identifizieren, wobei die Objekte innerhalb einer Gruppe (= Cluster) möglichst homogen (Intra-Homogenität) und zwischen Gruppen möglichst unterschiedlich (Inter-Heterogenität) sein sollen (Ruspini, 1969; Köbrich et al., 2003). Es wird in dem Zusammenhang auch von der Kompaktheit bzw. Separation von Clustern gesprochen (Liu et al., 2010). Clusterverfahren unterteilen sich grundsätzlich in disjunkte und probabilistische Verfahren. Disjunkte Verfahren wie die agglomerative hierarchische Clusterung (AHC) oder die Partitionierung um Medoiden (PAM) ordnen jedes Objekt (nachfolgend mit „Betrieb“ gleichgesetzt) genau einer Gruppe/einem Cluster (nachfolgend mit „Betriebstypen“ - gleichgesetzt) zu. Dagegen können bei den probabilistischen Verfahren, wie der Fuzzy Clusterung, Betriebe mehreren Betriebstypen anhand einer Zuordnungswahrscheinlichkeit zum jeweiligen Betriebstyp zugeordnet werden (Bracholdt, 2009).

Ausgehend von den erfassten  $p$  Merkmalseigenschaften  $f = \{f_i, i = 1, 2, \dots, p\}$  können  $n$  Betriebe  $O = \{O_j; j = 1, 2, \dots, n\}$  als  $(p \times n)$  - Merkmalsmatrix  $X = [x_{ij}]$  zusammengefasst werden:

$$X_{(p,n)} = \begin{bmatrix} x_{1,1} & \cdots & x_{1,n} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ x_{p,1} & \cdots & x_{p,n} \end{bmatrix}$$

wobei ein beliebiger Betrieb durch einen eindeutigen Spaltenvektor  $x_{(O_i)} = \begin{bmatrix} x_{1,i} \\ \vdots \\ x_{p,i} \end{bmatrix}$  im  $n$ -dimensionalen Merkmalsraum beschrieben werden kann (Fletling, 2010). Die Auswahl der Merkmale beeinflusst dabei maßgeblich die zu bildenden Betriebstypen.

### 2.3.2 Proximitätsmaße clusteranalytischer Verfahren

Zur Bestimmung, inwieweit Betriebe sich ähnlich sind oder nicht, werden bei Clusteranalysen Proximitätsmaße (Ähnlichkeits- oder Distanzmaße) verwendet. Ähnlichkeitsmaße wie der „Jaccard-Koeffizient“, „RR-Koeffizient“ oder „Simple-Matching-Koeffizient“ erfassen die Ähnlichkeit zwischen zwei Betrieben. Je höher dieser Wert ist, desto ähnlicher sind sich diese Betriebe. Ähnlichkeitsmaße finden vor allem dann Anwendung, wenn die Beschreibung der Betriebe durch nominale Merkmale erfolgt. Sind die Merkmale zur Beschreibung jedoch metrisch skaliert, werden Distanzmaße, wie z.B. „Minkowski-Metriken“, „City-Block-Metrik“, „Euklidische Distanz“ oder „Mahalanobis-Distanz“, zur Beschreibung von Unähnlichkeiten verwendet. Je kleiner die Distanz zwischen zwei Betrieben ist, desto größer ist ihre Ähnlichkeit und umgekehrt. Eine weitere Methode, die „Gower-Distanz“, welche von Gower (1971) etabliert und von Struyf et al. (1996) modifiziert wurde, basiert ebenfalls auf Distanzmaßen. Diese hat gegenüber den anderen Methoden jedoch den entscheidenden Vorteil, dass sie unterschiedliche Skalenniveaus (nominal, ordinal, (a)symmetrisch und metrisch) berücksichtigen kann. Die dazu berechnete Distanz  $d(a, b)$  ist definiert als:

$$d(a, b) = \frac{\sum_{f=1}^p \delta_{ab}^{(f)} d_{ab}^{(f)}}{\sum_{f=1}^p \delta_{ab}^{(f)}}$$

wobei  $d_{ab}^{(f)}$  den Beitrag von  $f$  zu  $d(a, b)$  in Abhängigkeit des Skalenniveaus beschreibt:

- $f$  ist binär oder nominal skaliert:  $d_{ab}^{(f)} = 0$  (wenn  $x_{af} = x_{bf}$ ), andernfalls  $d_{ab}^{(f)} = 1$
- $f$  ist intervallskaliert:  $d_{ab}^{(f)} = \frac{|x_{af} - x_{bf}|}{\max_h x_{hf} - \min_h x_{hf}}$
- $f$  ist ordinal oder verhältnisskaliert: Bestimmung der Ränge  $r_{if}$  und  $z_{if} = \frac{r_{if} - 1}{\max_h r_{hf} - 1}$ ,

wobei  $z_{if}$  als intervallskaliert betrachtet wird

und  $\delta_{if}^{(f)}$  beschreibt die Gewichtung der Variable  $f$ . Fehlt  $x_{if}$  oder sind  $x_{if} = x_{jf} = 0$  oder ist  $f$  binär asymmetrisch, nimmt  $\delta_{if}^{(f)}$  den Wert 0 an, andernfalls den Wert 1 (Gower, 1971; Struyf et al., 1996; Pavoine et al., 2009). Weitere Vorteile der Gower-Distanz sind unter anderem, dass keine Normalverteilung kontinuierlicher Variablen erforderlich ist, dass eine Skalierung  $[0,1]$  aller Variablen erfolgt sowie eine Gewichtung einzelner Variablen möglich ist (Clark et al., 2020).

### 2.3.3 Clustermethoden

Clusteranalysen umfassen eine Vielzahl von unterschiedlichen Methoden, welche je nach Einsatzgebiet und Fragestellung unterschiedliche Vorteile mit sich bringen. Nachfolgend werden die in dieser Arbeit verwendeten Methoden kurz beschrieben.

#### 2.3.3.1 Agglomerative hierarchische Clusterung

Bei einer agglomerativen hierarchischen Clusterung (AHC) werden Betriebe sukzessiv basierend auf den Proximitätsmaßen zu Betriebstypen zusammengefasst. Hierbei wird zu Beginn des Prozesses jeder Betrieb als „einzelner Betriebstyp“ interpretiert. Anschließend werden Betriebstypen mit den günstigsten Proximitätsmaßen (Distanzmaße: geringste Werte, Ähnlichkeitsmaße: größte Werte) miteinander fusioniert, bis letztendlich alle Betriebe in einem Betriebstyp vereint sind (Struyf et al., 1996; Köbrich et al., 2003; Elle, 2005). Hierbei obliegt es dem Anwender zu entscheiden, welche Anzahl an Betriebstypen zur Beantwortung der Fragestellung genutzt wird. Zur Fusionierung der einzelnen Betriebe bzw. Betriebstypen stehen verschiedene Algorithmen zur Verfügung (z.B. Single-, Complete-, Average-Linkage, Ward-Methode), welche je nach Fragestellung unterschiedliche Vorteile bieten. Insbesondere die von Ward (1963) etablierte Methode hat in der praktischen Anwendung große Bedeutung. Durch die Verwendung des „sum-of-squares“-Kriteriums wird bei jedem Clusterungsschritt die Variation innerhalb der neugebildeten Betriebstypen minimiert (Murtagh und Legendre, 2014).

#### 2.3.3.2 Partitionierung um Medoiden (k-medoids)

Bei der Partitionierung um Medoiden (engl.: partition around medoids =PAM) handelt es sich um eine Weiterentwicklung des weitverbreiteten k-Means-Algorithmus. Anders als k-Means ist PAM in der Lage neben metrischen Skalenniveaus auch ordinale Merkmale zu verarbeiten (Maione et al., 2019). Ein weiterer Vorteil besteht darin, dass PAM weniger von Ausreißern beeinflusst wird als die k-Means-Methode, was auf eine differenzierte Verarbeitung der Proximitätsmaße zurückzuführen ist. So wird bei k-Means die Summe der quadratischen

euklidischen Distanz (= Länge des Verbindungsvektors zweier Punkte oder Vektoren) minimiert, wohingegen PAM die Summe der nicht quadrierten Distanz minimiert. PAM identifiziert innerhalb des Datensatzes  $k$  repräsentative Betriebe (=  $k$  Medoiden). Die Auswahl dieser  $k$  Medoiden erfolgt auf der Grundlage, dass die Distanz aller Betriebe um einen Medoiden minimal ist:

$$medoid = \sum_{i=1}^n \min_{t=1 \dots k} d(i, m_t)$$

wobei  $n$  der Anzahl der Betriebe im Datensatz,  $k$  der Anzahl zu bildender Betriebstypen und  $m$  der Teilmenge aus  $n$  entspricht. Jeder Betrieb wird also dem Medoiden zugeordnet, dem er am nächsten liegt (Kaufman und Rousseeuw, 1990; Struyf et al., 1996).

### 2.3.3.3 Fuzzy-Clustering

Die Fuzzy-Clustering (FZC) wird auch als „weicher“ Clusteralgorithmus bezeichnet, da anders als bei AHC oder PAM Betriebe mehreren Betriebstypen zugeordnet werden können. Jeder Betrieb erhält dabei eine Zuordnungswahrscheinlichkeit zu den gebildeten Betriebstypen. Die Zuordnungswahrscheinlichkeit wird dabei durch die Minimierung der nachfolgenden Funktion beschrieben:

$$\sum_{v=1}^k \frac{\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n u_{iv}^r u_{jv}^r d(i, j)}{2 \sum_{j=1}^n u_{jv}^r}$$

hierbei ist  $i$  ein Element des Betriebstyps  $v$ ,  $k$  entspricht der Anzahl an Betriebstypen,  $n$  ist die Anzahl an Betrieben und  $d(i, j)$  entspricht der Distanz zwischen den Betrieben  $i$  und  $j$ . Der Exponent  $r$  [ $1 \rightarrow \infty$ ] beschreibt den Grad der Trennschärfe in der Prozedur, wobei  $r = 1$  einer „harten“ Clustering ähnlich der AHC oder PAM gleichkommt (Struyf et al., 1996; Salasya und Stoorvogel, 2010).

### 2.3.3.4 Clustering von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clustering

Eine Herausforderung bei der Anwendung von Clusteranalysen ist, dass je nach Methode ein einheitliches Skalenniveau bzw. ein Mindestmaß an das Skalenniveau gestellt wird. Die Verwendung der Gower-Distanz bei gemischt-skalierten Datensätzen umgeht dieses Problem durch die Konstruktion einer metrischen Distanzmatrix.

Chavent et al. (2012) entwickelten eine Methode zur Clustering von Variablen (CoV) als Alternative zur Hauptkomponentenanalyse (engl.: principal component analysis, PCA) bzw. zur Multiplen Korrespondenz-Analyse (MCA). Die CoV konzentriert sich im Wesentlichen auf

zwei Aspekte. Erstens, eng verwandte Variablen zu verschmelzen, indem hoch korrelierte Merkmale durch die Maximierung eines sogenannten Homogenitätskriteriums  $H(P_k)$  in Partitionen gruppiert werden. Der zweite Aspekt konzentriert sich auf die Definition einer synthetischen Variablen ( $y_k$ ) für jede Partition basierend auf einem Hauptkomponentenansatz für gemischt-skalierte Daten. Die dabei generierten synthetischen Variablen, die unabhängig vom ursprünglichen Skalenniveau immer metrisch skaliert sind, können als eine Art Gradient gelesen werden (Kuentz-Simonet et al., 2015). Diese „metrisch-synthetischen“ Variablen ermöglichen nachfolgend die Anwendung clusteranalytischer Verfahren.

Partitionen gelten als homogen, wenn deren Variablen eng mit der quantitativen synthetischen Variable  $C_k$  übereinstimmen.

$$\mathcal{H}(P_k) = \sum_{k=1}^K H(C_k) = \lambda_1^1 + \dots + \lambda_1^K$$

wobei  $H(C_k)$  der Homogenität  $H$  der Partition  $C_k$  und  $k$  der Anzahl der zu bildenden Partitionen entspricht. Die Homogenität  $H(C_k)$  ist definiert als die Summe der quadrierten Pearson-Korrelation ( $r^2$ ) für quantitative Variablen ( $x$ ) und dem Korrelationsverhältnis ( $\eta^2$ ) für qualitative Variablen ( $z$ ):

$$H(C_k) = \sum_{x_j \in C_k} r_{x_j, y_k}^2 + \sum_{z_j \in C_k} \eta_{z_j | y_k}^2 = \lambda_1^k$$

mit  $y_k$  als synthetischer Variable des Variablenclusters  $C_k$ , welche die höchste Übereinstimmung zu allen anderen Variablen im Variablencluster darstellt:

$$C_k = \arg \max_{u \in \mathbb{R}^n} \left\{ \sum_{x_j \in C_k} r_{x_j, u}^2 + \sum_{y_j \in C_k} \eta_{y_j | u}^2 \right\}$$

wobei  $u$  der Varianz der Variablen entspricht. Sollten alle quantitativen Variablen zur synthetischen Variable im Variablencluster korreliert (oder anti-korreliert) sein und alle Korrelationsverhältnisse qualitativer Variablen gleich eins sind, wird das Homogenitätskriterium maximiert (Chavent et al., 2012; Brida et al., 2014; Kuentz-Simonet et al., 2015; Kuentz-Simonet et al., 2017). Für die Maximierung des Homogenitätskriteriums  $\mathcal{H}(P_k)$  steht sowohl ein agglomerativer hierarchischer (CoVAHC) als auch ein partitionierender Ansatz zur Verfügung, wobei der partitionierende eine genaue Vorstellung der Anzahl der zu bildenden Partitionen verlangt (Kuentz-Simonet et al., 2015). Der hierarchische Ansatz entwickelt ein Set aus  $P$  Partitionen von Variablen nach folgendem Schema:

1. Anfangspartition: Jede Variable entspricht einer Startpartition  $C_k$ .

2. Zwei Startpartitionen werden zu einer neuen Partition kombiniert, wenn deren Distanz  $d(C_1, C_2) = H(C_1) + H(C_2) - H(C_1 \cup C_2)$  minimal ist, wodurch der Verlust der Homogenität der neuen Partition ebenfalls minimal wird.
3. Schritt 2 wird so lange wiederholt, bis jede Variable mit einer anderen Startpartition bzw. einer anderen Partition kombiniert ist.
4. Endpartition: Alle Startpartitionen befinden sich in einer gemeinsamen Partition.

Es obliegt dem Anwender zu entscheiden, wie viele Partitionen und damit auch wie viele synthetische Variablen gebildet werden sollen.

Aufgrund dieser Gruppierungen besteht prinzipiell die Möglichkeit, die Einzelinformationen in einem zusammengesetzten Indikator für den jeweiligen Fragenkomplex (Variablencluster) zusammenzufassen (Kuentz-Simonet et al., 2015; Kuentz-Simonet et al., 2017) und so die Komplexität eines Fragebogens zu reduzieren bzw. dessen Interpretationsmöglichkeiten zu verbessern.

### 2.3.4 Evaluierungskriterium clusteranalytischer Verfahren

Das Resultat clusteranalytischer Verfahren wird sowohl von den Ausgangsdaten, der gewählten Clustermethode als auch den verwendeten Proximitätsmaßen beeinflusst (Bracholdt, 2009). In Abbildung 2 ist beispielhaft die Bildung von zwei Clustern durch unterschiedliche Clusteranwendungen visualisiert. Abbildung 2A zeigt ineinander verschachtelte Cluster, wohingegen in Abbildung 2B die Punktwolke annähernd in der Horizontalen mittig in zwei Cluster geteilt wird.

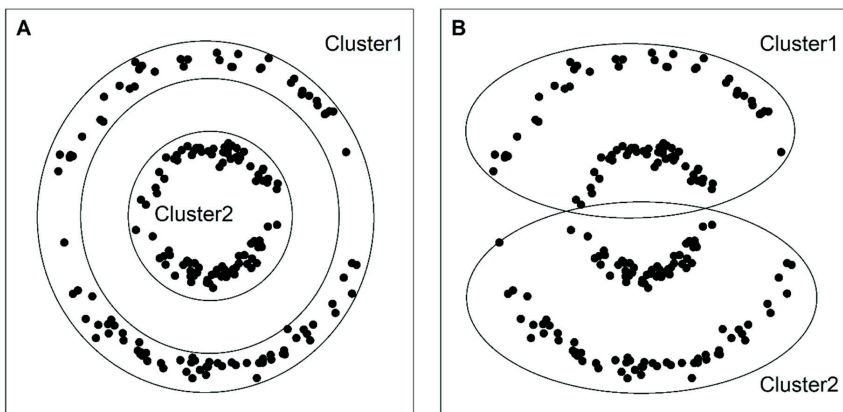


Abbildung 2: Beispielhafte Visualisierung der Clusterzugehörigkeiten durch Anwendung verschiedener Clustermethoden bei identischen Ausgangsdaten (modifiziert nach Bracholdt, 2009).

Das Beispiel verdeutlicht, dass bei Clusterverfahren theoretisch auch „zufällige“ Gruppierungen von Objekten erfolgen können. Subjektive sowie objektive Bewertungsverfahren dienen der Einordnung der Clusterung im jeweiligen Kontext der Fragestellung. Bewertungsverfahren auf subjektiver Basis ermöglichen dem Anwender zwar eine erste Einordnung der Ergebnisse. Da die Kriterien und Informationen zur Bewertung jedoch individueller Entscheidungen bedürfen, ist eine objektive Überprüfung angeraten. Objektive Bewertungsverfahren untersuchen vor allem strukturelle Eigenschaften der gebildeten Cluster (Bracholdt, 2009), insbesondere die Kompaktheit und die Separation der einzelnen Cluster, wobei zwischen internen und externen unterschieden wird. Liu et al. (2010) beschreiben die Kompaktheit von Clustern als Maß für die Verbindung der Objekte in einem Cluster. Abhängig von der Berechnungsmethode ist eine möglichst geringe Varianz der Merkmalsausprägungen oder eine maximale bzw. durchschnittliche paarweise Distanz oder auch eine mittlere Distanz aller Clusterobjekte zum Clusterzentrum möglich. Die Separation beschreibt hingegen, wie deutlich zwei Cluster voneinander getrennt sind. Hierfür können z.B. die paarweisen Abstände zwischen Clusterzentren oder auch paarweise Mindestabstände zwischen Objekten unterschiedlicher Cluster dienen (Liu et al., 2010). Bei externen Bewertungsverfahren werden die Ergebnisse der Clusterung mit bereits vorhandenem Wissen über die Struktur bzw. erwarteten Strukturen verglichen. Beispielhaft hierfür zu nennen sind die „Huberts Korrelation“, die „Randstatistik“, „Jaccard Koeffizient“ oder „Folkes-Malkow Index“ (Halkidi et al., 2002a; Bracholdt, 2009). Interne Bewertungsverfahren hingegen verlangen kein Vorwissen oder Erwartungen an die Struktur, vielmehr wird die Struktur der Ergebnisse hinsichtlich Kompaktheit und Separation bewertet. Zu diesen Verfahren zählen u.a. „Dunn’s Index“, „Silhouette Index“ (= Silhouettenweite), „Calinski-Harabasz-Index“, „Davies-Bouldin Index“ etc. (Halkidi et al., 2002a; Bracholdt, 2009; Liu et al., 2010). Für einen detaillierten Überblick zur Bewertung von Clusterverfahren sei auf die Arbeiten u.a. von Halkidi et al. (2002a), Halkidi et al. (2002b), Liu et al. (2010) verwiesen.

### **2.3.5 Anwendung clusteranalytischer Verfahren im landwirtschaftlichen Kontext**

Die Anwendung clusteranalytischer Verfahren haben im landwirtschaftlichen Kontext ein vielfältiges Einsatzgebiet. Blanco-Penedo et al. (2019) gruppierten mittels Clusteranalyse 192 ökologisch-wirtschaftende Milchviehbetriebe in Europa anhand von strukturellen Merkmalen (114 Variable) und zeigten das Potential für unterschiedliche Beratungsstrategien sowie die differenzierte Umsetzung von Herdengesundheitsplänen in den entsprechenden Betriebstypen. In ähnlicher Weise beschrieben Tremblay et al. (2016) in nordamerikanischen

Betrieben mit automatischen Melksystemen, dass die identifizierten Betriebstypen jeweils ein individuelles multivariablen Produktionsmuster mit einem einzigartigen Managementstil aufwiesen, welche bezogen auf Beratungsangebote andere Anforderungen stellten. Des Weiteren verwiesen sie auf den Vorteil für die Betriebe sich innerhalb von Betriebstypen zu vergleichen anstelle des Vergleiches zu einem generellen Landesdurchschnitt bzw. einem „beliebigen“ Betrieb.

Vor dem Hintergrund der Umsetzung neuer Tierschutzanforderungen untersuchten Franz et al. (2012) inwieweit die Bereitschaft zur Umsetzung entsprechender Vorgaben unter deutschen Schweinehaltern differiert. Basierend auf den Antworten der Fragebögen und der Gruppierung der Betriebe durch clusteranalytische Anwendungen stellten sie fest, dass es unter den Schweinehaltern einen generellen Konsens gibt, was die tiergerechte Unterbringung, Fütterung und Gesundheit anbelangt. Jedoch gibt es ein deutlich divergierendes Verständnis, was das tiergerechte Verhalten angeht. Entsprechend schlussfolgern sie, dass unterschiedliche Vermittlungs- /Beratungsstrategien verfolgt werden müssen, um eine breite Akzeptanz bei den Tierhaltern zu generieren.

Ivemeyer et al. (2017) nutzen die Eigenschaft der objektiven Klassifizierung von Clusteranalysen, um anhand von topografischen und strukturellen Merkmalen (90 Variablen) bei 204 ökologischen Milchviehherden in Deutschland Ähnlichkeiten und Unterschiede zu identifizieren und beschreiben vier typische Betriebstypen. Riveiro et al. (2013) untersuchten inwieweit spanische Milchschaferherden (44 Herden) sich hinsichtlich einer Reihe von Merkmalen (190 Variablen) unterschieden, welche die Produktionsstruktur von Betrieben mit geringer zeitlicher Variabilität widerspiegeln. Untersuchungen von Reichenbach et al. (2021) in der indischen Großstadt Bengaluru zeigen, inwieweit sich durch die rasanten Urbanisierungsprozesse unterschiedliche Milchproduktionssysteme etabliert haben.

Tabelle 2 gibt einen Überblick relevanter Literatur zu Clustermethoden, bei denen Betriebe/Herden analog zur vorliegenden Arbeit anhand von Betriebscharakteristika, allerdings basierend auf abweichenden Fragestellungen, in Cluster/Betriebstypen eingeteilt wurden.

Als eine weitere Möglichkeit verwenden Gernand et al. (2007) und König et al. (2008a) einen Clusteransatz zur Implementierung eines Testherdensystems für Holstein Friesian in Deutschland. Dessen Ziel besteht darin, basierend auf dem Leistungsniveau der Herden, dem Erstkalbealter und der Herdengröße optimale und möglichst homogene Herden zu identifizieren. Yin und König (2019) nutzen zur Identifikation potenzieller Kandidatengene (direkter genetischer und mütterlicher genetischer Effekte), die das Körpergewicht von Milchkühen in verschiedenen Altersstufen beeinflussen, ebenfalls Clustermethoden. Hierzu

## 2. Literaturübersicht

clustern sie 15.921 genotypisierte Kühe aus 56 Großbetrieben basierend auf den 20 Hauptkomponenten einer vorangegangenen Hauptkomponentenanalyse der genomischen Verwandtschaftsmatrix in drei verschiedene Cluster.

Osorio-Avalos et al. (2015) verwendeten den Clusterungsansatz, um Merinoschafherden unter ähnlichen Umweltbedingungen zu kombinieren, um so den Grad der genetischen Verbindung bei der Bildung von ZGG zu erhöhen. Weigel und Rekaya (1999) entwickelten basierend auf Clusteranalysen die Idee des „borderless Clustering“ für die internationale Zuchtwertschätzung (Milchvieh), um so ZGG auf der Grundlage von Herden unter ähnlichen Umweltbedingungen unabhängig von Ländergrenzen zu definieren.

Die aufgeführten Beispiele verdeutlichen das breite Anwendungsgebiet der Clusteranalyse für verschiedenste Fragestellungen im landwirtschaftlichen Kontext.

Tabelle 2: Übersicht einiger Clusterungsansätze von Betrieben/Herden in der Literatur (modifiziert nach Herold et al., 2021).

Autor	Methode*	Anzahl Betriebe/ Herden	Anzahl Variablen		Anzahl Betriebs- typen
			Erfasst	Für Clusterung genutzt	
Blanco-Penedo et al. (2019)	AHC	192	114	16	3
Ivemeyer et al. (2017)	Zwei-Stufen Clusterung	204	90	4	4
Brotzman et al. (2015)	AHC	557	22	16	6
Köbrich et al. (2003)	AHC	67	25	11	5
	AHC	72	40	8	5
Savoia et al. (2019)	AHC	115		4	6
Guiomar et al. (2018)	PAM	916	22	5	8
Gorgulu (2010)	FZC	136	7	7	4
Kuentz-Simonet et al. (2015)	CoVAHC	544	67	9	7
Tremblay et al. (2016)	Clusterung gemischter latenter Klassenmodelle	529	20	18	6
Salasya und Stoorvogel (2010)	FZC	296	11	11	3
Weigel und Rekaya (1999)	k-Means	45.936	13	9	5
Zwald et al. (2003a)	AHC	233.673	13	13	7

\*AHC = agglomerative hierarchische Clusterung, PAM = Partitionierung um Medoiden, FZC = Fuzzy-Clusterung, CoVAHC = Clusterung von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clusterung, k-Means = Gruppierung um k bekannte Zentren.

### **2.4 Beschreibung der ausgewählten Rassen und Merkmale**

Die durchgeführten Analysen fokussieren vornehmlich auf die bedrohten Rassen - deutsches Schwarzbuntes Niederungsrind (DSN), Bunte Bentheimer (BB) und Leicoma (Lei), sowie eine der weltweit dominierenden Milchviehrassen - Holstein Friesian (HF). Die Gefährdungskategorie (Tabelle 1) einer Population wird, wie bereits in Kapitel 2.2.1 beschrieben durch die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung“ (BLE) in Zusammenarbeit mit dem „Fachbeirat Tiergenetische Ressourcen“ der „Deutschen Gesellschaft für Züchtungskunde e.V.“ (DGfZ) festgelegt. Nachfolgend werden die verwendeten Rassen sowie die Merkmale, an denen die Analysen durchgeführt wurden, beschrieben.

#### **2.4.1 Beschreibung der verwendeten Rinderrassen**

Der züchterische Ursprung des „alten“ Deutschen Schwarzbunten Niederungsrindes (DSN) liegt in den Marsch- und Niederungsgebieten im Nordsee-Raum. Insbesondere seine Anpassungsfähigkeit, die gute Fruchtbarkeit, die gute Dauermilchleistung (Persistenz) bei gleichzeitig guter Mastleistung wurden und werden von den Züchtern geschätzt (Biedermann, 2004; Brade und Brade, 2013; Jaeger et al., 2018). Bereits 1936 beschrieben Lush et al. den Import von Zuchttieren aus Friesland und Nord-Holland nach Amerika in den Jahren zwischen 1852 und 1904, wobei in den Jahren 1883 bis 1885 der Hauptteil der Importe (5.103 Tiere - zwei Drittel aller jemals importierten Tiere) stattfand. Die alten DSN wurden fortan entsprechend ihres Ursprungs als „Holstein-Friesian“ bezeichnet. Somit geht die Entwicklungsgeschichte der amerikanischen HF direkt auf die „alten“ DSN, vor allem aus dem holländisch-friesischen Raum, zurück (Brade und Brade, 2013). Eine detaillierte Aufarbeitung der Zuchtgeschichte von DSN und HF wurde von Mügge et al. (1999) durchgeführt. Des Weiteren sei diesbezüglich auf Veröffentlichungen von Brade und Brade (2013), Biedermann et al. (2005) und Jaeger et al. (2018) verwiesen. Insbesondere die unterschiedlichen Zuchtstrategien spielten in der Rasseentwicklung eine entscheidende Rolle. So fokussierte das amerikanische Zuchtprogramm vornehmlich auf Milchleistung, wohingegen in der europäischen DSN-Zucht weiterhin das klassische Zweinutzungsrind (Milch-Masttyp) präferiert wurde (Brade und Brade, 2013). In den 1960er Jahren verschoben sich die finanziellen Einnahmen der Betriebe vom Rindfleisch zugunsten der Milch, wodurch der Fokus zunehmend auf hohe Milchleistungen gelegt wurde. Bedingt durch den zeitlichen Vorsprung der amerikanischen Züchter und der sehr guten Milchleistung der amerikanischen HF begann in Westdeutschland eine Verdrängungszucht in der DSN-Population mit „zurück-importierten“ amerikanischen HF-Bullen bzw. Spermata. In Ostdeutschland hingegen bildete das DSN-Rind

die Grundlage der synthetischen Rasse „Schwarzbuntes Milchrind der DDR“ (SMR). Zwar wurde in das SMR-Rind neben Jersey ebenfalls HF eingekreuzt, allerdings wurde in den Stammzuchtherden das DSN in Reinzucht gehalten. So wurden insgesamt ca. 4.000 weibliche Tiere, 100.000 eingelagerte Spermaportionen und jährlich zwischen 15 und 20 Jungbullen mit hervorragender Zuchteignung etabliert (Jaeger et al., 2018). In Westdeutschland hingegen konnten nur wenige DSN-Tiere durch engagierte Züchter vor der, von einigen Autoren beschriebenen, „Holsteinisierung“ bewahrt werden. Nach der Wiedervereinigung wurde das SMR-Rind ebenfalls von den hochproduktiven HF verdrängt, so dass folglich auch die Stammzuchtherden nach und nach aufgegeben wurden und der DSN-Bestand kontinuierlich abnahm. Der eigens gegründete „Verein zur Erhaltung und Förderung des alten schwarzbunten Niederungsrindes“ nahm sich in Westdeutschland der Aufgaben der Zuchtorganisation und Herdbuchführung an. In den neuen Bundesländern wurde dies vom Zuchtverband „Rinderproduktion Berlin-Brandenburg GmbH“ (RBB) übernommen. Durch das Engagement der beiden Organisationen konnte die DSN-Population vor dem Aussterben bewahrt und ein Zuchtbestand von 2.000 bis 3.000 weiblichen Zuchttieren und 10 bis 100 männlichen Zuchttieren (Stand 2019: 2.533 weibliche und 24 männliche Zuchttiere (TGRDEU, 2021a)) erhalten werden. Abbildung 3 gibt einen Überblick zur Entwicklung der Bestandszahlen der beiden Rassen (HF unterteilt in die beiden Farbschläge rot- und schwarzbunt) seit 1997. Das DSN-Rind wird von Biedermann (2004) beschrieben mit einer langen Nutzungsdauer, einer guten Gesundheit und Robustheit sowie einer hohen Anpassungsfähigkeit an extensive Haltungsbedingungen. Rinder der Rasse HF werden von Brähmig (2011) als rentable Hochleistungskühe mit milchbetontem Typ, die dem jeweiligen Haltungssystem gerecht und über viele Laktationen nutzbar sind, beschrieben. Trotz ähnlicher Zeichnung unterscheiden sich DSN und HF phänotypisch vor allem hinsichtlich der Körpergröße (DSN kleiner) und der Bemuskelung (DSN stärker bemuskelt) (BLE, 2019).

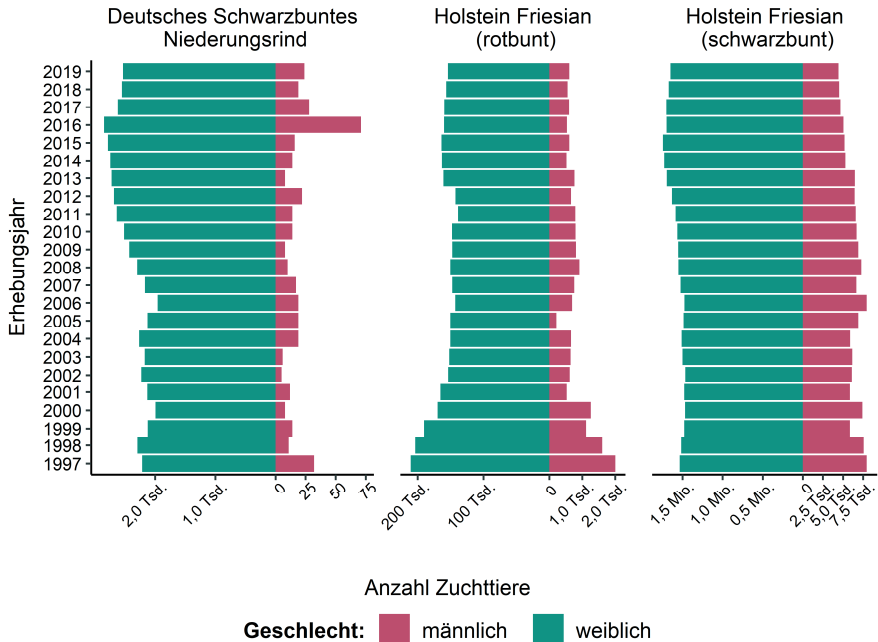


Abbildung 3: Entwicklung der Zuchttierpopulationen (männlich/weiblich getrennt) der Rassen Deutsches Schwarzbuntes Niederungsgrind und Holstein Friesian (rotbunt und schwarzbunt) seit 1997 (TGRDEU, 2021b).

### 2.4.2 Beschreibung der verwendeten Schweinerassen

Die beiden analysierten Schweinerassen haben phylogenetisch, anders als die verwendeten Rinderrassen, keine direkte Überschneidung. Allerdings durchliefen beide Rassen nach einer jeweils populationsstarken Phase, eine (noch anhaltende) Phase, in der die Bestände als bedroht bzw. stark bedroht galten. Als Ursache für die starken Einbrüche in den Bestandszahlen können die veränderten Marktanforderungen und der damit einhergehenden Verdrängung der „Fett-Fleischschweine“ (40 % bis 50 % Fett, z.B. Cornwall, Berkshire, Rotbunte Husumer Schweine) hin zu „Fleischschweinen“ (< 30 % Fett, z.B. Piétrain) gesehen werden (Lengerken und Wicke, 2006).

#### Das Bunte Bentheimer Schwein

Das Bunte Bentheimer Schwein (BB), auch als „Schwarzbuntes“ bezeichnet, ist ein mittelgroßes Schwein mit weißer/grauer Grundfarbe und unregelmäßiger schwarzer Zeichnung (Lengerken und Wicke, 2006). Sambras (2016) beschreibt die Tiere als kräftig, robust, langlebig und frühreif. Zudem gelten sie als stressunempfindlich, bei gutem Aufzuchtvermögen

und zufriedenstellender Futterverwertung. Die Ursprünge des Bunten Bentheimer Schweins liegen in den Marschgebieten im südwestlichen Niedersachsen (Landkreis Grafschaft Bentheim, Emsland und Cloppenburg). Zu Beginn des 20. Jahrhunderts wurden in die vorherrschenden Landschweinerassen die fettreichen englischen Rassen Berkshire und Cornwall eingekreuzt (Kolk gen. Sundag et al., 2006; BLE, 2019). Eine offizielle Herdbuchführung konnte erst ab 1950 etabliert werden. Zu dieser Zeit begann allerdings auch allmählich der Rückgang der Rasse, da eine zunehmende Bedeutung des Muskelfleischanteils ihren Einsatz minderte (Biermann et al., 2012b). In den Jahren um die Jahrtausendwende erreichte die Population ihren Tiefstand (Abbildung 4). Erst mit der Gründung des „Verein zur Erhaltung des Bunten Bentheimer Schweines e.V.“ sowie der Züchtervereinigung „NORDschwein e.V.“, im Jahre 2003 konnte eine Trendumkehr erzielt werden (Abbildung 4). Unterstützend wirkt auch die Tatsache, dass in der Zuchtwertschätzung aktuell keine weitere Erhöhung des Fleischanteils angestrebt wird, sondern ein Fokus auf der Ausprägung einzelner Teilstücke (Swalve, 2013) bzw. der Fleischqualität liegt. Für einen ausführlichen Überblick auf die Rasseentwicklung sei auf die Arbeiten von Kolk gen. Sundag et al. (2006) und Biermann et al. (2012b) verwiesen.

### Das Leicoma Schwein

Das Leicoma Schwein (Lei) ist eine vergleichsweise junge Rasse, deren Anerkennung als eigenständige Rasse erst 1985 erfolgte. Ursprünglich in den 70-iger Jahren primär in der ehemaligen DDR als Zuchtlinie der fünf Ausgangsrassen - Duroc (45,9 %), Deutsche Landrasse (33,8 %) Niederländische Landrasse (9,7 %), Estnische Baconrasse (5,7 %) und Deutsches Sattelschwein (4,9 %) - gezüchtet, wurde es nach der Rasseanerkennung in Reinzuchtprogrammen züchterisch bearbeitet. Die überwiegend als Mutterrasse eingesetzten großrahmigen weißen Schweine zeichnen sich durch eine besondere Merkmalsausprägung hinsichtlich Robustheit, einem hohen Wachstumsvermögen bei gleichzeitig besonderer Fleischqualität sowie einem kräftigen und stabilen Fundament und sehr guter Gesäugeanlage aus. Vor allem die charakterliche Gelassenheit, die Sorgsamkeit und Umsicht der Sauen sowie die überdurchschnittliche Milchleistung gleichen die mäßige Anzahl lebendgeborener Ferkel pro Wurf (durchschnittlich 12,5 lebendgeborene Ferkel) aus, sodass ca. 30 Ferkel pro Sau und Jahr abgesetzt werden können (Münch et al., 2017a; Münch et al., 2017b; BLE, 2019; Mäurer et al., 2020). Zum Vergleich wurden im Jahresbericht 2019/2020 von dem Bundesverband Rind und Schwein e.V. (BRS) (2022) 15,7 lebendgeborene Ferkel pro Wurf und 29,9 abgesetzte Ferkel pro Sau und Jahr rasseunabhängig angegeben. Das Verbreitungsgebiet der Lei beschränkte sich vornehmlich auf die östlichen Bundesländer. In Folge der Wiedervereinigung

Deutschlands reduzierte sich die Nachfrage nach Lei deutlich. Münch et al. (2017b) geben hierfür einen geringen Muskelfleischanteil sowie einen mäßigen Gesundheitsstatus der Zuchtbestände an. In Konsequenz nahmen die Bestandszahlen kontinuierlich ab und erreichten 2012 mit 20 Zuchtsauen und 2 Zuchtebern (Abbildung 4) ihren Tiefstand. Seit 2011 gilt die Rasse als phänotypische Erhaltungspopulation und ist damit eine der am stärksten gefährdeten Schweinerassen in Deutschland (BLE, 2019). Ein öffentlicher Aufruf im Jahr 2012 zur Förderung des Lei Schweins durch das „Informations- und Koordinationszentrum Biologische Vielfalt“ der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung sowie die Untersuchung von Münch et al. (2017a) zur Wirtschaftlichkeit der Rasse haben sich positiv auf die Bestandszahlen ausgewirkt. Vor allem die gute Fleischqualität, bedingt durch den überdurchschnittlichen intramuskulären Fettanteil wird von Münch et al. (2017a) als Rassevorteil angeführt. Diese besonderen Fleischeigenschaften können insbesondere im Markenfleischsegment bzw. bei der Direktvermarktung Vorteile bieten. Allerdings verweisen sie auch darauf, dass deren Ergebnisse nur als Tendenzen interpretiert werden sollten, da der geringe Reinzuchtbestand eine statistische Absicherung der Ergebnisse nicht ermöglicht.

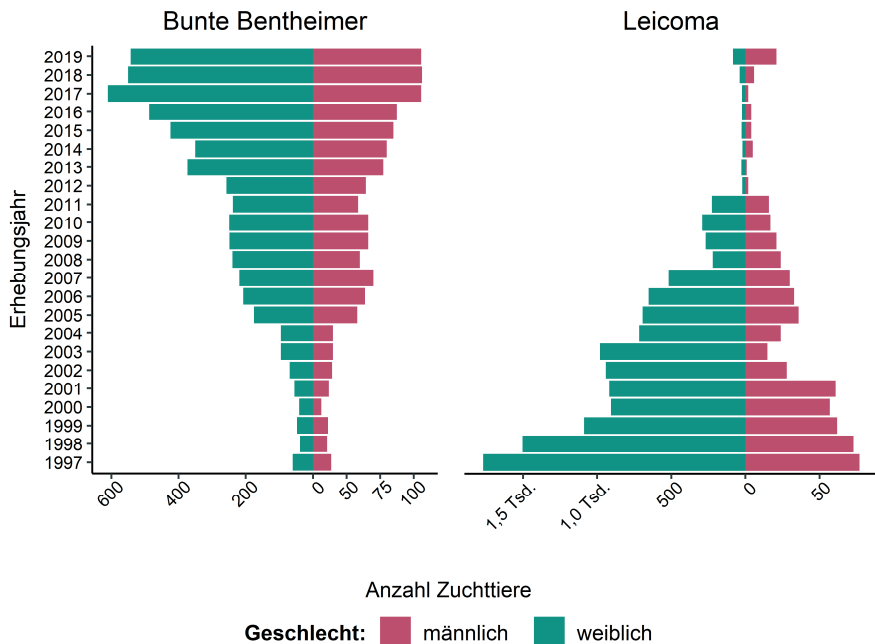


Abbildung 4: Entwicklung der Zucht tierpopulationen (männlich/weiblich getrennt) der Rassen Bunte Bentheimer und Leicoma seit 1997 (TGRDEU, 2021b).

### **2.4.3 Beschreibung der analysierten Merkmale - Rind**

Die Herausforderungen der gegenwärtigen Tierzucht liegen vor allem in der Balance zwischen Tierwohl, der kritischen öffentlichen Betrachtung landwirtschaftlicher Produktion und der Gewinnoptimierung für landwirtschaftliche Betriebe. So gilt es antagonistische Effekte infolge der Selektion auf Produktionsmerkmale durch den gleichzeitigen Erhalt von Fruchtbarkeit und Gesundheit zu kompensieren, bzw. durch die Entwicklung neuer funktionaler Merkmale oder der Zucht von Resistenzen gegen bestimmte Erkrankungen das Tierwohlbefinden positiv zu beeinflussen (Egger-Danner et al., 2015). Insbesondere in der Zucht kleiner Populationen bzw. bedrohter Rassen stellt sich die Frage der Umsetzbarkeit. Die in dieser Arbeit ausgewählten Merkmale fokussieren auf die von Egger-Danner et al. (2015) beschriebenen Problemen der modernen Tierzucht und sollen gleichzeitig basierend auf kleinen Populationsstrukturen untersucht werden, um einen nachhaltigen Effekt für diese Populationen zu generieren. So werden zum einen klassische Produktions- und Fruchtbarkeitsmerkmale, zum anderen neue funktionale Merkmale analysiert.

Nachfolgend soll auf die jeweiligen Kriterien bei der Merkmalerfassung sowie -aufbereitung kurz eingegangen werden.

#### **2.4.3.1 Produktionsmerkmale**

Die Erfassung der Produktionsmerkmale (Milchmenge (Mkg), Proteinmenge/-gehalt (Pkg/PPr) und Fettmenge/-gehalt (Fkg/FPr)) erfolgt in den Betrieben im Rahmen der Milchleistungsprüfungen (MLP). Die Durchführung der MLP sowie die Aufbereitung der Ergebnisse folgen den Regularien des „International Committee for Animal Recording“ (ICAR). Bei der Durchführung der MLP wird zwischen diversen Prüfmethode(n), -schemata, und -intervallen sowie Melkfrequenzen unterschieden. Überwiegend wird in den partizipierenden Betrieben, die A4- (bzw. B4-) Methode durchgeführt, wobei im vierwöchigen Rhythmus eine Probenahme durch eine/n offizielle/n Probenehmerin/Probenehmer (bzw. die Betriebsleiterin/den Betriebsleiter) erfolgt. Damit eine Laktation Berücksichtigung findet, müssen mindestens zwei Testtagsaufzeichnungen pro Tier erfolgen, wobei die erste Beprobung 75 Tage in Milch (DIM) nicht überschreiten darf, sowie der Abstand zwischen zwei MLP-Messterminen zwischen 22 und 37 Tagen (bei vierwöchigem Rhythmus) liegen muss. Die ausgewiesenen Ergebnisse liegen zwischen 5 und 305 DIM (ICAR, 2017).

### 2.4.3.2 Fruchtbarkeitsmerkmale

Die Fruchtbarkeit wird von Darwash et al. (1997) definiert als die Fähigkeit eines Tieres trächtig zu werden sowie die Trächtigkeit aufrechtzuerhalten, wenn es zum richtigen Zeitpunkt in Bezug auf die Ovulation gedeckt wird. Der Fokus der letzten Jahrzehnte auf die kontinuierliche Steigerung der Milchleistung führte aufgrund negativer genetischer Korrelationen (Pryce et al., 1999a; Pryce et al., 2004; Berry et al., 2016) zu einer reduzierten Fruchtbarkeit. Insbesondere in der Frühlaktation zeigt sich ein Diskrepanz, bedingt durch die Energiekonkurrenz zwischen Produktion und Reproduktion (König et al., 2008b). So zeigt bspw. die Non-Return-Rate 56 eine genetische Korrelation von  $r_g = -0,31$ , das Intervall zwischen Kalbung und erster Besamung mit  $r_g = 0,14$  (König et al., 2008b) sowie die Zwischenkalbezeit mit  $r_g = 0,08$  (Haile-Mariam et al., 2003) eine deutlich antagonistische Beziehungen zur Milchleistung. Tiezzi et al. (2012) geben für die genetische Korrelation zwischen dem Merkmal Milchmenge und der Non-Return-Rate 56 Werte zwischen  $r_g = -0,19$  (Färsen) und  $r_g = -0,44$  (1. Laktation), für die Merkmale Milchmenge und Erstbesamungserfolg von  $r_g = -0,15$  (Färsen) und  $r_g = -0,55$  (1. Laktation) an.

Generell haben traditionelle Fruchtbarkeitsmerkmale wie „Verzögerungszeit“ (Tage zwischen erster und erfolgreicher Besamung, engl.: „Days open“), „Zwischenkalbezeit“, „Rastzeit“ (Zeitraum zwischen Kalbung und erster Besamung) oder „Anzahl der Besamungen pro Konzeption“ eine relativ geringe Erbllichkeit (Haile-Mariam et al., 2003; Andersen-Ranberg et al., 2005; König et al., 2008b; Gernand und König, 2017), wodurch eine züchterische Bearbeitung erschwert wird bzw. zuverlässige Schätzungen eine große Anzahl Phänotypen verlangen. Da die Fruchtbarkeit jedoch direkte ökonomische Auswirkungen hat, ist die züchterische Bearbeitung im Sinne der Landwirtschaft unabdingbar. Boichard (1990) zeigte, dass eine Reduktion der durchschnittlichen Konzeptionsrate von 60 % auf 45 % bei gleichbleibender Milchleistung zu einer Verringerung des Einkommens um 10 % führen kann. Berry et al. (2016) verweisen aber auch darauf, dass ein zunehmendes Verständnis der genetischen Zusammenhänge und einem damit einhergehenden optimierten Fruchtbarkeitsmanagement zu einer Reduktion der antagonistischen Effekte zwischen Fruchtbarkeits- und Produktionsmerkmalen beitragen kann.

#### Rastzeit (RAST)

Ein weitverbreitetes Merkmal ist die Rastzeit (RAST), welche die Fähigkeit der Kuh widerspiegelt, nach der Kalbung erneut Östrussympptome zu zeigen (Andersen-Ranberg et al., 2005). Die RAST setzt sich aus der biologischen Wartezeit (Zeit, die das Tier benötigt, um wieder in einen Zyklus zu kommen, z.B. Rückbildungsphase der Gebärmutter (Miller et al.,

2007)) und der freiwilligen Wartezeit (Managemententscheidung für eine bewusste Verlängerung, z.B. bei hoher Milchleistung und Persistenz zur Verlängerung der Laktation (Miller et al., 2007; Inchaisri et al., 2011)) zusammen. Als klassisches Intervall-Merkmal ergibt es sich als Differenz zwischen dem Kalbezeitpunkt und der darauffolgenden ersten Besamung.

### Erstbesamungserfolg (EBE)

Der Erstbesamungserfolg (EBE) wird als binäres oder „Erfolgsmerkmal“ (erfolgreich besamt oder nicht erfolgreich besamt) verstanden und bezieht sich darauf, inwieweit die erste Besamung erfolgreich war und zur Trächtigkeit geführt hat oder nicht.

### **2.4.3.3 Funktionale Merkmale und Gesundheitsindikatoren**

Unter dem Begriff „funktionale Merkmale“ werden nach der Definition von Groen et al. (1997) Eigenschaften eines Tieres zusammengefasst, die die Effizienz der Produktion durch Reduktion der Inputkosten erhöhen, gleichzeitig aber keine Folge einer Steigerung der Produktionsleistung sind. Zudem können sie sich positiv auf die Vermarktbarkeit von Produkten, z.B. durch die Erfüllung von Verbrauchererwartungen (Swalve, 2003), auswirken (Groen et al., 1997). Analog definiert Swalve (2003) funktionale Merkmale als kosteneinsparende Merkmale, welche nur indirekt mit der Produktionsleistung zusammenhängen. Entsprechend werden beim Milchrind bspw. die Merkmalskomplexe der Zuchtleistung (Besamungserfolg, Kalbeverhalten und Kälberverluste), der Gesundheit (Mastitisanfälligkeit, Fundamentprobleme), der Melkbarkeit, der Nutzungsdauer (Swalve, 2003) oder auch des Verhaltens (Tönepöhl, 2012; Egger-Danner et al., 2015) aufgeführt. Eine einheitliche Definition funktionaler Merkmale findet sich in den Regularien des ICAR (ICAR, 2020a). In der aktuellen Zusammensetzung des Gesamtzuchtwertes für HF (RZG, Stand: August 2022) wird dieser Merkmalskomplex mit insgesamt 49 % (Gesundheit 18 %, Nutzungsdauer 18 %, Fruchtbarkeit 7 %, Kälberfitness 3 %, Kalbeverlauf 3 %) gewichtet (Bundesverband Rind und Schwein e.V. (BRS), 2021). Funktionale Merkmale haben heutzutage eine deutlich stärkere Bedeutung im Vergleich zu den Jahren zuvor, in denen der Fokus primär auf der Steigerung von Produktionsmerkmalen lag (Swalve, 2003). Zum Vergleich gibt Tönepöhl (2012) die Gewichtung des RZG vom Deutschen Holstein Verband aus 2012 mit 30 % (20 % Nutzungsdauer, 7 % Eutergesundheit, 3 % Kalbeeigenschaften) an.

Vor allem die Berücksichtigung von Gesundheitsmerkmalen spielt aktuell eine große Rolle, birgt allerdings auch einige Herausforderungen. So ist eine kontinuierliche und standardisierte Beurteilung zur Berücksichtigung in Zuchtprogrammen unabdingbar (Schöpke und Swalve, 2016). Routinemäßige genetische Evaluationen für direkte Gesundheitsmerkmale existieren in

Österreich (seit 2010), in Deutschland (seit 2010), in Frankreich (seit 2012) und in Kanada (seit 2013) (Egger-Danner et al., 2015). Insbesondere die Qualität der erfassten Merkmale ist hierbei entscheidend (Gernand und König, 2017).

So nutzten Gernand et al. (2012) bspw. Daten aus Testherden in Deutschland zur Analyse genetischer Parameter der Merkmale Mastitis, Klauenerkrankungen, Fruchtbarkeitsstörungen, Stoffwechselstörungen sowie Ektoparasitenresistenzen, um die Verlässlichkeit der erfassten Daten durch entsprechend geschultes Personal zu gewährleisten. Tierärzt:innen haben bei der direkten Beurteilung von Erkrankungen eine Schlüsselrolle (Schöpke und Swalve, 2016). Egger-Danner et al. (2015) betonen, dass die Motivation aller Beteiligten – Landwirt:innen, Tierärzt:innen, Berater:innen - entscheidend ist für eine erfolgreiche Merkmalerfassung. Nichtsdestotrotz betonen Neuenschwander et al. (2012), dass vor allem die subjektive Erfassung sowie die geringen Inzidenzen vieler Erkrankungen eine Zuchtwertschätzung erschweren. So schätzten bspw. Zwald et al. (2004), Neuenschwander et al. (2012) und Gernand et al. (2012) niedrige Heritabilitäten mit Werten zwischen  $h^2 = 0,02$  und  $h^2 = 0,22$ .

Anstelle der direkten Erfassung von Erkrankungskomplexen können Indikatormerkmale - mit bestimmten Erkrankungen assoziierte Merkmale - eine nützliche Alternative darstellen (Stock et al., 2012; Egger-Danner et al., 2015). Die nachfolgend beschriebenen Indikatormerkmale wurden in der vorliegenden Arbeit verwendet.

### *Somatic-Cell-Score (SCS)*

Mastitis als Folge intramammärer Infektionen resultiert in einem Anstieg der somatischen Zellzahl und wird als Abwehrreaktion gegen Pathogene verstanden (Shook et al., 2017). Die Bestimmung der somatischen Zellzahl erfolgt im Rahmen der MLP, ebenfalls nach den Regularien des ICAR (ICAR, 2017, 2020b). Sowohl in nationalen wie auch internationalen Zuchtprogrammen hat die somatische Zellzahl als Indikator der Eutergesundheit eine lange Tradition (Gernand et al., 2012), wobei hier vornehmlich der Somatic-Cell-Score (SCS) Anwendung findet. Der SCS wurde bereits in den 1980er Jahren von Ali und Shook (1980) entwickelt, um für den somatischen Zellgehalt eine Normalverteilung sowie Varianzhomogenität zu generieren. Naturgemäß wird die Zellzahl im Bereich von Tausend bis Millionen Zellen pro Milliliter angegeben, woraus sich eine rechtsschiefe (= linkssteile = positive Schiefe; Mittelwert > Median) Verteilung ergibt, was in statistischen Analysen häufig die Testvoraussetzungen verletzt. Mit der von Ali und Shook (1980) vorgeschlagenen log-Transformation sowie der Addition einer Konstanten, kann entsprechend eine Normalverteilung sowie Varianzhomogenität erreicht werden.

### Fett-Eiweiß-Quotient (FEQ)

Der Fett-Eiweiß-Quotient (FEQ) kann als nützlicher Indikator zur Bewertung des Energiestatus einer Kuh verwendet werden (Heuer et al., 1999). Physiologisch resultiert ein erhöhter FEQ aus einem Energiedefizit, welcher zu einer erhöhten Lipolyse (Fettmobilisierung) von Körperfettreserven und zur erhöhten Aufnahme von Fettsäuren führt, was wiederum eine gesteigerte Milchfettsynthese bedingt (Heuer et al., 1999; Buttchereit et al., 2010; Bruckmaier und Hammon, 2015; Klein et al., 2020). Gleichzeitig ist die Milchproteinsynthese ein stark energieverbrauchender Prozess, entsprechend kann ein Mangel leichtverdaulicher Kohlenhydrate zum Absinken des Milchproteingehaltes führen. Dies kann durch einen relativen Mangel an essentiellen Aminosäuren verstärkt werden (Buttchereit et al., 2010; Bruckmaier und Hammon, 2015). So konnten Grieve et al. (1986) zeigen, dass der FEQ ein besserer Indikator für den Energiestatus ist, als die Merkmale Fett- bzw. Eiweißgehalt separat. Ein FEQ-Wert über 1,5 kann als Indiz eines abnormen Fett- bzw. Proteinstoffwechsels interpretiert und als Indikator für (subklinische) Ketose, Labmagenverlagerung, Eierstockzysten, Mastitis oder Lahmheit verwendet werden (Geishäuser et al., 1998; Heuer et al., 1999; Buttchereit et al., 2011; Klein et al., 2020). Als Indikator für eine subklinische Azidose verwenden Ivemeyer et al. (2019) einen FEQ-Wert unter 1,1. Heuer et al. (1999) zeigten, dass der FEQ eine negative Energiebilanz zuverlässiger aufzeigen kann als der Body-Condition-Score. Insbesondere im Zeitraum nach der Geburt sind FEQ und die Energiebilanz eines Tieres negativ ( $r_p = -0,5$ ) korreliert (Reist et al., 2002). Darüber hinaus kamen Kessel et al. (2008) zu der Schlussfolgerung, dass der FEQ-Wert die individuelle Fähigkeit zur Toleranz gegenüber Stoffwechselstress widerspiegeln könnte. Buttchereit et al. (2010) resümierten zum FEQ, dass dieser sowohl die Energiebilanz einer Kuh gut widerspiegelt und somit als Prädiktor für gewisse Erkrankungen dienen kann und zum anderen stellten sie heraus, dass die Merkmalerfassung kostengünstig und präzise erfolgen kann.

### Body-Condition-Score (BCS)

Die Erfassung des Body-Condition-Score (BCS) dient der Beurteilung der Körperkondition, genauer der Fettreserven eines Tieres (Waltner et al., 1993) und kann als Indikator für die Energiebalance des Tieres verwendet werden. Veränderungen des BCS während der Laktation können Hinweise auf den Ernährungs- bzw. Gesundheitszustand liefern (Haas et al., 2007). Des Weiteren wurde in zahlreichen Studien die Korrelation zwischen BCS und Fruchtbarkeitsmerkmalen belegt (Tabelle 3). Generell ist der BCS kostengünstig und einfach zu erfassen, unterliegt allerdings subjektiven Schwankungen (Kanitz et al., 2008), was eine automatische und objektivere Erfassung wünschenswert macht (Ferguson et al., 2006).

Schröder und Staufenbiel (2006) wiesen zudem darauf hin, dass es unterschiedliche Skalierungen gibt. Auch bedarf es noch weiterer Untersuchungen zum richtigen Zeitpunkt und zur optimalen Häufigkeit der Erfassung, um den maximalen Nutzen aus der Veränderung des BCS zu generieren (Kanitz et al., 2008).

Tabelle 3: Genetische Korrelationen zwischen dem Body-Condition-Score (BCS) und Fruchtbarkeitsmerkmalen.

<b>Genetische Korrelation zwischen Body-Condition-Score und...</b>	<b>Genetische Korrelation (<math>r_g</math>)</b>	<b>Autor</b>
Intervall zwischen Kalbung und Erstbesamung	-0,37	Berry et al., 2003
Intervall zwischen Erstbesamung und Konzeption (Verzögerungszeit)	0,02	
Anzahl Besamungen pro Kuh	-0,42	
Rastzeit	-0,45 bis -0,14	Haas et al., 2007
Zwischenkalbezeit	-0,59 bis -0,02	
Trächtigkeitsrate aus Erstbesamung	0,08 bis 0,82	
Zwischenkalbezeit	-0,35 bis -0,31 -0,37 bis -0,34	Banos et al., 2004
Non-Return-Rate 56	-0,32 bis -0,19 -0,22 bis -0,19	

### Sauberkeit

Die Bewertung der Sauberkeit (bzw. der Verschmutzung) von Tieren kann Auskunft über den Grad der mikrobiellen Belastung der Tiere liefern (Hughes, 2001) und dient als Instrument der Überwachung und Prävention der bakteriellen Belastung (Munoz et al., 2008). Insbesondere Verschmutzungen im Euterbereich sowie der unteren hinteren Gliedmaßen stehen im Zusammenhang mit einem erhöhten SCS sowie intramammären Infektionen (Ellis et al., 2007; Breen et al., 2009). So konnten Schreiner und Ruegg (2003) zeigen, dass als schmutzig charakterisierte Kühe signifikant mehr pathogene Keime (*Staphylococcus aureus*, *Streptococcus agalactiae*;  $p = 0,006$ ) und Umweltkeime (*Escherichia coli*, *Klebsiella spp.*, *Streptococcus spp.*, *Enterococcus spp.*;  $p = 0,046$ ) im Euterbereich aufweisen.

### Lahmheit

Das Merkmal Lahmheit eines Tieres ist sowohl aus wirtschaftlicher als auch aus Tierwohlsicht eine der bedeutendsten Erkrankung im Milchviehsektor (Warnick et al., 2001; Whay et al., 2003; Ito et al., 2010). So sind die wirtschaftlichen Verluste nach Weaver (1984) vor allem in der verringerten Milchproduktion, dem Gewichtsverlust, Todesfällen, vorzeitiger Schlachtung, verringerten Reproduktionsleistungen und erhöhten Behandlungskosten begründet. Dippel et

al. (2009) ermittelten in Deutschland für 33 Betriebe mit Laufstallhaltung, dass 48 % der Tiere Lahmheiten aufweisen, mit einer Spannweite zwischen 0 % und 81 %. Zur Bewertung der Lahmheit wird in der Regel eine numerische Bewertungsskala verwendet, welche bestimmte Aspekte des Ganges eines Tieres bewerten bzw. das Vorhandensein oder Nichtvorhandensein bestimmter Verhaltensweisen als Anzeichen für eine Lahmheit beurteilen (Sprecher et al., 1997; Winckler und Willen, 2001; Flower und Weary, 2006). Tabelle 4 gibt eine Beschreibung zur Unterteilung von Lahmheiten nach Sprecher et al. (1997) wieder.

Tabelle 4: Bewertungsschemata zur Lahmheitsbeurteilung (Sprecher et al., 1997).

<b>Score</b>	<b>Lahmheitskategorie</b>	<b>Beschreibung</b>
1	Normal	Die Kuh steht und geht mit gerader Rückenlinie. Ihr Gang ist normal.
2	Leicht lahm	Die Kuh steht mit gerader Rückenlinie, nimmt aber beim Gehen eine Haltung mit gebogener Rückenlinie ein. Ihr Gang bleibt normal.
3	Mäßig lahm	Die Kuh hat sowohl beim Stehen als auch beim Gehen eine gekrümmte Rückenlinie. Der Gang ist beeinträchtigt und lässt sich am besten als Kurzschritt mit einer oder mehreren Gliedmaßen beschreiben.
4	Lahm	Eine Haltung mit gekrümmter Rückenlinie ist immer vorhanden und der Gang wird am besten als ein bewusster Schritt beschrieben. Die Kuh bevorzugt eine oder mehrere Gliedmaßen/Füße.
5	Stark lahm	Die Kuh zeigt außerdem eine Unfähigkeit oder extreme Abneigung, Gewicht auf eine oder mehrere ihrer Gliedmaßen/Füße zu übertragen.

### 2.4.3.4 Methanemissionen

Methan zählt, insbesondere in rinderhaltenden Betrieben, zu den primären Treibhausgasen der landwirtschaftlichen Produktion (Boadi et al., 2004). Als natürliches Nebenprodukt der Fermentationsprozesse entsteht es im Pansen der Wiederkäuer (Knapp et al., 2014), aber auch in geringeren Mengen im restlichen Verdauungstrakt aller Säugetiere. Ausgeschieden sowohl über Atmung, Ruktus und Flatus (Dougherty und Cook, 1962; Berends et al., 2014; Knapp et al., 2014), macht es ca. 17 % der globalen Methanemissionen aus (Knapp et al., 2014). Neben der klimaschädlichen Wirkung bedeutet die Emission von Methan auch eine reduzierte Produktivität und ökonomische Effizienz infolge der Umwandlungsprozesse im Verdauungstrakt der Tiere, sodass zwischen 2 % und 12 % der aufgenommenen Energie in Form von Methan „verloren“ gehen (Harper et al., 1999; Gerber et al., 2013). Eine Herausforderung bei der Beurteilung des Methanausstoßes liegt in der Erfassung. Tabelle 5 gibt einen Überblick

der aktuell gängigen Methoden zur direkten tierindividuellen Messung des emittierten Methans. Für detaillierte Beschreibung der einzelnen Methoden sei auf die Arbeiten von Garnsworthy et al. (2019), Zhao et al. (2020) oder Jonker und Waghorn (2020) verwiesen.

Tabelle 5: Übersicht der wichtigsten Merkmale der Methoden zur Messung des Methanausstoßes von Einzeltieren<sup>1</sup> (Garnsworthy et al., 2019).

<b>Methode</b>	<b>Anschaffungs- kosten<sup>2</sup></b>	<b>Laufende Kosten<sup>2</sup></b>	<b>Arbeits- aufwand<sup>2</sup></b>	<b>Wiederhol- barkeit</b>	<b>Verhaltens- änderung<sup>3</sup></b>	<b>Durch- satz</b>
Respirations- kammer	Hoch	Hoch	Hoch	Hoch	Hoch	Niedrig
SF <sub>6</sub> -Technik	Mittel	Hoch	Hoch	Mittel	Mittel	Mittel
Atemluft- probenahme beim Melken und Füttern	Niedrig <sup>4</sup>	Niedrig	Niedrig	Mittel	Keine	Hoch
GreenFeed	Mittel	Mittel	Niedrig	Mittel	Niedrig	Mittel
Laser Methan Detektor	Niedrig	Niedrig	Hoch	Niedrig	Niedrig- Mittel	Mittel

<sup>1</sup> Konsensmeinungen auf Grundlage der Erfahrung der Mitglieder der „METHAGENE WG2“; <sup>2</sup> pro Messung oder Gruppe von Tieren; <sup>3</sup> im Vergleich zu keiner Methanmessung: niedrig = Messung *in situ*, mittel = etwas Handhabung, Training oder Änderung der Routine, hoch = Einsperren der Tiere, <sup>4</sup> mittel, wenn ein Fourier-Transformations-Infrarotspektrometer-Analysegerät verwendet wird

#### 2.4.4 Beschreibung der analysierten Merkmale - Schwein

Im Gegensatz zur Rinderzucht ist die Schweinezucht, insbesondere im konventionellen Bereich relativ streng hierarchisch organisiert und untergliedert sich in eine zuchtaktive Ebene (Basiszucht, F1-Sauen, Jungsauvermehrung) sowie eine Produktionsebene (Ferkelerzeugung für die Mast) (Wähner, 2012). Kennzeichnend für die züchterische Arbeit sind die beiden divergierenden Hauptaspekte, welche die Produktionsebenen verlangen. Zum einen stehen Merkmalen der Fleisch- und Schlachtqualität bei der Erzeugung von Schweinefleisch und zum anderen Merkmale der Fruchtbarkeit und des Überlebens (Ferkel, Sauen) bei der Erzeugung von Ferkeln im Vordergrund (Swalve, 2013). Innerhalb kleiner Populationen entfällt zwar meist die klare Differenzierung zwischen zuchtaktiver und Produktionsebene, nichtsdestotrotz spielen die beschriebenen Merkmalskomplexe auch hier, insbesondere bei der Vermarktung von Schweinefleisch, eine maßgebliche Rolle.

Nachfolgend soll auch hier kurz auf die jeweiligen Kriterien bei der Merkmalserfassung sowie -aufbereitung eingegangen werden.

### 2.4.4.1 Produktionsmerkmale

Als finales Produkt steht die Erzeugung von Schweinefleisch im Zentrum der Schweinehaltung. Lag der primäre Fokus bis in die 1950er Jahre in der schlichten Erhöhung des Fett-/Fleischanteils und nachfolgend in der Erhöhung des Fleischanteils, steht heute vielmehr die Ausprägung einzelner Teilstücke sowie die Fleischqualität im Fokus der Zucht (Lengerken und Wicke, 2006; Bühler und Zimmer, 2007; Hermes et al., 2000; Swalve, 2013). Brandt (2019) beschreibt es als einen Wandel von der „Fleischbeschaffenheitszahl“ hin zu einem Genusswert. So haben vor allem Merkmale, wie z.B. „intramuskulärer Fettgehalt“, „Tropfsaftverlust“, „Leitfähigkeit“, „Scherkraft“ und „Grillverlust“, welche am Schlachtkörper erfasst werden, aber auch Merkmale wie „Rückenspeckanteil“ und „Rückenmuskeldicke“, welche bereits am lebenden Tier erfassbar sind, eine zentrale Rolle (van Oeckel et al., 1999; Fortin et al., 2005; Moeller et al., 2010; Biermann et al., 2014; Petig et al., 2019; Martins et al., 2020; Werner et al., 2021).

### 2.4.4.2 Fruchtbarkeitsmerkmale

Bis in die 1990er Jahre lag das Augenmerk primär auf Merkmalen der Mast- und Schlachtleistung, jedoch erwies sich diese einseitige Ausrichtung von Zuchtprogrammen hinsichtlich der Fruchtbarkeit als negativ, was zu einer stärkeren Berücksichtigung im Zuchtziel führte (Merks et al., 2012). Dies hatte zur Folge, dass trotz der geringen Heritabilität (z.B. Anzahl gesamt geborener Ferkel:  $h^2 = 0,093$ ; Anzahl lebendgeborener Ferkel:  $h^2 = 0,081$ ; Gützeit:  $h^2 = 0,139$ ; (Hanenberg et al., 2001)) der meisten Fruchtbarkeitsmerkmale in den vergangenen Jahren beachtliche Fortschritte generiert wurden (Hamann et al., 2004; Reiner, 2006; Kanitz et al., 2008). Merks et al. (2012) konnten zeigen, dass es eine Zunahme der Wurfgröße um bis zu 1,5 Ferkel/Wurf und Jahr bei einer gleichzeitigen Reduktion der Ferkelmortalität um 0,5 % gab. Insgesamt gelten Fruchtbarkeitsmerkmale, wie z.B. „Anzahl lebendgeborener Ferkel“ oder „Anzahl abgesetzter Ferkel“ als wichtige Stellschrauben zur Kostensenkung in der Schweineproduktion (Vries, 1989). Allerdings wiesen Spötter und Distl (2006) darauf hin, dass bei der züchterischen Bearbeitung die antagonistischen Beziehungen zwischen Anzahl lebendgeborener Ferkel, Geburtsgewicht und Anzahl abgesetzter Ferkel zu berücksichtigen sind, dies schränkt wiederum die gleichzeitige Verbesserung der Merkmale ein. So korreliert die Anzahl lebendgeborener Ferkel negativ mit der Wurfqualität (Brandt, 2019) bzw. der Überlebenschance der Ferkel (Milligan et al., 2002).

### 2.4.4.3 Funktionale Merkmale

Wie bereits in Kapitel 2.4.3.3 beschrieben, haben funktionelle Merkmale keinen direkten Einfluss auf ein Produkt, sondern führen vielmehr zu einer Kostenverringerung der Inputseite (Tönepöhl, 2012). Die Schwierigkeit züchterischer Aktivität zur Erfüllung von zukünftigen Marktanforderungen liegt vor allem in dessen Volatilität, wie Merks et al. (2012) beschrieben. Entsprechend sollten Zuchtziele divers gestaltet werden, also zusätzliche Merkmale bzw. neue Phänotypen, wie z.B. die „Vitalität von der Geburt bis zur Schlachtung“, die „Einheitlichkeit auf verschiedenen Produktionsstufen“, „Robustheit“, „Wohlbefinden“, „Gesundheit“, „Phänotypen zur Verringerung des CO<sub>2</sub>-Fußabdruck“ (Merks et al., 2012), Merkmale der „Mütterlichkeit“ (Grandinson et al., 2003; Dodenhoff et al., 2019) oder Merkmale des „Temperaments“/„Verhaltens“ (Forkman et al., 2007; Tönepöhl, 2012; Egger-Danner et al., 2015; Dodenhoff et al., 2019) beinhalten.

#### Verhalten

Das Verhalten der Tiere ist vor allem als Interaktion zwischen den Tieren bzw. zwischen Mensch und Tier zu interpretieren. Ruhige/friedliche Tiere zeigen entsprechend weniger agonistische Interaktionen innerhalb einer Gruppe, zum anderen zeigen diese Tiere auch weniger Stressreaktionen bei Handlingmaßnahmen. Dies wirkt sich in Summe positiv auf die Leistung der Tiere aus und erleichtert zusätzlich die tägliche Arbeit mit dem Tier (Forkman et al., 2007; Tönepöhl, 2012).

#### Exterieur & Fundament

Am lebenden Tier hat die Exterieurbeurteilung einen maßgeblichen Einfluss auf züchterische Entscheidungen und Selektionsmaßnahmen (Jonas et al., 2009). Wobei abhängig von Mutter- oder Vaterrasse zum Teil unterschiedliche Merkmale berücksichtigt werden. Spielen innerhalb von Mutterrassen (z.B. Deutsche Landrasse, Deutsches Edelschwein) die Kriterien „Typ“, „Rahmen“, „Kopf“, „Fundament“, „Bemuskelung“ und „Gesäuge“ eine Rolle, entfällt bei Endstufenebern (z.B. Piétrain, Duroc) die Beurteilung des „Gesäuges“, als klassisches Fruchtbarkeitsmerkmal (Wähner, 2012). Insbesondere das Fundament, welches auf die Korrektheit der Gliedmaßen (kräftige, tragfähige Gliedmaßen mit korrekter Beinstellung) abzielt, gilt als Grundvoraussetzung für eine gute Beweglichkeit, Gesundheit sowie eine lange Nutzungsdauer (Wähner, 2012). López-Serrano et al. (2000) untersuchten Zusammenhänge zwischen Wachstum, Rückenspeckdicke und Exterieur mit der Überlebensfähigkeit bei Sauen und konnten zeigen, dass Leistungs- und Exterieurmerkmale (speziell die Beinkonstitution), welche im Jungsau stadium erfasst wurden, mit der Langlebigkeit korrelierten. Sie

schlussfolgerten, dass es einen Antagonismus zwischen Wachstumsleistung und dem Überleben der Sauen gibt, und vor allem eine gute Beinkonstitution sich positiv auf die Langlebigkeit auswirkt (López-Serrano et al., 2000).

### 3. Material und Methoden

Nachfolgend soll ein Überblick des verwendeten Datenmaterials sowie der durchgeführten Analysen und Methoden gegeben werden.

#### 3.1 Auswahl der Betriebe, Phänotypisierung und Datenmaterial

Die Auswahl der Betriebe für die in der vorliegenden Arbeit durchgeführten Analysen fokussierten vornehmlich auf ein Rasse-Kriterium, so war es entscheidend, dass der überwiegende Tierbestand einer der untersuchten Rassen (DSN oder HF bzw. BB oder Lei) entsprach. Der Kontakt zu den Betrieben erfolgte über die jeweiligen Interessenvertretungen bzw. Zuchtverbände/-unternehmen („Verein zur Erhaltung des Deutschen Schwarzbunten Niederungsrindes“, „Verein zur Erhaltung des Bunten Bentheimer Schweines e.V.“, „Hybridschweinezuchtverband Nord/Ost e.V.“, „German Genetic“). Weitere Kriterien hinsichtlich Bewirtschaftungsart, Betriebsgröße etc. wurden nicht verwendet. Das Datenmaterial für die durchgeführten Analysen wurde, mit Genehmigung der Landwirt:innen, zum einen von den „Vereinigten Informationssysteme Tierhaltung w.V.“ (VIT) in Verden und zum anderen von dem „NORDschwein e.V.“ in Osterholz-Scharmbeck zur Verfügung gestellt. Die bereitgestellten Informationen umfassten sowohl phänotypische Leistungsdaten als auch Stammdaten.

Nachfolgend sollen die zugrundeliegenden Datensätze für die unterschiedlichen phänotypischen Merkmale nach Spezies differenziert beschrieben werden.

##### 3.1.1 Phänotypisierung und Datenmaterial - Rind

Die durchgeführten Analysen fokussieren ausschließlich auf Tiere der Rasse DSN und HF, welche im Kapitel 2.4.1 beschrieben wurden, und umfasst insgesamt 30 charakterisierte Betriebe.

###### 3.1.1.1 Pedigree

Die vom VIT bereitgestellte Pedigree-Datei umfasst 131.463 Tiere der Rassen DSN und HF, wovon 11.827 Tiere mit Leistungsdaten sowie deren Vorfahren verwendet werden. Somit ergibt sich ein Umfang der final verwendeten Pedigree-Datei von 63.430 Tieren mit Abstammungsinformationen. Es fand keine Untergliederung der Pedigree-Datei nach einem Rassekriterium statt, da es insbesondere aufgrund der engen phylogenetischen Entwicklung der beiden Rassen zu Überschneidungen bezüglich einiger Vorfahren kommen kann. Eine notwendige Differenzierung erfolgte über die Phänotyp-Dateien.

**3.1.1.2 Produktionsmerkmale**

Der Datensatz für die Auswertung von Produktionsmerkmalen wird vom VIT zur Verfügung gestellt und umfasst sämtliche Testtags-Ergebnisse der Milchleistungsprüfung (MLP) der ersten drei Laktationen für die Testjahre 2012 bis 2018. Die zur Verfügung gestellten Informationen beschränkten sich dabei auf die charakterisierten Betriebe. Die Durchführung der MLP sowie die Aufbereitung der Ergebnisse folgte den Regularien des ICAR (ICAR, 2017). Insgesamt standen 188.056 Testtags-Beobachtungen (71.831 DSN und 116.225 HF) von 11.827 Kühen (4.492 DSN und 7.332 HF) zur Verfügung (Tabelle 6).

Tabelle 6: Übersicht der Beobachtungen der Milchleistungsprüfung für die Jahre 2012 bis 2018 für die Rassen Deutsches Schwarzbuntes Niederungsrind (DSN) und Holstein Friesian (HF) für die Laktationen 1 bis 3.

<b>Jahr</b>	<b>2012</b>	<b>2013</b>	<b>2014</b>	<b>2015</b>	<b>2016</b>	<b>2017</b>	<b>2018</b>	<b>Gesamt</b>
<i>Anzahl Kühe</i>								
Rasse DSN	1.518	1.547	1.579	1.573	1.570	1.449	1.488	10.724
Rasse HF	2.118	2.197	2.411	2.503	2.609	2.615	2.724	17.177
<b>Gesamt</b>	<b>3.636</b>	<b>3.744</b>	<b>3.990</b>	<b>4.076</b>	<b>4.179</b>	<b>4.064</b>	<b>4.212</b>	<b>27.901</b>
<i>Anzahl Testtags-Beobachtungen</i>								
Rasse DSN	9.972	10.514	10.551	10.283	10.547	9.954	10.010	71.831
Laktation 1	4.191	4.433	4.438	4.134	4.547	3.999	3.848	29.590
Laktation 2	3.328	3.314	3.391	3.479	3.285	3.534	3.317	23.648
Laktation 3	2.453	2.767	2.722	2.670	2.715	2.421	2.845	18.593
Rasse HF	14.337	15.432	16.208	17.228	17.803	17.613	17.604	116.225
Laktation 1	6.334	6.972	7.259	7.962	7.890	7.684	7.978	52.079
Laktation 2	4.709	4.854	5.471	5.509	5.907	5.890	5.741	38.081
Laktation 3	3.294	3.606	3.478	3.757	4.006	4.039	3.885	26.065
Laktation 1	10.525	11.405	11.697	12.096	12.437	11.683	11.826	81.669
Laktation 2	8.037	8.168	8.862	8.988	9.192	9.424	9.058	61.729
Laktation 3	5.747	6.373	6.200	6.427	6.721	6.460	6.730	44.658
<b>Gesamt</b>	<b>24.309</b>	<b>25.946</b>	<b>26.759</b>	<b>27.511</b>	<b>28.350</b>	<b>27.567</b>	<b>27.614</b>	<b>188.056</b>

**3.1.1.3 Fruchtbarkeitsmerkmale**

Zur Analyse der Fruchtbarkeitsmerkmale wurden ebenfalls vom VIT entsprechende Datenaufzeichnungen zur Verfügung gestellt. Der Auswertungszeitraum umfasste auch hier die Jahre 2012 bis 2018 (Tabelle 7). Insgesamt standen 35.885 Besamungsdaten zur Verfügung. Zur Untersuchung des Erstbesamungserfolgs wurde der Datensatz auf die ersten beiden Belegungen reduziert, folglich konnten 25.832 (11.781 DSN und 14.051 HF) Besamungsdaten genutzt werden. Als weiteres Fruchtbarkeitsmerkmal wurde die Rastzeit untersucht. Diese umfasst den Zeitraum zwischen der Abkalbung und der ersten Besamung in der jeweiligen

Laktation. Aus dem Datensatz für die Rastzeit, wurden alle 5.883 Färsen (Kühe ohne Abkalbung) entfernt, somit konnten 19.949 Beobachtungen hinsichtlich der Rastzeit analysiert werden.

Tabelle 7: Übersicht der Fruchtbarkeitsmerkmale (Erstbelegungserfolg und Rastzeit) für die Jahre 2012 bis 2018 für die Rassen Deutsches Schwarzbuntes Niederungsrind (DSN) und Holstein Friesian (HF).

<b>Jahr</b>	<b>2012</b>	<b>2013</b>	<b>2014</b>	<b>2015</b>	<b>2016</b>	<b>2017</b>	<b>2018</b>	<b>Gesamt</b>
<i><u>Beobachtungen Erstbelegungserfolg DSN</u></i>								
1. Belegung	1.212	1.169	1.068	1.046	1.009	1.027	829	7.360
2. Belegung	579	624	656	615	681	722	544	4.421
Gesamt	1.791	1.793	1.724	1.661	1.690	1.749	1.373	11.781
<i><u>Beobachtungen Erstbelegungserfolg HF</u></i>								
1. Belegung	849	922	1.399	1.177	962	1.034	1.036	7.379
2. Belegung	802	900	863	1.030	927	1.239	911	6.672
Gesamt	1.651	1.822	2.262	2.207	1.889	2.273	1.947	14.051
<i><u>Gesamt Belegungen</u></i>								
Gesamt	3.442	3.615	3.986	3.868	3.579	4.022	3.320	25.832
<i><u>Beobachtungen Rastzeit</u></i>								
DSN	1.325	1.342	1.275	1.217	1.338	1.279	1.272	9.048
HF	1.202	1.352	1.639	1.674	1.471	1.751	1.812	10.901
Gesamt	2.527	2.694	2.914	2.891	2.809	3.030	3.084	19.949

### 3.1.1.4 Funktionale Merkmale

Unter Berücksichtigung der Definition funktionaler Merkmale in Kapitel 2.4.3.3 wurden in 23 der 30 charakterisierten rinderhaltenden Betriebe phänotypische Merkmale des Tierwohlbefindens (Lahmheitssoring, Verschmutzungsindex) und Indikatoren des Energieumsatzes (BCS) erfasst. Die Phänotypisierung orientierte sich an den Kriterien des „Welfare Quality® assessment protocol for cattle“ und wurde in leicht abgewandelter Form für die Körperkondition (= Body-Condition-Score), Sauberkeit, Lahmheit und Klauenkondition verwendet (Welfare Quality®, 2009). Abweichend vom „Welfare Quality® assessment protocol for cattle“ wurde die 3-stufige Skala für die Körperkondition (BCS) um 2 Kategorien (leicht mager und leicht fett) ergänzt. Insgesamt wurden 2.353 Tiere beurteilt, davon konnten aufgrund fehlender Pedigree-Informationen bzw. Dokumentationsfehlern final 1.730 Tiere (Tabelle 8) berücksichtigt werden. Die Phänotypisierung der DSN-Betriebe erfolgte von November 2017 bis März 2018, wohingegen die HF-Betriebe aus organisatorischen Gründen erst im Zeitraum Oktober 2018 bis Dezember 2018 beurteilt wurden.

Tabelle 8: Übersicht der phänotypisierten Tiere hinsichtlich funktionaler Merkmale der Rassen Deutsches Schwarzbuntes Niederungsrind (DSN) und Holstein Friesian (HF).

Merkmal	Bewertung	Rasse		
		DSN	HF	DSN + HF
Gesamt beurteilte Tiere		998	732	1.730
Body-Condition-Score (BCS)	Rassetypisch	561	476	1.037
	Leicht mager	56	65	121
	Sehr mager	11	61	72
	Leicht fett	316	60	376
	Sehr fett	54	70	124
Lahmheit	Nicht lahm	963	585	1.548
	Lahm	26	108	134
	Sehr lahm	9	39	48
Klauenkondition	Normal	987	695	1.682
	Nicht normal	11	37	48
Sauberkeit				
Unteres Hinterbein	Sauber	79	89	168
	Nicht sauber	919	643	1.562
Hinterhand	Sauber	112	175	287
	Nicht sauber	886	557	1.443
Euter	Sauber	245	320	565
	Nicht sauber	753	412	1.165
Zitzen	Sauber	336	459	795
	Nicht sauber	662	273	935

Die Gesundheitsindikatoren SCS und FEQ wurde für alle Betriebe berechnet. Da diese auf den Ergebnissen der MLP basieren, sei bezüglich der verwendeten Daten auf Tabelle 6 verwiesen. Mithilfe der von Ali und Shook (1980) etablierten log-Transformation ( $SCS = \log_2(\text{Zellzahl}/100.000) + 3$ ) wurde die Zellzahl in den SCS überführt.

### 3.1.1.5 Methanmerkmale

Vor dem Hintergrund der klimaschädlichen Wirkung des von Wiederkäuern emittierten Methans wurden im Rahmen des Projekts auf drei Betrieben tierindividuelle Methanmessungen durchgeführt. Die Erfassung des Methanausstoßes wurde mittels mobilem Laser-Methan-Detektor (LMD, Crowcon LaserMethane Mini, Tokyo Gas Engineering Co Ltd., Tokyo, Japan) durchgeführt. Hierzu wurden die Tiere im Fressgitter fixiert, und mithilfe eines optisch sichtbaren Lasers des LMD wurde die Maul-/Nasenregion anvisiert. Die individuelle Messdauer betrug ca. 3 min. Simultan zur Methanmessung erfolgten Klimamessungen (Temperatur [°C], Luftfeuchtigkeit [%], Windgeschwindigkeit [m/s]) mit dem Multifunktions-Messgerät Testo 435 (testo SE & Co KGaA, Lenzkirch, Deutschland). Die Aufbereitung der

Methanmessungen erfolgte nach Ricci et al. (2014). Insgesamt wurden zwischen September und November 2018 Messungen an 598 Tieren durchgeführt, von denen nach Bereinigung der Fehl- und Doppelmessungen 365 Datensätze (Tabelle 9) ausgewertet werden konnten. Die Messungen fanden pro Betrieb an einem Tag statt. Ausnahme war Betrieb 2, in dem aufgrund seiner Größe und der baulichen Gegebenheiten (nur 2 Gruppen zu je ca. 100 Tieren mit Fressgitter) zwei Messungen im Abstand von ca. sechs Monaten an jeweils zwei aufeinanderfolgenden Tagen durchgeführt wurden.

Tabelle 9: Anzahl der Methanmessungen pro Betrieb innerhalb der Laktationen 1 bis  $\geq 5$ .

Betrieb	Laktation					Gesamt
	1	2	3	4	$\geq 5$	
1	5	16	11	6	23	61
2	8	81	66	28	28	211
21	7	25	21	13	27	93
Gesamt	20	122	98	47	78	365

### 3.1.2 Phänotypisierung und Datenmaterial - Schwein

Die durchgeführten Analysen für die Tierart Schwein fokussierten auf die Rasse BB. Insgesamt konnten 45 Betriebe charakterisiert werden. Aufgrund der geringen Bestandszahlen sowie der geringen Datenbasis in der Lei-Population war eine effektive Berechnung genetischer Parameter nicht möglich. Nichtsdestotrotz sollte anhand der Ergebnisse der Rasse BB das Transferpotential in die Lei-Population abgeschätzt werden, sodass mit einem Zuwachs der Population und dem Beginn genetisch-statistischer Berechnungen effektive Modellierungsansätze zur Verfügung stehen. Beide Rassen wurden im Kapitel 2.4.2 hinsichtlich ihrer Entwicklungsgeschichte beschrieben.

#### 3.1.2.1 Pedigree

Die von der Züchtervereinigung „NORDschwein e.V.“ zur Verfügung gestellte Pedigree-Datei umfasste das gesamte Pedigree der Rasse seit 1984 (Abbildung 5) und beinhaltete in Summe 3.156 Tiere (2.587 Sauen, 569 Eber).

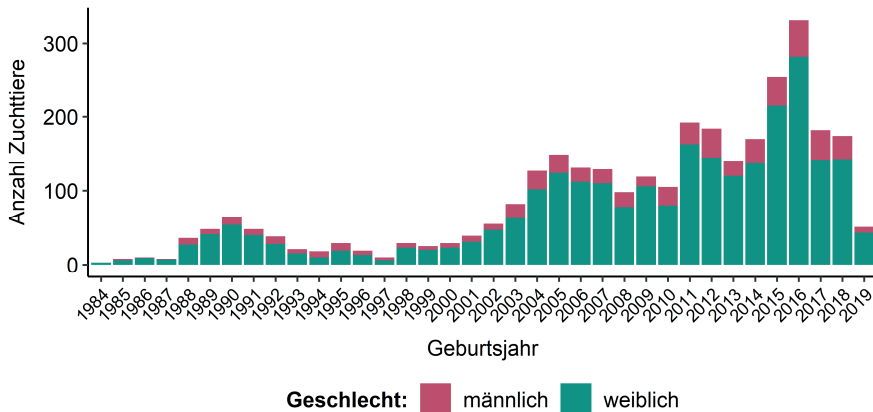


Abbildung 5: Bestandszahlen des „Nordschwein e.V.“ für die Rasse Bunte Bentheimer innerhalb der Geburtsjahrgänge zwischen 1984 und 2019.

### 3.1.2.2 Fleisch- und Schlachtleistungsmerkmale

Die Merkmale der Fleisch- und Schlachtqualität (*in vivo* und *post mortem*) wurden zwischen August 2011 und September 2013 im Rahmen des Projektes „*Entwicklung eines ökonomisch ausgerichteten Zuchtprogramms für die bedrohte Schweinerasse Bunte Bentheimer*“ an 1.116 Schweinen innerhalb von 23 Betrieben der 45 charakterisierten Betriebe erfasst. In Tabelle 10 ist die Verteilung der erfassten Merkmale innerhalb der Betriebe nach Geschlecht dargestellt. Von insgesamt 210 Tieren lagen sowohl *in vivo* als auch *post mortem* Messungen vor. Mit Hilfe des Gerätes „Piglog 105“ der Firma Carometec Food Technology wurden bei 713 Schweinen, in einem Lebendgewichtsbereich von 70 bis 110 kg, *in vivo* Ultraschallmessungen durchgeführt. Die Messung der Muskeldicke und der Rückenspeckdicke erfolgt sowohl bei Zucht- als auch Mastschweinen auf Höhe der 13./14. Rippe, ca. 7 cm paramedian. Die Erfassung der Schlachtqualitätsmerkmale erfolgt entweder durch direkte Messung mittels Sondengerät FOM (= Fat-O-Meater; Carometec Food Technology) oder mittels Zwei-Punkte-Messung in kleineren Schlachtstätten. Die Fleischqualität wurde im Labor der Universität Kassel analysiert. Hierfür wurde 1 h bis 3 h nach der Schlachtung aus einer Schlachthälfte in Höhe der 13./14. Rippe eine Fleischprobe (ca. 5 cm dickes Lachsstück) entnommen. Die Fleischproben wurden anschließend hinsichtlich folgender Parameter analysiert: pH-Wert (nach 24 h), Fleischhelligkeit (nach 24 h bzw. 48 h), elektrische Leitfähigkeit (nach 24 h bzw. 48 h), Tropfsaftverlust (nach 24 h, 48 h bzw. 72 h), Marmorierung, Grillverlust, Scherkraft (nach dem Warner-Bratzler-Verfahren) und

### 3. Material und Methoden

intramuskulärer Fettgehalt (mittels NIRS). Bezüglich detaillierter Information zur Merkmalerfassung und -aufarbeitung sei auf die Arbeit von Biermann et al. (2014) verwiesen.

Tabelle 10: Verteilung der Fleisch- und Schlachtqualitätsmerkmale nach Geschlecht innerhalb der Betriebe.

Betrieb	Geschlecht							
	Fleischqualitätsmerkmal				Schlachtqualitätsmerkmal			
	Weiblich	Männlich	Kastrat	Gesamt	Weiblich	Männlich	Kastrat	Gesamt
1	42	46	22	110	42	50	16	108
2	0	0	1	1	-	-	-	-
3	51	36	1	88	30	18	26	74
4	0	4	1	5	-	-	-	-
5	-	-	-	-	0	0	2	2
6	43	34	26	103	31	22	89	142
7	0	4	4	8	1	2	0	3
8	0	1	0	1	-	-	-	-
9	1	5	0	6	1	5	0	6
10	-	-	-	-	0	0	4	4
11	0	1	1	2	-	-	-	-
12	4	14	8	26	0	0	20	20
13	30	47	2	79	8	6	70	84
14	0	2	35	37	-	-	-	-
15	0	5	8	13	-	-	-	-
16	0	0	1	1	-	-	-	-
17	0	1	0	1	-	-	-	-
18	13	27	13	53	51	44	14	109
19	0	1	0	1	-	-	-	-
20	0	1	0	1	-	-	-	-
21	3	3	0	6	-	-	-	-
22	18	26	22	66	53	43	61	157
23	0	0	5	5	3	1	0	4
<b>Gesamt</b>	<b>205</b>	<b>258</b>	<b>150</b>	<b><u>613</u></b>	<b>220</b>	<b>191</b>	<b>302</b>	<b><u>713</u></b>

#### 3.1.2.3 Fruchtbarkeitsmerkmale

Die Züchtervereinigung „NORDschwein e.V.“ stellte von 45 Betrieben ebenfalls 7.800 Datensätze mit Fruchtbarkeitsmerkmalen von 2.070 Sauen und 317 Ebern zur Verfügung (Tabelle 11). Nach der Bereinigung des Datensatzes konnten aufgrund fehlender Wurfinformationen final 3.144 Würfe von 928 Sauen (158 Eber) ausgewertet werden.

Tabelle 11: Übersicht der Fruchtbarkeitsmerkmale, durchschnittlich geborene bzw. abgesetzte Ferkel sowie die durchschnittliche Zitzenzahl der Sauen.

Wurf	Anzahl Sauen	Durchschnittlich geborene Ferkel			Durchschnittlich abgesetzte Ferkel			Durchschnittliche Zitzenzahl		
		W + M	W	M	W+M	W	M	L + R	L	R
1	2.052	7,91	3,94	3,97	7,22	3,61	3,61	13,69	6,83	6,86
2	1.538	9,00	4,49	4,51	8,29	4,14	4,15	13,67	6,82	6,85
3	1.176	9,55	4,70	4,86	8,77	4,29	4,48	13,63	6,81	6,82
4	900	9,58	4,73	4,85	8,70	4,31	4,39	13,67	6,84	6,83
5	684	9,39	4,68	4,71	8,54	4,28	4,26	13,60	6,81	6,79
6	479	9,59	4,80	4,79	8,70	4,38	4,32	13,57	6,80	6,78
7	337	9,59	4,76	4,83	8,70	4,37	4,33	13,50	6,77	6,73
8	231	9,40	4,61	4,80	8,59	4,25	4,34	13,44	6,73	6,71
9	152	9,31	4,75	4,56	8,33	4,33	4,00	13,47	6,75	6,72
≥ 10	251	8,99	4,53	4,46	8,43	4,29	4,14	13,54	6,78	6,76
Gesamt	7.800	8,98	4,46	4,52	8,21	4,09	4,12	13,64	6,81	6,82

W = weiblich, M = männlich, L = links, R = rechts

#### 3.1.2.4 Funktionale Merkmale

Neben den klassischen Produktions- und Fruchtbarkeitsmerkmalen spielen auch im Schweinebereich funktionale Merkmale insofern eine Rolle, als dass diese zu einer Effizienzsteigerung in Folge reduzierter Inputkosten beitragen können. Diesbezüglich wurde während der Ultraschallmessungen das Verhalten der Tiere als Tierwohlindikator anhand einer 5-stufigen Skala bewertet, wobei zwischen „sehr ruhig“ (1) und „sehr nervös/massives Fluchtverhalten“ (5) differenziert wurde. Des Weiteren wurde das Fundament (Vorderhand, Hinterhand), die Bemuskelung (Ausprägung der Schulter, Kotelettstränge und Schinken) sowie das Exterieur (äußere Erscheinung, Rahmen und Länge), als Indikatoren des Energieumsatzes anhand einer 3-stufigen Skala (1= unterdurchschnittlich, zuchtuntauglich, bedingt tauglich; 2= durchschnittlich, zuchttauglich; 3= überdurchschnittlich, besonders zuchttauglich) beurteilt. Tabelle 12 gibt einen zahlenmäßigen Überblick der beurteilten Tiere differenziert nach Merkmal, Geschlecht und Bewertungsnote.

Tabelle 12: Übersicht der beurteilten Tiere hinsichtlich der Merkmale Verhalten, Fundament, Bemuskelung und Exterieur innerhalb der Geschlechtskategorien weiblich, männlich und Kastrat.

Merkmal	Geschlecht	Bewertungsnote					Gesamt	
		1	2	3	4	5	Geschlecht	Merkmal
Verhalten	Weiblich	48	66	57	32	4	207	
	Männlich	101	88	65	30	9	293	504
	Kastrat	1	3	0	0	0	4	
Fundament	Weiblich	3	118	87	-	-	208	
	Männlich	6	238	100	-	-	344	612
	Kastrat	0	44	16	-	-	60	
Bemuskelung	Weiblich	8	124	76	-	-	208	
	Männlich	9	179	156	-	-	344	612
	Kastrat	0	27	33	-	-	60	
Exterieur	Weiblich	8	133	67	-	-	208	
	Männlich	6	234	104	-	-	344	612
	Kastrat	0	32	28	-	-	60	

### 3.2 Betriebscharakterisierung

Die partizipierenden Betriebe wurden tierartspezifisch hinsichtlich der Leitfrage „Inwieweit haben betriebsbedingte Effekte einen Einfluss auf das Leistungsvermögen der Tiere bzw. wie beeinflussen diese die Zuchtentscheidungen der Tierhalterinnen/Tierhalter?“ charakterisiert. Die unterschiedlichen Produktionsrichtungen, die divergierenden Betriebsstrukturen und nicht zuletzt die speziesbedingten Unterschiede waren Anlass zur Entwicklung zweier Fragebögen, welche die systemrelevanten Effekte der Betriebe erfassen sollen. Diese Fragebögen wurden innerhalb von Interviews mit den verantwortlichen Personen (direkt/telefonisch) bzw. durch Betriebsbesuche ausgefüllt. Nachfolgend soll auf die inhaltliche Ausrichtung der jeweiligen Fragebögen näher eingegangen werden:

#### Fragebogen - Rind:

Der „Fragebogen - Rind“ wurde so konzipiert, dass möglichst viele Faktoren eines Betriebes, welche sowohl Produktionsmerkmale als auch funktionale Merkmalsausprägungen beeinflussen können, erfasst werden. Diesbezüglich wurden detaillierte Informationen zu den folgenden Themenkomplexen erfasst:

- Betrieb
  - Bewirtschaftungsweise
  - natürliche Gegebenheiten des Betriebes
- Tier

- Tierhaltung (Milchkühe, Trockensteher, Färsen)
- Fütterung (Milchkühe, Trockensteher, Färsen)
- Gesundheitsmanagement
- Zuchtmanagement
- Fruchtbarkeitsmanagement
- Abkalbmanagement
- Weidemanagement
- Kälberaufzucht
- Färsenaufzucht

Neben den klassischen betriebs- bzw. tierbezogenen Einflussfaktoren wurde ebenfalls ein Augenmerk auf die soziologische Komponente „Mensch“ gelegt:

- Herdenmanager/Personal
  - Personalstruktur (familiäre/Fremdarbeitskräfte, spezialisierte Arbeitskräfte/Allrounder)
  - Charakterisierung des hauptverantwortlichen Herdenmanagers (Alter, schulische/landwirtschaftsbezogene Ausbildung, Erfahrung in der Landwirtschaft und Motivation zur Verbesserung der Herdenbetreuung)
  - Charakterisierung des stellvertretenden Herdenmanagers (analog zum hauptverantwortlichen Herdenmanager)

Der detaillierte Aufbau des konzipierten Fragebogens ist Anhang Tabelle 1 zu entnehmen. Insgesamt wurden in den 30 teilnehmenden Betrieben 116 Einflussgrößen zu den beschriebenen Themenkomplexen erfasst.

#### Fragebogen - Schwein:

Die Charakterisierung der Schweinebetriebe gestaltet sich insofern anders, als dass der Fokus im „Fragebogen - Schwein“ (Anhang Tabelle 2) vielmehr darauf abzielte, Ursachen für Selektionsentscheidungen zu identifizieren, welche aufgrund des hohen Anteils an Selbstvermarktung vor allem auf regionale Gegebenheiten und Vermarktungsstrategien zurückzuführen sind. Hierzu wurden klimatische Umweltdeskriptoren (Temperatur, Niederschlag), Potentiale der Futtererzeugung (Höhenlage, Leitbodenassoziation (Definition: „Klassifikationseinheit einer hierarchischen Systematik von Bodengesellschaften, gebildet durch räumliche Zusammenfassung und inhaltliche Aggregation von Leitbodengesellschaften“ (Eckhardt, 2021)), Bodenart (Definition: „Kennzeichnung des mineralischen Bodenmaterials nach seiner Korngrößenzusammensetzung (Textur)“ (Eckhardt, 2021)), nutzbare Feldkapazität, ackerbauliches Potential, Bewirtschaftungsart (biologisch vs.

konventionell), Zuchtbestrebung (Züchter ja/nein) und vor allem Vermarktungspotentiale (Internetauftritt, Größe des Ortes, Entfernung zum nächsten Zentrum/Kleinstadt/Mittelstadt, Lage in Metropolenregion) betrachtet. Insgesamt wurden die BB haltenden Betriebe anhand von 16 Merkmalen charakterisiert.

#### **3.3 Datenaufbereitung und -verarbeitung**

Die in den Betrieben erfassten Daten (Betriebscharakterisierung sowie Phänotypisierung von Tieren) wurden zunächst digitalisiert und nachfolgend mit der Statistiksoftware R (Version 4.0.4) (R Core Team, 2018) unter Zuhilfenahme diverser Softwarepakete aufbereitet und analysiert. Die genetisch-statistischen Analysen erfolgten nach der Aufbereitung in R mit dem Software Programm DMU (Version 6, Ausgabe 5.2) (Madsen und Jensen, 2013) zur Analyse multivariater gemischter Modelle. Zur Visualisierung der Ergebnisse wurde zum einen das R-Softwarepaket ggplot2 (Version 3.3.2) (Wickham, 2016) und zum anderen Microsoft Excel (Version Professional Plus 2016) genutzt.

#### **3.4 Clusteranalyseverfahren**

##### Clusteranalytische Verfahren

Die Betriebe, welche mit den konzipierten Fragebögen charakterisiert wurden, gilt es nachfolgend zu Betriebstypen (BT; = Cluster) zu gruppieren, hierfür kamen verschiedene Clustermethoden zu Anwendung. Zur Vermeidung von Verzerrungen bzw. Überschätzung durch redundante bzw. „doppelte“ Informationen ist eine entsprechende Variabilität sowie möglichst geringe Korrelationen entscheidend. Entsprechend wurden die Variationskoeffizienten innerhalb der Merkmale sowie die Korrelationskoeffizienten zwischen den Merkmalen (Pearson-Korrelation bei metrisch-metrischen Merkmalen, Spearman-Korrelation bei ordinal-metrischen bzw. ordinal-ordinalen Merkmalen und eta-Korrelation bei nominal-metrischen Merkmalen) ermittelt. In der Literatur unterliegen die jeweiligen Koeffizienten keinen klar definierten Grenzwerten, weshalb die a priori Werte (Variationskoeffizient  $\geq 50\%$ , Korrelation  $\leq 90\%$ ) von Köbrich et al. (2003) verwendet wurden. Unter Berücksichtigung dieser Kriterien konnten für die rinderhaltenden Betriebe 106 charakterisierende Merkmale und für die schweinehaltenden Betriebe 14 Merkmale in die Clusteranalysen einbezogen werden. Für die clusteranalytischen Verfahren wurden diverse R-Softwarepakete (u.a. „cluster (Version 2.1.0)“ (Maechler et al., 2018), „ClustOfVar (Version 1.1)“ (Chavent et al., 2017b), „PCAmixdata (Version 3.1)“ (Chavent et al., 2017a), „dendextend Version 1.13.4“ (Galili, 2015), factoextra (Version 1.0.7)“ (Kassambara und Mundt, 2017), „dummies (Version 1.5.6)“ (Brown, 2012)) angewendet. Aufgrund der unterschiedlichen

Skalenniveaus der erfassten Betriebsmerkmale wurde als Proximitätsmaß die modifizierte Gower-Distanz verwendet (Struyf et al., 1996). Mithilfe der „z-Standardisierung“ (Mittelwert  $\mu = 0$ , Standardabweichung  $\sigma = 1$ ) wurde der Einfluss naturgemäß hoher metrischer Werte (z.B. Milchleistung, Niederschlagsmenge) gegenüber natürlicherweise niedrigen Werten (z.B. Temperatur) relativiert, um Verzerrungen bei der Erzeugung der Distanzmatrix zu verringern.

#### Besonderheiten bei der Clusterung der Schweine-Betriebe:

Im Hinblick auf die nachfolgenden genetischen Berechnungen, sowohl für klassische Merkmale, d.h. Fruchtbarkeits-, Fleisch- und Schlachtqualitätsmerkmale, als auch die neu betrachteten funktionalen Merkmale (Verhalten, Fundament, Exterieur und Bemuskelung), wurden die Clusterungsprozesse für zwei Datensätze (Datensatz 1: Fruchtbarkeit - für alle 45 Betriebe; Datensatz 2: Fleischqualitätsmerkmale/neue funktionale Merkmale - für 23 Betriebe mit verfügbaren Phänotypen) durchgeführt. Dies liegt darin begründet, dass nur für einen Teil der Betriebe Fleisch- und Schlachtqualitätsparameter bzw. Verhaltens- und Körperbaumerkmale erfasst wurden und diese in den Clustern für den Gesamtdatensatz sehr ungleich verteilt waren.

#### Evaluationskriterium der Clustermethoden

Die Silhouettenweite wurde bzgl. ihres Informationsgehaltes zur Trennschärfe bzw. zum Trennprozess einer Clustermethode sowohl als Evaluationskriterium als auch zur Bestimmung der optimalen BT-Anzahl angewendet. Eine Silhouettenweite von 1 entspricht einer perfekten Trennung der Betriebe und ist durch hohe Intra-Homogenität (innerhalb eines BT sowie eine niedrige Inter-Homogenität (zwischen BT) gekennzeichnet. Dagegen ist eine negative Silhouettenweite als Fehlgruppierung zu interpretieren (Rousseeuw, 1987; Lletí et al., 2004; Gagaoua et al., 2018). Die Silhouettenweite berechnet sich nach Rousseeuw (1987):

$$SW(i) = \frac{b(i) - w(i)}{\max\{b(i), w(i)\}} \text{ mit } b(i) = \min_k \{B(i, k)\}$$

wobei  $w(i)$  der mittleren Distanz des Betriebes  $i$  zu den übrigen Betrieben desselben Clusters und  $B(i, k)$  der mittleren Distanz des Betriebes  $i$  zum nächstgelegenen Betrieb des Nachbarclusters  $k$  entspricht. Die durchschnittliche Silhouettenweite (dSW) entspricht der mittleren Silhouettenweite aller Cluster einer Methode:

$$dSW = \frac{\sum_{i=1}^k s(i)}{k}$$

wobei  $k$  der Anzahl der zu bildenden Cluster entspricht. Zur Bestimmung der optimalen Anzahl zu bildender Cluster wurde für jede Methode die dSW für jeweils zwei bis zehn Cluster

berechnet. Die Clusteranzahl mit der höchsten dSW über alle Methoden wurde bei den restlichen Clusterverfahren verwendet, um die Methoden hinsichtlich der Zuordnung der Betriebe zu den BT gegeneinander vergleichen zu können. Bei der Beschreibung der ermittelten BT diente der Fisher's Exact Test mit Freeman-Halton-Erweiterung (Freeman und Halton, 1951) bei qualitativen und der Kruskal-Wallis-Test (Ostertagová et al., 2014) bei quantitativen Merkmalen zur Überprüfung, inwieweit sich Merkmalsausprägungen zwischen den BT unterschieden.

#### **3.5 Schätzung genetischer Parameter und Zuchtwerte unter Berücksichtigung von Betriebstypeneffekten**

Die genetisch-statistischen Analysen wurden mit dem von Madsen und Jensen (2013) entwickelten Programmpaket DMU (Version 6, Ausgabe 5.2) durchgeführt. Hierbei fokussierten die Modellierungen auf die Inklusion des „neukonzipierten“ BT-Effektes anstelle des klassischen Betriebseffektes. Die Modellierungen basieren auf univariaten gemischten linearen Testtagsmodellen und orientieren sich an den für die jeweiligen Merkmale verwendeten offiziellen Modellierungen. Da jedoch gegenüber den offiziellen Berechnungen mit deutlich kleineren Datensätzen gerechnet wird, wurden sämtliche Modellierungen zunächst ohne den Einbezug von Verwandtschaftsmatrizen hinsichtlich des Einflusses der Einzeleffekte überprüft. Entsprechend werden nur signifikante Einflussfaktoren sowie in jedem Fall der Betriebs- bzw. BT-Effekt berücksichtigt. Abhängig vom Merkmal werden die Modellierungen zum einen in der Gesamtpopulation (GP) und zum anderen in der Vatertierpopulation durchgeführt. Die GP repräsentiert hierbei alle Tiere der charakterisierten Betriebe mit Leistungsinformationen und die Vatertierpopulation impliziert nur die Vatertiere der Tiere mit Leistungsinformationen. Je Modellierung wurde das Verhältnis zwischen Restvarianz und Gesamtvarianz (Ratio) zur Evaluation der Anpassungsgüte ermittelt, wobei ein geringeres Verhältnis bevorzugt wird (Candrak et al., 1997; Strabel und Szwaczkowski, 1999). Das Ziel genetisch-statistischer Methoden ist es, eine Vorhersage der Zukunft (= Zuchtwerte) durch die Nutzung von Daten aus der Vergangenheit (= Leistungs- und Pedigree-Daten) zu treffen, um so die tatsächlichen Ursachen und Wirkungen des Systems (= Umwelteinflüsse) zu schätzen. Diese unterliegen jedoch einem gewissen Zufallsfehler (Restvarianz), da sie nicht zu 100 % wiederholbar sind. Demzufolge sind Vorhersagen nie exakt, weswegen Konfidenzintervalle oder Sicherheiten/Genauigkeiten zur Abschätzung des erwarteten Fehlers angegeben werden (VanRaden, 2001).

Entsprechend wurden zur Bestimmung von Unterschieden in der Modellierung durch den Betriebs- bzw. BT-Effekt für die Spezies Rind die Sicherheiten ( $R^2$ ) der ermittelten Zuchtwerte als:

$$R^2 = 1 - \left( \frac{(PEV_{ZW})^2}{\sigma_a} \right),$$

und für die Spezies Schwein die Genauigkeiten (R) der ermittelten Zuchtwerte als:

$$R = \sqrt{R^2} = \sqrt{1 - \left( \frac{(PEV_{ZW})^2}{\sigma_a} \right)},$$

mit  $se_{ZW}$  als Standardfehler der geschätzten Zuchtwerte und  $\sigma_a$  als additiv-genetische Varianz, bestimmt (Falconer und Mackay, 2009; Mrode, 2014).

#### Besonderheiten bei der Schätzung genetischer Parameter für Rinderpopulationen

Neben der Berücksichtigung der Einzeleffekte „Betrieb“ bzw. „BT“ wurden in der Rinderpopulation auch Kombinationen beider Varianten in der Modellierung getestet, das heißt die gemeinsame Berücksichtigung vom Betriebseffekt und BT-Effekt oder Betriebseffekt genestet innerhalb BT-Effekt. Zum anderen wurde die Größe der Zeitgefährtengruppe durch die Kombination von Testtag und Betrieb/BT bzw. durch die Kombination von Testmonat und Betrieb/BT, variiert. In Tabelle 13 sind die verwendeten Modelle aufgeführt sowie in Tabelle 14 die Beschreibung der einzelnen Modellparameter.

Tabelle 13: Aufbau der unterschiedlichen univariaten Modellierungen für die Tierart Rind. Gleiche oder ähnliche Merkmale in unterschiedlichen Modellen wurden mit identischen Indizes versehen.

Modellnummer	Modellaufbau
R1 $y_{ijklmstu}$	$= \mu 1 + R_i + JS_j + L_k + B\_TT_i/BT\_TT_i + LT_m + KA_n + T_t + PU_u + e_{ijklmstu}$
R2 $y_{ijklmstu}$	$= \mu 1 + R_i + JS_j + L_k + B\_TM_i/BT\_TM_i + LT_m + KA_n + T_t + PU_u + e_{ijklmstu}$
R3 $y_{ijklmostu}$	$= \mu 2 + R_i + BM_j + LI_k + B_i/BT_i + BA_m + Sp_o + Bes_s + T_t + PU_u + e_{ijklmostu}$
R4 $logit(\pi_{ijklmostu})$	$= \varphi 2 + R_i + BM_j + LI_k + B_i/BT_i + BA_m + Sp_o + Bes_s + T_t + PU_u$
R5 $y_{ijklmtu}$	$= \mu 3 + R_i + JS_j + LI_k + B\_TT_i/BT\_TT_i + LT_m + T_t + PU_u + e_{ijklmtu}$
R6 $y_{ijklmtu}$	$= \mu 3 + R_i + JS_j + LI_k + B\_TM_i/BT\_TM_i + LT_m + T_t + PU_u + e_{ijklmtu}$
R7 $logit(\pi_{ijklmtu})$	$= \varphi 3 + R_i + JS_j + LI_k + B\_TT_i/BT\_TT_i + LT_m + T_t + PU_u$
R8 $logit(\pi_{ijklmtu})$	$= \varphi 3 + R_i + JS_j + LI_k + B\_TM_i/BT\_TM_i + LT_m + T_t + PU_u$
R9 $y_{ijklmpqrtu}$	$= \mu 4 + R_i + JS_j + LI_k + B\_TM_i/BT\_TM_i + LT_m + Lu_p + Te_q + Fe_r + T_t + PU_u + e_{ijklmpqrtu}$

Tabelle 14: Beschreibung der einzelnen Modellparameter der verschiedenen Modelle in Tabelle 13 für die Tierart Rind.

Modellparameter	Beschreibung
$\mu 1$	= Populationsmittel für der Produktionsmerkmale ( <i>Milch-, Protein-, Fettmenge, Protein-, Fettanteil</i> ) sowie der Gesundheitsindikatoren ( <i>Fett-Eiweiß-Quotient, Somatic-Cell-Score</i> )
$\mu 2$	= Populationsmittel für Fruchtbarkeitsmerkmale ( <i>Rastzeit</i> )
$\varphi 2$	= Populationsmittel für Fruchtbarkeitsmerkmale ( <i>Erstbesamungserfolg</i> )
$\mu 3/\varphi 3$	= Populationsmittel für funktionale Merkmale ( <i>BCS, Verschmutzung von Euter/Hinterhand/Zitzen, Lahmheit, Klauenkondition</i> )
$\mu 4$	= Populationsmittel für Merkmale des Methanausstoßes ( <i>Gesamtmittelwert, Eruktion (Mittelwert, Maximum), Respiration (Mittelwert, Maximum)</i> )
$R_i$	= Fixer Effekt der i-ten Rasse (DSN, HF)
$JS_j$	= Fixer Effekt der j-ten Jahr-Saison (1 bis 4)
$BM_j$	= Fixer Effekt des j-ten Belegungsmonats (1 bis 12)
$L_k$	= Fixer Effekt der k-ten Laktation (1, 2, 3)
$LI_k$	= Fixer Effekt der k-ten Laktation (1, 2, 3, 4, $\geq 5$ )
$B\_TT_i/BT\_TT_i$	= Fixer Effekt des l-ten Testtags (JJMMTT) innerhalb Betrieb bzw. Betriebstyp
$B\_TM_i/BT\_TM_i$	= Fixer Effekt des l-ten Testmonats (JJMM) innerhalb Betrieb bzw. Betriebstyp
$B_i/BT_i$	= Fixer Effekt des l-ten Betriebes bzw. Betriebstyps

Tabelle 14 (Fortsetzung): Beschreibung der einzelnen Modellparameter der verschiedenen Modelle in Tabelle 13 für die Tierart Rind.

<b>Modell- parameter</b>	<b>Beschreibung</b>
$LT_m$	= Fixe lineare Regression für Tage in Milch (Legendre Polynome 3. Ordnung)
$LTI_m$	= Fixer Effekt des m-ten Laktationsstadiums (Laktationstage 5 bis 100, 101 bis 200, 201 bis 300, > 300)
$BA_m$	= Fixe lineare Regression für das Alter bei der Belegung
$KA_n$	= Fixe lineare Regression des Kalbealters
$Sp_o$	= Fixer Effekt der o-ten Spermaart (Natursprung, Frischsperma, Tiefgefriersperma)
$Lu_p$	= Fixe lineare Regression der Luftgeschwindigkeit
$Te_q$	= Fixe lineare Regression der Temperatur
$Fe_r$	= Fixe lineare Regression der Luftfeuchtigkeit
$Bes_s$	= Zufälliger Effekt des s-ten Besamungsbullen
$T_t$	= Zufälliger additiv-genetischer Effekt des t-ten Prüftieres
$PU_u$	= Zufälliger permanenter Umwelteffekt
$e$	= Zufälliger Restabweichung

*Besonderheiten bei der Schätzung genetischer Parameter für Schweinepopulationen*

Die Berechnungen erfolgten sowohl für Merkmale der Fleisch- und Schlachtkörperqualität als auch Merkmale der Fruchtbarkeit sowie für funktionale Merkmale. Analog zur genetisch-statistischen Modellierung für die Spezies Rind wurden ebenfalls konventionelle Modelle mit klassischem Betriebseffekt mit den neukonzipierten Modellen, welche den BT-Effekt beinhalten, verglichen. Die Datenbasis in der Schweinepopulation war im Vergleich zur Rinderpopulation bedeutend geringer, weswegen auf Varianten des Kombinierens und Nestens bezüglich Betrieb und BT sowie auf Variationen der Formierung der Zeitgefährtengruppen verzichtet wurde. Es wurden sowohl univariate als auch (merkmalsabhängig) bivariate Modelle angewendet. Für die funktionalen Merkmale wurden sowohl lineare Modelle als auch Schwellenwertmodelle verwendet. Für die Schwellenwertmodelle wurden für das Merkmal Verhalten die Klassen 1 bis 3 als „ruhige Tiere“ (binäre Klasse 0) und die Klassen 4 und 5 als „nervöse/unruhige Tiere“ (binäre Klasse 1), und für die Merkmale Fundament und Exterieur die Klasse 3 als „besondere Zuchttauglichkeit“ (binäre Klasse 1) und die Klassen 1 und 2 als „keine besondere Zuchttauglichkeit“ (binäre Klasse 0) definiert. Die in Tabelle 15 aufgeführten Modellierungen entsprechen den univariaten Modellen, mit den entsprechenden Erklärungen der Modellparameter in Tabelle 16.

Tabelle 15: Aufbau der unterschiedlichen univariaten Modellierungen für die Tierart Schwein. Gleiche oder ähnliche Merkmale in unterschiedlichen Modellen wurden mit identischen Indizes versehen.

Modellnummer	Modellaufbau	
S1	$y_{ijklqr}$	$= \mu 1 + S_i + B_j/BT_j + MHS_k + SG_i/PG_l + T_q + PU_r + e_{ijklqr}$
S2	$y_{jmnppqr}$	$= \mu 2 + B_j/BT_j + WJ_m + AF_n + Bes_p + T_q + PU_r + e_{jmnppqr}$
S3	$y_{ijmopqr}$	$= \mu 3 + S_i + B_j/BT_j + WJ_m + A_o + Bes_p + T_q + PU_r + e_{ijmopqr}$
S4	$logit(\pi_{ijmopqr})$	$= \varphi 3 + S_i + B_j/BT_j + WJ_m + A_o + Bes_p + T_q + PU_r$

Tabelle 16: Beschreibung der einzelnen Modellparameter der verschiedenen Modelle in Tabelle 15 für die Tierart Schwein.

Modellparameter	Beschreibung
$\mu 1$	= Populationsmittel für Merkmale der Fleisch- und Schlachtkörperqualität ( <i>Piglog Messung - in vivo: Muskeldicke, Rückenspeckdicke; Messung am Schlachtkörper - post mortem: Muskeldicke, Rückenspeckdicke, pH (nach 24 h), Leitfähigkeit (nach 24 h und 48 h), Fleischhelligkeit (nach 48 h und 72 h), Tropfsaft (nach 24 h, 48 h und 72 h), Marmorierung, Grillverlust, Scherkraft, Intramuskulärer Fettgehalt</i> )
$\mu 2$	= Populationsmittel für die Merkmale der Fruchtbarkeit ( <i>lebendgeborene bzw. abgesetzte Ferkel</i> )
$\mu 3/\varphi 3$	= Populationsmittel für funktionale Merkmale ( <i>Exterieur, Fundament, Bemuskelung, Verhalten</i> )
$S_i$	= Fixer Effekt des i-ten Geschlechtes (männlich, weiblich, Kastrat)
$B/BT_j$	= Fixer Effekt des j-ten Betriebes bzw. Betriebstyps
$MHS_k$	= Fixer Effekt des k-ten MHS-Genotyps (Nn, NN)
$SG_i/PG_l$	= Fixe Regression des Schlacht- bzw. Prüfgewichtes
$WJ_m$	= Fixer Effekt des m-ten Wurfjahres
$AF_n$	= Fixe Regression des Alters der Sau bei der Geburt
$A_o$	= Fixe Regression des Alters des Prüftieres
$Bes_p$	= Zufälliger Effekt des p-ten Besamungsebers
$T_q$	= Zufälliger additiv-genetischer Effekt des q-ten Prüftieres
$PU_r$	= Zufälliger Wurfumwelteffekt auf das r-ten Prüftieres
$e$	= Zufälliger Restabweichung

Bivariates Modell:

$$\underline{Model\ S5:} \quad \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 + p_1 \\ u_2 + p_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} s_1 \\ s_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Wobei Index **1** für das Merkmal lebendgeborene Ferkel und Index **2** für das Merkmal abgesetzte Ferkel steht; **y** entspricht dem Beobachtungsvektor des Merkmals; **b** beschreibt den Vektor für die fixen Effekte - Wurfnummer, Betrieb/BT, Jahr sowie das Alter der Sau als Regression; **u** spiegelt den Vektor der zufälligen additiv-genetischen Effekte wider; **p** bezieht sich als Vektor

auf die zufälligen permanenten Umwelteffekte;  $\mathbf{s}$  generiert einen Vektor des zufälligen Vätereffektes;  $\mathbf{e}$  formuliert den Vektor der zufälligen Resteffekte;  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}$  und  $\mathbf{W}$  entsprechen den zugehörigen Inzidenzmatrizen und die Einheits- sowie die Verwandtschaftsmatrix werden durch  $\mathbf{I}$  und  $\mathbf{A}$  repräsentiert.

Die genetischen Kovarianzen und Korrelationen für sämtliche Merkmalskombinationen der Fleisch- und Schlachtqualität wurden ebenfalls mittels bivariater Rechenläufe geschätzt, welche einen analogen Modellaufbau aufwiesen wie das Modell S1.

### 3.6 Analyse von Genotyp-Umwelt-Interaktionen unter Berücksichtigung von Betriebstypen

Zur Analyse von Genotyp-Umwelt-Interaktionen (GUI) wurde ein Mehrmerkmalsansatz verwendet. Bei der Spezies Rind wurde exemplarisch die Milchmenge und beim Schwein der intramuskuläre Fettgehalt ausgewählt, um mögliche GUI zu identifizieren. Genetische Korrelationen von  $r_g \leq 0,8$  sind nach Robertson (1959) als ein Hinweis auf etwaige GUI zu interpretieren. In den dazu verwendeten Mehrmerkmalsansatz wurden die jeweiligen Merkmale der entsprechenden BT als separate Merkmale definiert. Die beobachteten genetischen Korrelationen, die Hinweise auf GUI gaben, waren Anlass zum Vergleich der Selektionslisten (Toplisten-/Rangierungsvergleiche) in den verschiedenen BT, um robuste Genotypen selektieren zu können. Hierfür wurden jeweils die Bullen/Eber mit den höchsten Zuchtwerten hinsichtlich ihrer Rangierung in den einzelnen BT betrachtet. Die Modellierung der Mehrmerkmalsmodelle erfolgte nach folgendem Schema:

Modell zur Überprüfung möglicher GUI unter Verwendung von Betriebstypen beim Rind:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \\ y_4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & X_4 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \\ b_4 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & Z_4 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 + p_1 \\ u_2 + p_2 \\ u_3 + p_3 \\ u_4 + p_4 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \\ e_4 \end{bmatrix}$$

Modell zur Überprüfung möglicher GUI unter Verwendung von Betriebstypen beim Schwein:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 + p_1 \\ u_2 + p_2 \\ u_3 + p_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 & 0 \\ 0 & W_2 & 0 \\ 0 & 0 & W_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} s_1 \\ s_2 \\ s_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix}$$

Die Indizes (1 bis 4 bzw. 1 bis 3) spiegeln das entsprechende Merkmal (Milchmenge bzw. intramuskulärer Fettgehalt) in den jeweiligen BT wider;  $\mathbf{y}$  entspricht dem Beobachtungsvektor des jeweiligen Merkmals;  $\mathbf{b}$  repräsentiert den Vektor der fixen Effekte (Rind - nach Modell R1; Schwein - Geschlecht (männlich, weiblich, Kastrat), MHS-Status (frei, nicht frei);  $\mathbf{u}$  generiert einen Vektor der zufälligen additiv-genetischen Effekte;  $\mathbf{p}$  bezieht sich als Vektor auf die

zufälligen permanenten Umwelteffekte;  $\mathbf{s}$  beschreibt den Vektor der zufälligen Vätereffekte;  $\mathbf{e}$  formuliert den Vektor der zufälligen Resteffekte; die zugehörigen Inzidenzmatrizen werden durch  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}$  sowie  $\mathbf{W}$  widergespiegelt;  $\mathbf{I}$  und  $\mathbf{A}$  entsprechen der Einheits- bzw. der Verwandtschaftsmatrix.

#### 3.7 Analyse der Populationsstruktur

Mit der Analyse der Populationsstruktur soll untersucht werden, inwieweit sich diese durch die Gruppierung von Betrieben zu BT verändert. Hierfür wurden populationspezifisch der Inzuchtkoeffizient ( $F$ ) sowie die mittlere Verwandtschaft ( $R_e$ ) bestimmt (Wright und McPhee, 1925; Colleau, 2002). Da die Berechnung des individuellen Inzuchtkoeffizienten jedoch stark von der Vollständigkeit des Pedigrees beeinflusst wird (MacCluer et al., 1983; Miglior et al., 1992; König und Simianer, 2006), wurden nur Tiere mit einer Vollständigkeit des Pedigrees von mind. 90 % berücksichtigt. Des Weiteren wurde die Anzahl eingesetzter Väter sowie der relative Anteil von Tieren mit Phänotyp zu eingesetzten Vätern ermittelt. Vaterspezifisch wurde weiter die effektive Töchterzahl nach Tosh und Wilton (1994) berechnet.

$$n_{e_j} = \sum_i \frac{n_{ij}(n_i - n_{ij})}{n_i}$$

wobei  $n_{e_j}$  der Anzahl Nachkommen mit Leistung pro Vater  $j$  in der Zeitgefährtengruppe  $i$  und  $n_i$  der Anzahl aller Tiere mit Leistung in der Zeitgefährtengruppe  $i$  entspricht. Je höher der Wert eines Bullen ist, desto mehr informative Töchterleistungen besitzt dieser, was in einer genaueren Schätzung genetischer Parameter resultiert (Tosh und Wilton, 1994). Die effektive Töchterzahl je Vater wurde entsprechend je Betrieb bzw. BT über alle Väter gemittelt.

### 4. Ergebnisse

Die Ergebnisdarstellung erfolgt zur besseren Übersicht tierartspezifisch und nicht themenspezifisch. Generell sollen für die jeweilige Tierart zunächst die Resultate der Clusteranalysen vorgestellt und die gebildeten BT anhand der erfassten Merkmale beschrieben werden. Anschließend erfolgt die Präsentation der Ergebnisse der durchgeführten genetisch-statistischen Analysen als Vergleich zwischen konventioneller und neukonzipierter Modellierung. Weiter soll auf die identifizierten Genotyp-Umwelt-Interaktionen sowie die veränderten Rangierungen der Top-Vererber im Datenmaterial in den jeweiligen BT eingegangen werden. Abschließend soll die Analyse der jeweiligen Populationsstruktur nähergelegt werden.

#### 4.1 Ergebnisdarstellung - Rind

Die nachfolgend aufgeführten Ergebnisse beziehen sich auf die in dieser Arbeit charakterisierten 30 Betriebe mit Rindern der Rasse DSN bzw. HF.

##### 4.1.1 Clusterung

###### Durchführung der Clusterungsprozesse

Das Ziel der durchgeführten Clusteranalysen innerhalb der rinderhaltenden Betriebe besteht darin, anhand von Umwelt-, Tier- und Betriebsfaktoren ähnlich wirtschaftende Betriebe, die einen ähnlichen Einfluss auf die phänotypische Leistung ihrer Tiere ausüben, zu (praxisrealistischen) BT zusammenzufassen. Die Silhouettenweite (SW) dient sowohl der objektiven Erfassung der optimalen Anzahl von BT je Clusterverfahren sowie dem objektiven Vergleich der unterschiedlichen Clusterverfahren bei identischer Anzahl von BT. Für die CoVAHC wird die SW ebenfalls zur Abschätzung der zu bildenden Variablencluster verwendet. Für diese Methode zeigt Abbildung 6 die maximal erreichten SW bei der Bildung unterschiedlicher Anzahlen an Variablenclustern ( $C_k = 3$  bis 100) sowie anhand der Farbgebung die dabei verwendete Anzahl an BT. Generell ist zu erwähnen, dass bei allen Clusterungen die Anzahl der BT auf zehn begrenzt ist. Insgesamt fällt auf, dass mit zunehmender Variablenclusterung die erreichte maximale SW deutlich reduziert ist. Ebenfalls zu erkennen ist, dass eine geringere Anzahl von BT zu bevorzugen ist. So generiert die Bildung von 2, 3 und 4 BT, 72-mal die höchste SW bei der jeweiligen Variablenclusterzahl, wohingegen Gruppierung von 5 bis 10 BT nur 27-mal die höchste SW generieren. Die höchste dSW (0,51) für CoVAHC und damit die optimale Anzahl zu bildender BT, wird in diesem Datensatz mit

drei Variablenclustern und vier BT erreicht. In den nachfolgenden Ausführungen impliziert die Bezeichnung CoVAHC, dass drei Variablencluster gebildet werden.

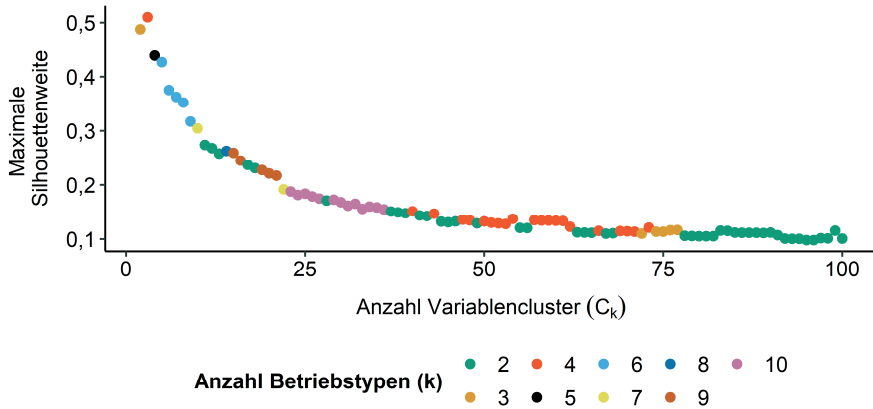


Abbildung 6: Maximale durchschnittliche Silhouettenweite (dSW) sowie die dabei verwendete Anzahl gebildeter Betriebstypen (Farben) bei der „Clustering von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clustering“ (CoVAHC) bei unterschiedlicher Anzahl gebildeter Variablencluster ( $C_k = 2$  bis  $C_k = 100$ ).

Der Vergleich der dSW bei der Bildung unterschiedlicher Anzahlen von BT innerhalb der untersuchten Clustervarianten (AHC, PAM, FZC und CoVAHC) zeigt in Abbildung 7 eine weite Spannweite der dSW von 0,02 (FZC mit 10 BT) bis zu 0,51 (CoVAHC mit 4 BT), was auf eine starke Differenz der Methoden bezüglich des Separierungsprozesses im vorliegenden Datensatz hindeutet. Insgesamt sind die Methoden AHC, PAM und FZC bei identischer Anzahl gebildeter BT der CoVAHC deutlich unterlegen. So erreichen diese Clusterungen jeweils bei der Bildung von zwei BT ihre maximal mögliche dSW ( $dSW_{AHC} = 0,17$ ;  $dSW_{PAM} = 0,19$ ;  $dSW_{FZC} = 0,19$ ), was im direkten Vergleich zu CoVAHC ( $dSW_{CoVAHC} = 0,48$ ) ca. 2,5-mal niedriger ist. CoVAHC zeigt gegenüber den restlichen Methoden eine dSW, welche bis zu 4-mal höhere Werte bei identischer Anzahl zu bildender BT annimmt. Ebenfalls in Abbildung 7 ist zu erkennen, dass bei vier BT die generell höchste  $dSW_{CoVAHC} = 0,51$  erzielt wird.

#### 4. Ergebnisse

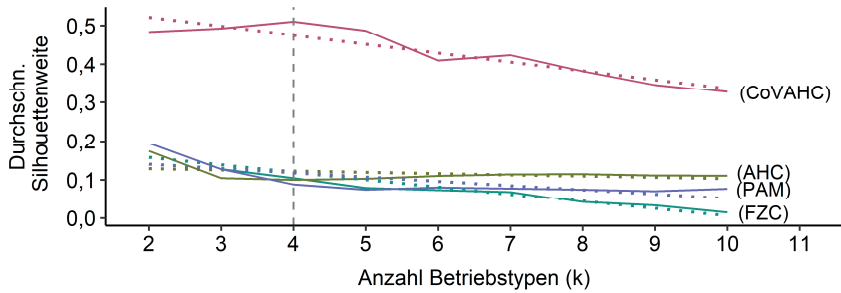


Abbildung 7: Durchschnittliche Silhouettenweite (dSW) der verschiedenen Clustermethoden bei unterschiedlicher Anzahl zu bildender Betriebstypen; AHC = hierarchische Clusterung, PAM = Partitionierung um Medoide, FZC = Fuzzy Clusterung, CoVAHC = Clusterung von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clusterung (Bildung von drei Variablenclustern  $C_k = 3$ ), gestrichelte Linien = geglätteter Mittelwert, senkrechte gestrichelte Linie = optimale Anzahl an Betriebstypen.

Für eine bessere Vergleichbarkeit der Clusterungsansätze wird für alle Methoden eine identische Anzahl von BT ( $k = 4$ ) verwendet, welche auf der höchsten dSW basiert, auch wenn diese nicht der optimalen BT-Anzahl der jeweiligen Methode entspricht. Abbildung 8 visualisiert die SW der einzelnen Betriebe bei jeweils vier gebildeten BT für die vier untersuchten Methoden. Die Bezeichnung/Nummerierung von Clustern (bzw. BT) ist gewissermaßen willkürlich und entspricht keiner absoluten Bezeichnung. In der Regel werden die Objekte, welche als erstes zusammengefasst werden als „Cluster 1“ betitelt. Alle weiteren Objekte, welche nicht diesem ersten Cluster zugeordnet werden, bilden entsprechend neue Cluster. Entscheidend dafür, wann welche Objekte kombiniert werden, ist die Methodik, sodass die Nummerierung der Clusterung in der Auswertung austauschbar ist. Entsprechend wird in Abbildung 8 die Farbgebung der Balken sowie die Nummerierung der BT der Methoden AHC, PAM und FZC so angepasst, dass möglichst viele Betriebe mit den Betrieben der BT von CoVAHC übereinstimmen. Neben der höchsten dSW werden durch CoVAHC auch für einzelne Betriebe die höchsten SW erreicht, mit Ausnahme von Betrieb 2. Für Betrieb 2 kann aufgrund der fehlenden Vergleichsbetriebe in BT3 keine SW berechnet werden. Bei der Nutzung der anderen Methoden zeigen sich anhand der negativen SW auch Fehlgruppierungen durch den jeweiligen Prozess. So zeigt sich bei AHC, dass alle Betriebe in BT 3 sowie Betrieb 25 falsch gruppiert sind, es also wenige bis keine Übereinstimmungen der Betriebe innerhalb des BT gibt. Beim PAM-Ansatz weisen die Betriebe 1, 11 und 12 und bei FZC Betrieb 12 negative SW auf. Aufgrund der deutlich höheren SW von CoVAHC sowie der Tatsache, dass es keine negativen SW und somit keine Fehlclusterungen gibt, wird CoVAHC

## 4. Ergebnisse

als beste Methode zur Clustering von Betrieben anhand der erfassten Merkmale interpretiert.

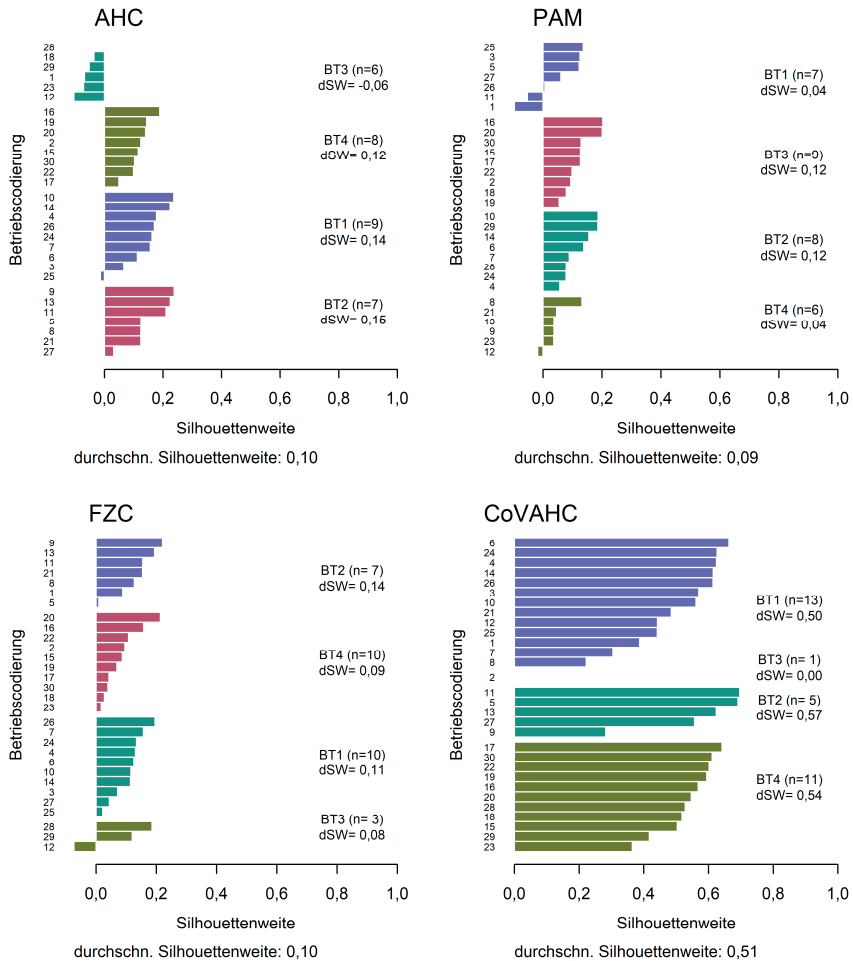


Abbildung 8: Silhouettenweite der Betriebe bei der Gruppierung von vier Betriebstypen unter Anwendung einer agglomerativen hierarchischen Clustering (AHC), einer Partitionierung um Medoide (PAM), einer Fuzzy-Clustering (FZC) und einer Clustering von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clustering (CoVAHC; Bildung von drei Variablenclustern  $C_k = 3$ ). Die Farbgebung und Nummerierung der Betriebstypen für AHC, PAM und FZC wurde so gewählt, dass möglichst viele Betriebe mit den Betrieben der Betriebstypen von CoVAHC übereinstimmen.

Beschreibung der gebildeten Betriebstypen

Das in Abbildung 9 dargestellte Dendrogramm visualisiert die Gruppierung der 30 charakterisierten Betriebe sowie die daraus generierten BT. Zur Beschreibung der BT wurden die jeweiligen Anteile einiger Merkmale in Tabelle 17 aufgelistet und mittels Fisher's Exact Test mit Freeman-Halton-Erweiterung für qualitative Merkmale und Kruskal Wallis-Test für quantitative Merkmale auf stochastische Unabhängigkeit getestet.

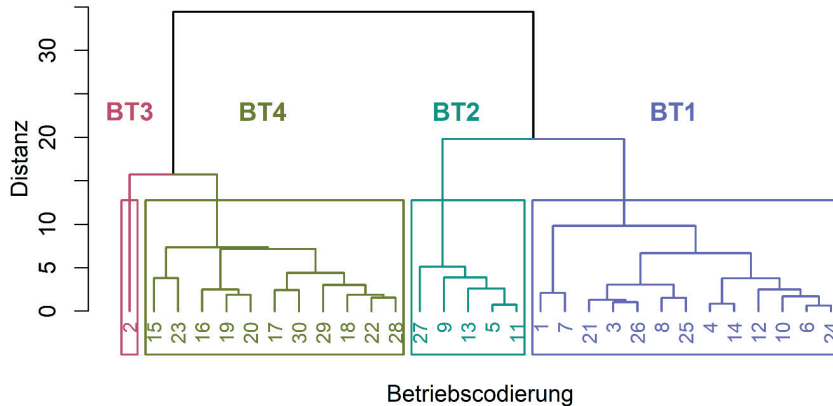


Abbildung 9: Dendrogramm der charakterisierten 30 Betriebe, gruppiert durch eine Clusterung von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clusterung (CoVAHC;  $C_k = 3$ ).

Die gebildeten BT (Abbildung 9), welche für die anschließenden genetisch-statistischen Analysen verwendet werden, sollen nachfolgend anhand prägnanter Merkmale (Tabelle 17) kurz charakterisiert werden:

**Betriebstyp 1** = mittelgroße DSN-Betriebe mit dem Fokus auf der Milchproduktion (Betriebe: 1, 3, 4, 6, 7, 8, 10, 12, 14, 21, 24, 25, 26)

- ökologisch als auch konventionell wirtschaftende DSN-Betriebe
- Boxenlaufställe oder vereinzelt Tiefstreu-/Kompostierungssysteme mit Weidegang
- vereinzelt (4 von 13) Nutzung von Herdenmanagementsoftware
- mittlere Leistung ( $\bar{\mu}$  19,7 kg pro Kuh) bei gleichzeitig mittlerem Einsatz von Kraftfutter (3,5 kg)
- Herdenmanager: Anfang 50, mittlere schulische Ausbildung sowie höhere berufliche Ausbildung, ca. 35 Jahre landwirtschaftliche Erfahrung

**Betriebstyp 2** = kleine DSN-Betriebe mit geringer Intensität (Betriebe: 5, 9, 11, 13, 27)

- kleine DSN-Betriebe (< 20 Tieren), weitere Einnahmequellen neben der Milch, sowohl ökologisch als auch konventionell bewirtschaftet
- Anbindehaltung mit Weidenutzung
- keine Nutzung von Herdenmanagementsoftware
- niedrige Leistung (Ø 16,9 kg pro Kuh) bei einem geringen Kraftfuttereinsatz (1,3 kg)
- Herdenmanager: Mitte 50, geringe schulische und mittlere berufliche Ausbildung, ca. 40 Jahre landwirtschaftliche Erfahrung

**Betriebstyp 3** = Intensiv wirtschaftender DSN-Großbetrieb (Betrieb: 2)

- konventioneller, auf Milchviehhaltung spezialisierter Großbetrieb (> 800 Tiere)
- Boxenlaufstall ohne Weidenutzung
- Nutzung von Herdenmanagementsoftware und Brunsterkennungssystemen
- hohe Milchleistung (Ø 25,6 kg pro Kuh), bei sehr hohem Kraftfuttereinsatz (8,5 kg)
- Herdenmanager Anfang 60, mittlere schulische Ausbildung und mittlere berufliche Ausbildung, ca. 50 Jahre landwirtschaftliche Erfahrung

**Betriebstyp 4** = spezialisierte HF-Betriebe (Betriebe: 15, 16, 17, 18, 19, 20, 22, 23, 28, 29, 30)

- größere, konventionelle, spezialisierte HF-Milchviehbetriebe, Ausnahme Betrieb 20 mit HF- und DSN-Tieren
- Boxenlaufställe mit vereinzelter Weidenutzung (4 von 11)
- Nutzung von Herdenmanagementsoftware und überwiegend auch Brunsterkennungssystemen (8 von 11)
- sehr hohe Milchleistung (Ø 31,3 kg pro Kuh) bei hohem Kraftfuttereinsatz (6,1 kg)
- Herdenmanager Ende 30, mittlere schulische sowie mittlere bis höhere berufliche Ausbildung, ca. 20 Jahre landwirtschaftliche Erfahrung

Grundsätzlich zeigt sich, dass die beiden Rassen DSN und HF trotz ihrer phylogenetischen Ähnlichkeit relativ strikt in verschiedene BT eingeteilt werden. Lediglich BT4 beinhaltet neben den zehn HF-Betrieben zusätzlich einen DSN-Betrieb. Hierbei sei allerdings zu erwähnen, dass dieser Betrieb sowohl HF als auch DSN-Tiere (getrennte Herden) im Bestand hat, wobei der HF-Anteil überwiegt (zwei Drittel HF und ein Drittel DSN).

Der Median der Herdengröße zwischen den BT unterscheidet sich hochsignifikant ( $p < 0,001$ ), was eine Einteilung der BT in klein, mittel, groß und sehr groß zwar theoretisch ermöglicht, bei der Betrachtung der Variationsbreite zeigt sich jedoch eine zum Teil sehr große Streuung

innerhalb der BT. Der BT1 hat im Median 51 Tiere, wobei der kleinste Betrieb im Cluster nur 3 Tiere und der größte 144 Kühe in der MLP hat. Ein ähnliches Bild zeigt sich in BT4, wo der Median bei 145 Tieren liegt und die Herdengrößen zwischen 60 und 778 Kühen schwanken. In BT2 liegt der Median an Tieren pro Betrieb bei 15 mit einer Schwankung zwischen 5 und 20 Kühen in Milch. Zwar gibt es auch im BT1 zwei kleine Betriebe mit 3 bzw. 5 Tieren, hierbei sei allerdings zu erwähnen, dass in diesen Betrieben die DSN-Kühe in der HF-Herde mitliefen. Die Gesamtherdengröße in den beiden Betrieben lag bei ca. 80 bzw. 120 Tieren.

Hinsichtlich der Rechtsform, der Bewirtschaftungsart und dem betrieblichen Haupteinkommen zeigt sich kein Unterschied zwischen den BT. In der Tendenz lässt sich jedoch erkennen, dass mit zunehmender Größe und Professionalisierung der Betriebe der Anteil der Familienbetriebe abnimmt. So überwiegt in BT2 der Familienbetrieb mit 80 % deutlich, in BT1 ist der Familienbetrieb mit 56 % und in BT4 nur noch mit 36 % vertreten. Analog verhält es sich mit dem Haupteinkommen. BT3 und BT4 haben sich nahezu vollständig (100 % bzw. 82 %) der Milchproduktion verschrieben, wohingegen in BT1 und BT2 (20 % bzw. 60 %) andere Einkommensquellen, wie z.B. der Anbau von Sonderkulturen (Kartoffeln, Gemüse), die Mast oder andere Tierarten (Schwein, Geflügel) einen maßgeblichen Anteil am Betriebseinkommen haben. Auch bei der Bewirtschaftungsart zeigt sich ein ähnlicher Trend. In größeren Betrieben (BT3 und BT4) ist vornehmlich die konventionelle Produktion von Bedeutung, aber auch in den kleinsten Betrieben (BT2). In BT1 ist der Anteil der ökologisch wirtschaftenden Betriebe mit 46 % am höchsten.

Von den 30 charakterisierten Betrieben haben 16,7 % noch Anbindehaltung, jedoch hat keiner der Betriebe mehr als 20 Tiere (alle BT2), sodass der Anteil der Kühe in Anbindehaltung nur bei ca. 1,8 % lag. Alle Tiere in Anbindehaltung haben Zugang zur Weide, wohingegen nur ein Drittel der Betriebe mit hoher Milchleistung (BT3 und BT4) den Tieren Weidegang gewährt. Insgesamt war der klassische Boxenlaufstall die dominierende Stallform (BT1: 77 %, BT3: 100 %, BT4: 73 %). Tiefstreu- oder Kompostierungssysteme bzw. gemischte Systeme (mehrere unterschiedliche Haltungssysteme) waren nur in BT1 (23 %) und BT4 (27 %) vorzufinden.

Besonders im Hinblick auf die digitale Dokumentation bzw. allgemein die Digitalisierung der Betriebe zeigen die BT deutliche Unterschiede. Mit zunehmender Größe steigt der Anteil der Digitalisierung, so nutzen alle Betriebe in BT3 und BT4 ein Herdenmanagementprogramm und dokumentieren darüber auch ihre Behandlungen. 64 % der Betriebe aus BT4 sind zudem auch Teil eines Gesundheitsprojektes, wobei die Daten in zusätzlichen Gesundheitsdatenbanken erfasst werden. In den kleineren Betrieben (BT1 und BT2) erfolgt die Dokumentation primär manuell, wobei auch in BT1 15 % der Betriebe Teil eines Gesundheitsprojektes sind.

Die Intensität der Produktion spiegelt sich in der Gestaltung der Rationen wider. So wird insbesondere in den BT3 und BT4 versucht, durch eine aufwendige Rationsgestaltung sowie regelmäßige Futteranalysen möglichst nah am Bedarf der Tiere zu füttern, wohingegen die Betriebe in BT1 und BT2 eher angaben, einfache (weniger Komponenten) Rationen zu verwenden. Allerdings unterscheiden sich die gefütterten Basisrationen in Abhängigkeit von der Rasse. In den DSN-Betrieben (BT1, BT2 und BT3) basieren die Rationen vornehmlich (85 %, 80 % bzw. 100 %) auf einer Grassilage bzw. in BT1 bei 15 % aus einer halb-Gras- und halb-Maissilage. In den HF-Betrieben basiert die Grundration primär auf Mais (45 %) bzw. auf einer 50:50-Mischung aus Gras- und Maissilage (45 %). Der Kraftfutteranteil in der Ration unterscheidet sich deutlich zwischen den BT. Wird in den kleineren Betrieben (BT1 und BT2) eher weniger Kraftfutter eingesetzt (3,5 kg bzw. 1,3 kg), ist der Anteil in den größeren Betrieben (BT3 und BT4) im Mittel mit 8,5 kg bzw. 6,1 kg deutlich höher.

Die Hälfte der Betriebe setzt bei der Besamung ihrer Tiere ausschließlich auf die künstliche Besamung (KB) und weitere 27 % der Betriebe kombinieren die KB mit dem Einsatz eines Natursprungbullens. Bei der Durchführung der KB setzt der Großteil auf einen/ eine Tierarzt:in (BT1: 54 %, BT2: 40 %, BT3: 100 %), nur in BT4 wird primär durch Eigenbestandsbesamer:innen besamt. Insgesamt setzt die Hälfte der Betriebe neben der KB auch einen Bullen im Natursprung ein, wobei nur 23 % der Betriebe ausschließlich auf den Natursprung setzen, letztere Betriebe sind sowohl in BT1, BT2 und BT4 zu finden. Bezüglich des Trockenstellmanagements setzt der vermehrte Teil auf antibiotisch wirkende Mittel. Nur 20 % verzichten auf diese Mittel und setzen alternativ auf homöopathisch wirkende Substanzen zum Trockenstellen. In BT1 geben 31 % an keine Antibiotika einzusetzen und nur 23 % nutzen Homöopathika, entsprechend verzichten 8 % gänzlich auf eine „medikamentöse“ Trockenstellpraxis. BT2 zeigt einen deutlich höheren Anteil (60 %) homöopathischer Trockensteller, wohingegen in BT3 und BT4 diese Trockenstellvariante völlig unbeachtet blieb.

Hinsichtlich der soziologischen Komponente „Mensch“ lässt sich allgemein festhalten, dass größere Herden eher von jüngeren Landwirt:innen, mit mittlerer bis hoher schulischer und beruflicher Ausbildung gemanagt werden. In BT4 liegt das Durchschnittsalter der Herdenmanager bei 37 Jahren und die Herdengröße bei 145 (Median). Dennoch können sie mit ca. 20 Jahren eine beachtliche Berufserfahrung vorweisen. Die kleinen Betriebe (Median: 15 Tiere) mit Anbindehaltung in BT2 werden vornehmlich von älteren Landwirt:innen ( $\bar{O}$  = 51,8 Jahre) geführt.

#### 4. Ergebnisse

Tabelle 17: Anteil der Hauptkriterien in den jeweiligen Betriebstypen basierend auf der Clusterung von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clusterung (CoVAHC). Der Fisher's Exact Test mit Freeman-Halton-Erweiterung wurde für qualitative Merkmale und der Kruskal-Wallis Test für quantitative Merkmale verwendet, um Unterschiede zwischen den Betriebstypen zu identifizieren.

<b>Merkmal</b>	<b>Antwort-Möglichkeit</b>	<b>Betriebs-typ 1 (n = 13)</b>	<b>Betriebs-typ 2 (n = 5)</b>	<b>Betriebs-typ 3 (n = 1)</b>	<b>Betriebs-typ 4 (n = 11)</b>	<b>Sig.<sup>a</sup></b>
Rasse	DSN	100 %	100 %	100 %	9 %	***
	HF	0 %	0 %	0 %	91 %	
Herdengröße	Median	51	15	800	145	***
	Spanne	3 - 144	6 - 20	-	60 - 778	
Rechtsform	Familienbetrieb	69 %	80 %	0 %	36 %	n.s. <sup>b</sup>
	GbR <sup>c</sup>	23 %	20 %	0 %	55 %	
	GmbH <sup>d</sup>	8 %	0 %	0 %	9 %	
	Genossenschaft	0 %	0 %	100 %	0 %	
Bewirtschaftungsart	Konventionell	54 %	60 %	100 %	100 %	n.s. <sup>b</sup>
	Ökologisch EU)	31 %	20 %	0 %	0 %	
	Ökologisch (Organisation)	15 %	20 %	0 %	0 %	
Haupteinkommen	Milch	77 %	40 %	100 %	82 %	n.s. <sup>b</sup>
	Sonstiges	23 %	60 %	0 %	18 %	
Stallform	Boxenlaufstall	77 %	0 %	100 %	73 %	***
	Tiefstreu oder Kompostierungssystem	15 %	0 %	0 %	9 %	
	Gemischtes System	8 %	0 %	0 %	18 %	
	Anbindehaltung	0 %	100 %	0 %	0 %	
Weidegang	Ja	100 %	100 %	0 %	36 %	***
	Nein	0 %	0 %	100 %	64 %	
Herdenmanagementprogramm	Ja	31 %	0 %	100 %	100 %	***
	Nein	69 %	100 %	0 %	0 %	
Behandlungsdokumentation	Manuell	85 %	100 %	0 %	0 %	***
	Herdenmanagementprogramm	0 %	0 %	100 %	36 %	
	Teilnahme an Gesundheitsprojekt	15 %	0 %	0 %	64 %	

<sup>a</sup> Sig. = Signifikanz, <sup>b</sup> n.s.= nicht signifikant, <sup>c</sup> Gesellschaft bürgerlichen Rechts, <sup>d</sup> Gesellschaft mit beschränkter Haftung; signifikant mit  $p < 0,05$ : \*,  $p < 0,01$ : \*\*,  $p < 0,001$ : \*\*\*

#### 4. Ergebnisse

Tabelle 17 (Fortsetzung): Anteil der Hauptkriterien in den jeweiligen Betriebstypen basierend auf der Clusterung von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clusterung (CoVAHC). Der Fisher's Exact Test mit Freeman-Halton-Erweiterung wurde für qualitative Merkmale und der Kruskal-Wallis Test für quantitative Merkmale verwendet, um Unterschiede zwischen den Betriebstypen zu identifizieren.

<b>Merkmal</b>	<b>Antwort-Möglichkeit</b>	<b>Betriebs- typ 1 (n = 13)</b>	<b>Betriebs- typ 2 (n = 5)</b>	<b>Betriebs- typ 3 (n = 1)</b>	<b>Betriebs- typ 4 (n = 11)</b>	<b>Sig.<sup>a</sup></b>
Ration	Maisbasiert	0 %	0 %	0 %	45 %	***
	Grasbasiert	85 %	80 %	100 %	9 %	
	50:50 (Mais: Gras)	15 %	0 %	0 %	45 %	
	Rohfaserbetont	0 %	20 %	0 %	0 %	
Kraftfutteranteil	Mittelwert (in kg)	3,5	1,3	8,5	6,1	**
	Spanne (in kg)	0,0 - 7,0	0,0 - 4,0	-	2,5 - 9,0	
Rationsgestaltung	Komplex	8 %	0 %	100 %	64 %	**
	Einfach	92 %	100 %	0 %	36 %	
Futteranalysen	Ja	31 %	20 %	100 %	82 %	*
	Nein	69 %	80 %	0 %	18 %	
Natursprung	Ja	77 %	60 %	0 %	18 %	***
	Nein	23 %	40 %	100 %	82 %	
Künstliche Besamung durch	Betriebspersonal	0 %	0 %	0 %	73 %	***
	Besamungs- techniker	15 %	0 %	0 %	9 %	
	Tierarzt	54 %	40 %	100 %	18 %	
	Kombination mit Bullen	31 %	60 %	0 %	0 %	
Trockenstellen	Antibiotisch ja	69 %	40 %	100 %	100 %	*
	Antibiotisch nein	31 %	60 %	0 %	0 %	
	Homöopathisch ja	23 %	60 %	0 %	0 %	*
	Homöopathisch nein	77 %	40 %	100 %	100 %	
Alter des Herdenmanagers	Mittelwert (in Jahren)	54,6	51,8	62,0	37,0	*
	Spanne (in Jahren)	42 - 65	26 - 77	-	24 - 55	
Landwirtschaft- liche Erfahrung	Mittelwert (in Jahren)	35,0	37,2	50,0	19,9	*
	Spanne (in Jahren)	20 - 53	6 - 65	-	6,5 - 35	

<sup>a</sup> Sig. = Signifikanz, <sup>b</sup> n.s. = nicht signifikant, <sup>c</sup> Gesellschaft bürgerlichen Rechts, <sup>d</sup> Gesellschaft mit beschränkter Haftung; signifikant mit  $p < 0,05$ : \*,  $p < 0,01$ : \*\*,  $p < 0,001$ : \*\*\*

### 4.1.2 Vergleich der gebildeten Betriebstypen

Mithilfe der durchgeführten Clusteranalysen wurden die charakterisierten Betriebe hinsichtlich sozio-ökologischer Kriterien in vier BT eingeteilt. Zur Überprüfung, inwieweit sich die Leistung der Tiere innerhalb der identifizierten BT unterscheidet, werden die in Kapitel 3.5 beschriebenen gemischten linearen Modelle (R1, R3 und R4) ohne additiv-genetischen Tierereffekt angewendet. Anhand der Least Square Means (LSmeans) für die Produktions- und Fruchtbarkeitsmerkmale sowie Gesundheitsindikatoren (Tabelle 18) lässt sich ein deutlich differenzierter Einfluss innerhalb der jeweiligen BT erkennen. Der Vergleich der einzelnen Merkmale (Mkg, Pkg, Fkg, PPr, FPr, SCS, FEQ) ergibt überwiegend signifikante ( $p < 0,05$ ) Unterschiede zwischen den gebildeten BT.

Hinsichtlich der Milchleistung unterscheiden sich die BT signifikant voneinander. So weist BT3 mit 28,34 kg die höchste Milchleistung auf, gefolgt von BT3 mit 26,69 kg. BT1 hat mit 21,39 kg ein mittleres Produktionsniveau und BT2 hat mit 15,65 kg die geringste Milchleistung. Ähnlich verhält es sich für die Protein- und Fettmenge. Entsprechend produzieren die BT3 und BT4 mit 1,03 kg und 0,93 kg Protein bzw. 1,16 kg und 1,08 kg Fett signifikant mehr Protein und Fett als die BT1 (0,75 kg bzw. 0,89 kg) sowie BT2 (0,56 kg bzw. 0,66 kg). Auch haben die Tiere des BT3 den höchsten Proteingehalt mit 3,71 %, wohingegen der Proteingehalt von BT4 mit 3,54 % auf einem ähnlichen Niveau wie in BT1 (3,53 %) und BT2 (3,58 %) liegt. Bzgl. des Fettgehaltes haben BT1 und BT2 mit jeweils 4,28 % den höchsten Gehalt.

BT2 weist bzgl. des genutzten Gesundheitsindikators SCS den signifikant höchsten Wert (3,48) auf. Die Tiere in BT1 haben mit 3,09 den zweithöchsten SCS-Wert, welcher im Vergleich zu BT3 (2,90) und BT4 (2,90) signifikant höher ist. Auch bezogen auf den Gesundheitsindikator FEQ zeigen die kleineren Betriebe in BT1 und BT2 höhere Werte (1,22 bzw. 1,20) als die in den beiden anderen. Mit einem FEQ-Wert von 1,13 haben die Tiere in BT3 den geringsten Wert.

Die untersuchten Fruchtbarkeitsmerkmale zeigen ein weniger eindeutiges Bild. So haben BT2 und BT3, bezogen auf die Herdenstruktur der kleinste und größte BT, eine vergleichbare RAST von 99,8 Tagen und 92,8 Tagen, wohingegen BT1 (88,2 Tage) und BT4 (87,7 Tage) signifikant kürzere Rastzeiten aufweisen. Hinsichtlich des Erstbesamungserfolges zeichnen sich vor allem BT1 und BT2 durch hohe Erfolgsquoten (0,72 bzw. 0,75) aus. BT3, als größter DSN-Betrieb, hat mit 0,64 einen mäßig guten Erstbesamungserfolg. BT4, als spezialisiertes HF-Cluster, zeichnet sich in diesem Datensatz mit dem geringsten Besamungserfolg der ersten Besamung aus.

#### 4. Ergebnisse

Tabelle 18: Least Square Means und Standardfehler von Produktions- und Fruchtbarkeitsmerkmalen sowie Gesundheitsindikatoren der ersten drei Laktationen für die vier Betriebstypen unter Verwendung der Clusterung von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clusterung (CoVAHC).

<b>Merkmal</b>	<b>Betriebs- typ 1 (n = 13)</b>	<b>Betriebs- typ 2 (n = 5)</b>	<b>Betriebs- typ 3 (n = 1)</b>	<b>Betriebs- typ 4 (n = 11)</b>
<i><u>Produktionsmerkmale:</u></i>				
Milchmenge (Mkg)	21,39 ± 0,12 <sup>b</sup>	15,65 ± 0,47 <sup>a</sup>	28,34 ± 0,14 <sup>d</sup>	26,69 ± 0,10 <sup>c</sup>
Proteinmenge (Pkg)	0,75 ± 0,00 <sup>b</sup>	0,56 ± 0,02 <sup>a</sup>	1,03 ± 0,00 <sup>d</sup>	0,93 ± 0,00 <sup>c</sup>
Proteingehalt (PPr)	3,53 ± 0,00 <sup>a</sup>	3,58 ± 0,02 <sup>b</sup>	3,71 ± 0,01 <sup>c</sup>	3,54 ± 0,00 <sup>ab</sup>
Fettmenge (Fkg)	0,89 ± 0,00 <sup>b</sup>	0,66 ± 0,02 <sup>a</sup>	1,16 ± 0,01 <sup>d</sup>	1,08 ± 0,00 <sup>c</sup>
Fettgehalt (FPr)	4,28 ± 0,01 <sup>b</sup>	4,28 ± 0,04 <sup>b</sup>	4,17 ± 0,01 <sup>a</sup>	4,17 ± 0,01 <sup>a</sup>
<i><u>Fruchtbarkeitsmerkmale:</u></i>				
Rastzeit (RAST)	88,21 ± 1,90 <sup>a</sup>	99,78 ± 3,05 <sup>b</sup>	92,55 ± 2,03 <sup>b</sup>	87,73 ± 1,86 <sup>a</sup>
Erstbesamungserfolg (EBE)	0,72 ± 0,02 <sup>c</sup>	0,75 ± 0,03 <sup>c</sup>	0,64 ± 0,03 <sup>b</sup>	0,59 ± 0,02 <sup>a</sup>
<i><u>Gesundheitsindikatoren:</u></i>				
Somatic-Cell-Score (SCS)	3,09 ± 0,02 <sup>b</sup>	3,48 ± 0,09 <sup>c</sup>	2,90 ± 0,03 <sup>a</sup>	2,90 ± 0,02 <sup>a</sup>
Fett-Eiweiß-Quotient (FEQ)	1,22 ± 0,00 <sup>c</sup>	1,20 ± 0,01 <sup>c</sup>	1,13 ± 0,00 <sup>a</sup>	1,18 ± 0,00 <sup>b</sup>

Vor dem Hintergrund der klimaschädlichen Wirkung des von Wiederkäuern emittierten Methans wurden im Rahmen des Projekts auch zeit- und arbeitsaufwendige individuelle Messungen von Methan durchgeführt. Ziele der Messung sind zum einen, zielgerichtete Aussagen zum Methanausstoß treffen zu können und zum anderen, Aspekte der Ressourceneffizienz durch die Betriebsgruppierung zu bewerten sowie mögliche Optimierungen der zeitintensiven Messungen abzuleiten.

Die Methanmessungen wurden auf drei Betrieben durchgeführt, wobei die Betriebe 1 und 21 nachfolgend im BT1 gruppiert werden und somit kleinere DSN-Familienbetriebe mit geringerer Milchleistung (Mittelwert der beiden Betriebe: 14,9 kg, LSmeans des BT2: 15,7 kg), geringem Kraftfuttereinsatz (1,3 kg), Weidegang und einer einfach gestalteten Grundfütteration repräsentieren. Im Gegensatz dazu spiegelt Betrieb 2 (= BT3) die spezialisierten Betriebe (Rasse DSN) mit hoher Milchleistung (28,3 kg), hohem Kraftfuttereinsatz (8,5 kg), ohne Weidegang und mit einer dem Energiebedarf angepassten Ration wider. Die erfassten Methanemissionen (Tabelle 19) zeigen signifikante Unterschiede zwischen den BT (Modell R9; ohne additiv-genetischen Tiereffekt). Die Berechnung der LSmeans nach Betrieben (Anhang Tabelle 3) kam zu einem nahezu identischen Ergebnis: Betrieb 1 und

Betrieb 21 unterschieden sich nicht signifikant, wohingegen der Unterschied jeweils zum Betrieb 2 (= BT3) signifikant war.

Tabelle 19: Least Square Means und Standardfehler der Methanmerkmale für zwei Betriebstypen unter Verwendung der Clustering von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clustering (CoVAHC).

<b>Merkmal</b>	<b>Einheit</b>	<b>Betriebstyp 1 (Betrieb 1 + 21)</b>		<b>Betriebstyp 3 (Betrieb 2)</b>	
<i>Respiration:</i>					
Mittelwert	ppm*m	102,22 ±	4,5 <sup>b</sup>	62,10 ±	2,4 <sup>a</sup>
Maximum	ppm*m	193,97 ±	3,8 <sup>b</sup>	178,00 ±	2,0 <sup>a</sup>
Summe/min	ppm*m	110.489,05 ±	4.420,2 <sup>b</sup>	89.924,39 ±	2.402,7 <sup>a</sup>
<i>Eruktion:</i>					
Mittelwert	ppm*m	307,40 ±	19,9 <sup>b</sup>	250,57 ±	10,8 <sup>a</sup>
Maximum	ppm*m	558,10 ±	57,9 <sup>b</sup>	363,44 ±	31,5 <sup>a</sup>
Summe/min	ppm*m	106.686,94 ±	11.202,0 <sup>b</sup>	31.353,12 ±	6.089,3 <sup>a</sup>
Gesamtmittelwert	ppm*m	153,19 ±	8,9 <sup>b</sup>	76,81 ±	4,9 <sup>a</sup>

Signifikante Unterschiede ( $p < 0,05$ ) der Least Square Means sind durch unterschiedliche Buchstaben gekennzeichnet, wobei „a“ den niedrigsten Wert identifiziert.

#### 4.1.3 Vergleich unterschiedlicher genetisch-statistischer Modelle

Vor den eigentlichen genetisch-statistischen Analysen werden verschiedene Variationen bzgl. der Berücksichtigung der Rassen sowie der ZGG durchgeführt. Zum Vergleich werden die beiden Merkmale Mkg und SCS beispielhaft ausgewählt.

##### Vergleich der Berechnungen unter Verwendung eines Datensatzes bzw. zweier rassespezifischer Datensätze

Die genetisch-statistischen Berechnungen werden sowohl für die Rassen DSN und HF getrennt (je Rasse ein Datensatz) als auch gemeinsam (ein Datensatz für beide Rassen) durchgeführt. Anhand der in Abbildung 10 visualisierten Sicherheiten der geschätzten Zuchtwerte und der Ratio-Werte (Verhältnis Restvarianz zur Gesamtvarianz, kleine Werte werden präferiert), zeigt sich eine deutliche Überlegenheit bei der Verwendung eines gemeinsamen Datensatzes mit Sicherheiten von  $R^2 = 0,22$  (Mkg, Modell R2 mit Testmonat) bzw.  $R^2 = 0,15$  (SCS, Modell R2 mit Testmonat). Die Sicherheiten bei der Verwendung des gemeinsamen Datensatzes (DSN + HF) sind ca. 2,5 bis 3-fach höher, verglichen mit dem separaten Datensatz für DSN bzw. ca. 1,5-fach höher als beim HF-Datensatz sowohl bei der Verwendung des Testtags (Modell R1) als auch des Testmonats (Modell R2).

Ebenfalls lässt sich erkennen, dass der Ratio-Wert bei der Verwendung des rasseübergreifenden Datensatzes eine tendenziell höhere Anpassungsgüte der Modellierung angibt. Zwar zeigt sich

#### 4. Ergebnisse

z.B. für das Merkmal Mkg und unter Verwendung des Betriebes (Modell R1 und R2) der niedrigste Ratio-Wert für den DSN-Datensatz, dem gegenüber stehen jedoch die höheren Sicherheiten, welche mit dem gemeinsamen Datensatz erzeugt werden. Zum anderen ergeben sich durch die Verwendung des BT im Gesamtdatensatz gegenüber den getrennten Datensätzen mit Betriebseffekt (Modell R1 und R2) deutlich niedrigere Ratio-Werte. Grundsätzlich lässt sich bereits hier eine prinzipielle Überlegenheit bei der Nutzung des BT gegenüber der klassischen Modellierung (Modell R1 und R2) erkennen.

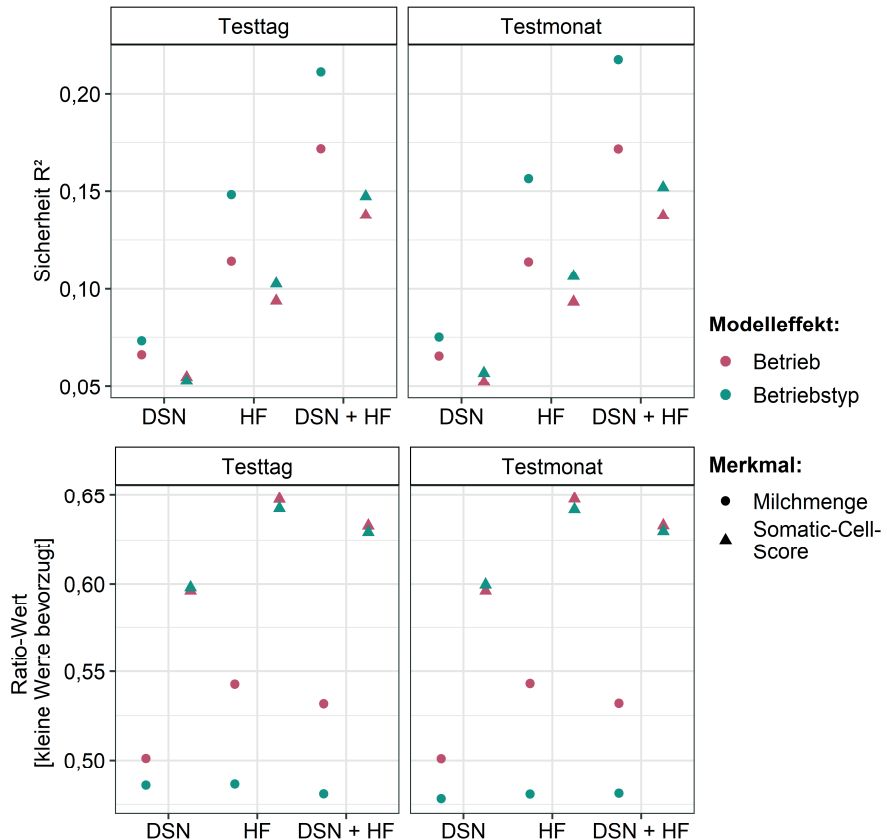


Abbildung 10: Vergleich der Berechnungen getrennt nach Rassen (Deutsches Schwarzbuntes Niederungsgrind (DSN):  $n = 71.831$ , Holstein Friesian (HF):  $n = 116.225$ ) bzw. der gemeinsamen Berücksichtigung beider Rassen (DSN + HF:  $n = 188.056$ ) im Modell anhand der Sicherheit ( $R^2$ , oben) und des Ratio-Wertes (unten) differenziert nach dem Modelleffekt Betrieb (rot) bzw. Betriebstyp (grün) sowohl für das Merkmal Milchmenge (Punkt) als auch den Somatic-Cell-Score (Dreieck) jeweils für die mit dem Betrieb kombinierten Effekte Testtag (links) und Testmonat (rechts).

##### Vergleich der Berechnungen unter Anwendung differenzierter Berücksichtigung der Zeitfahrertengruppen

Die Berücksichtigung der Zeitfahrer in Form der Kombination aus Betrieb bzw. BT mit dem Testtag bzw. Testmonat wird sowohl jeweils als Einzeleffekt, als genesteter Effekt (Betrieb im BT) als auch mit beiden Effekten (Betrieb + BT + Testtag bzw. Testmonat) innerhalb eines Modells (basierend auf den Modellen R1 und R2) überprüft. Abbildung 11 visualisiert die Sicherheiten der geschätzten Zuchtwert sowie die Ratio-Werte der Modellierungen. Basierend auf den Sicherheiten zeigt sich ein deutlicher Vorteil durch die Berücksichtigung des BT als Einzeleffekt im Modell, mit  $R^2 = 0,21$  (Mkg) bzw.  $R^2 = 0,15$  (SCS). Die Sicherheiten bei der Verwendung des Betriebes als Einzeleffekt, der genesteten Variante sowie der gemeinsamen Verwendung von Betrieb und BT in einem Modell liegen auf einem ähnlichen Niveau sowohl unter Verwendung des Testtages als auch des Testmonates, mit ca.  $R^2 = 0,17$  (Mkg) bzw.  $R^2 = 0,14$  (SCS).

Analog ist der Ratio-Wert für Mkg unter Gebrauch des BT als Einzeleffekt sowohl bei Verwendung des Testtages (Ratio = 0,48) als auch des Testmonats (Ratio = 0,48) am geringsten. Zwar ist der Ratio-Wert für SCS mit BT als Einzeleffekt (Ratio = 0,629 (Testtag), Ratio = 0,629 (Testmonat)) am geringsten, allerdings ist der Unterschied zur restlichen Modellierung weniger prägnant (zweitniedrigster Ratio-Wert = 0,633 für Einzeleffekte Betrieb + Testtag bzw. Ratio = 0,634 Einzeleffekte für Betrieb + Testmonat).

Grundsätzlich überwiegt auch hier die höhere Sicherheit der geschätzten Merkmale für die weiteren Anwendungen. Damit ein Vergleich der klassischen Modellierung mit Betrieb als Effekt und dem neukonzipierten BT-Effekt möglich ist, werden alle Rechnungen mit den Einzeleffekten Betrieb und BT durchgeführt.

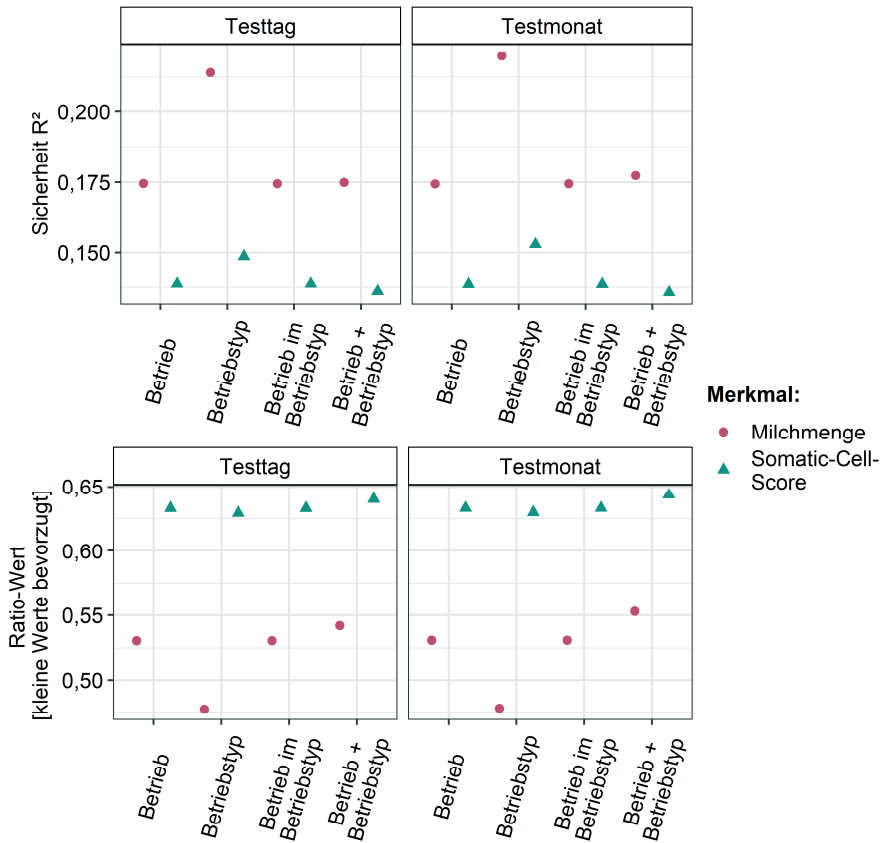


Abbildung 11: Vergleich der Berechnungen unter Berücksichtigung der Einzeleffekte „Betrieb“ bzw. „Betriebstyp“, der Nutzung des Effektes „Betrieb genestet im Betriebstyp“ sowie der gemeinsamen Verwendung von Betrieb und Betriebstyp im selben Modell anhand der Sicherheit ( $R^2$ , oben) und des Ratio-Wertes (unten), sowohl für das Merkmal Milchmenge (roter Punkt) als auch den Somatic-Cell-Score (grünes Dreieck) jeweils für die mit Betrieb kombinierten Effekte Testtag (links) und Testmonat (rechts).

Entsprechend der Vergleiche basieren die nachfolgenden Ergebnisse auf der Verwendung beider Rassen in einem Datensatz und der Berücksichtigung eines Rasseeffektes innerhalb der jeweiligen Modellierung sowie der getrennten Berücksichtigung von Betrieb und BT zur Bildung der ZGG.

#### 4.1.4 Varianzkomponentenschätzung und Heritabilitäten

Basierend auf den in Kapitel 3.5 beschriebenen Modellen werden unter Berücksichtigung der divergierenden ZGG (Betrieb bzw. BT in Kombination mit dem Testtag bzw. dem Testmonat; Modell R1 und R2) die in Tabelle 20 dargestellten Varianzkomponenten und Heritabilitäten geschätzt.

Durch die Kombination mit dem BT ist grundsätzlich eine Erhöhung der Heritabilitäten gegenüber der klassischen Betriebskombination festzustellen, wobei je nach Merkmal unterschiedlich starke Auswirkungen zu verzeichnen sind. Insbesondere die mengenmäßigen Angaben - Mkg, Pkg und Fkg - verzeichnen deutliche Zuwächse von  $\Delta h^2 = 0,14$ ,  $\Delta h^2 = 0,16$  bzw.  $\Delta h^2 = 0,08$  in Kombination mit dem Testtag und von  $\Delta h^2 = 0,15$ ,  $\Delta h^2 = 0,17$  bzw.  $\Delta h^2 = 0,10$  in Kombination mit dem Testmonat. Hinsichtlich des prozentualen Protein- bzw. Fettgehaltes sowie für die Gesundheitsindikatoren ist der Anstieg der Heritabilität durch die Verwendung der BT weniger ausgeprägt. So generiert die Kombination aus BT und Testtag einen Zuwachs der Heritabilität von  $\Delta h^2 = 0,04$  (PPr),  $\Delta h^2 = 0,02$  (FPr),  $\Delta h^2 = 0,03$  (FEQ) und  $\Delta h^2 = 0,02$  (SCS) und die Kombination aus BT und Testmonat einen Anstieg der Erblichkeit von  $\Delta h^2 = 0,03$  (PPr),  $\Delta h^2 = 0,02$  (FPr),  $\Delta h^2 = 0,04$  (FEQ) und  $\Delta h^2 = 0,02$  (SCS).

Anhand des Ratio-Wertes, welcher zur Evaluation der Anpassungsgüte verwendet wird, zeigt sich, dass durch die Verwendung der BT-Modellierung überwiegend ein kleinerer Ratio-Wert erzielt und somit eine höhere Anpassungsgüte gegenüber der Betriebsvarianten erreicht wird. Die Modellierung für das Merkmal Mkg bspw. generiert aus dem Testtag (analog beim Testmonat) und dem Betrieb einen Ratio-Wert von 0,53, wohingegen die Kombination mit BT nur bei 0,48 liegt. Entsprechend ähnliche Verhältnisse erzielen die Modellierungen für die Merkmale Pkg und Fkg. Lediglich bei PPr und der Berücksichtigung des Testmonats hat die Betriebsvariante (Ratio = 0,53) gegenüber dem BT (Ratio = 0,54) eine geringfügig bessere Anpassungsgüte. Bei den Merkmalen FEQ und SCS sind die Ratio-Werte sowohl in der Kombination Testtag und Betrieb bzw. BT als auch in der Kombination Testmonat und Betrieb bzw. BT jeweils nahezu identisch.

Auffällig ist vor allem der große Zuwachse der additiv-genetischen Varianz ( $\sigma_a^2$ ) durch die Verwendung des BT. So kommt es bei den Merkmalen Mkg, Pkg und Fkg fast zu einer Verdopplung dieser. Bei den übrigen Merkmalen kommt es grundsätzlich auch zu einer Erhöhung der additiv-genetischen Varianz, jedoch in einem geringeren Ausmaß. Die Restvarianzen ( $\sigma_e^2$ ) sowie die permanenten Umweltvarianzen ( $\sigma_{pU}^2$ ) bleiben bei fast allen Merkmalen annähernd gleich. Mit Ausnahme der Merkmale Mkg und SCS reduziert sich die permanente Umweltvarianz unter Verwendung des Testtages von  $\sigma_{pU}^2 = 9,15$  auf  $\sigma_{pU}^2 = 6,56$

#### 4. Ergebnisse

(Mkg) bzw.  $\sigma_{pU}^2 = 0,63$  auf  $\sigma_{pU}^2 = 0,60$  (SCS) und unter Nutzung des Testmonats von  $\sigma_{pU}^2 = 9,16$  auf  $\sigma_{pU}^2 = 6,06$  (Mkg) bzw.  $\sigma_{pU}^2 = 0,63$  auf  $\sigma_{pU}^2 = 0,59$  (SCS).

Tabelle 20: Varianzkomponenten ( $\sigma_a^2$  = additiv-genetische Varianz,  $\sigma_{pU}^2$  = permanente Umweltvarianz,  $\sigma_e^2$  = Restvarianz), Verhältnis Restvarianz zur Gesamtvarianz (Ratio), Heritabilität ( $h^2$ ) sowie die Wiederholbarkeit (W) für Produktionsmerkmale und Gesundheitsindikatoren stratifiziert nach der Modellierung der Zeitgefährtengruppe als Kombination aus Betrieb oder Betriebstyp mit dem Testtag bzw. dem Testmonat (zugehörige Standardfehler in Klammern).

Merkmal	Genetische Parameter	Testtag		Testmonat	
		Betrieb	Betriebstyp	Betrieb	Betriebstyp
<i>Produktionsmerkmal:</i>					
Milchmenge (Mkg)	$\sigma_a^2$	9,96 (0,57)	17,22 (0,70)	9,94 (0,57)	19,00 (0,73)
	$\sigma_{pU}^2$	9,15 (0,39)	6,56 (0,41)	9,16 (0,39)	6,06 (0,42)
	$\sigma_e^2$	21,72 (0,08)	22,03 (0,08)	21,74 (0,08)	23,25 (0,08)
	Ratio	0,53	0,48	0,53	0,48
	$h^2$	0,24 (0,01)	0,38 (0,01)	0,24 (0,01)	0,39 (0,01)
	W	0,47 (0,00)	0,52 (0,00)	0,47 (0,00)	0,52 (0,00)
Proteinmenge (Pkg)	$\sigma_a^2$	0,01 (0,00)	0,02 (0,00)	0,01 (0,00)	0,02 (0,00)
	$\sigma_{pU}^2$	0,01 (0,00)	0,01 (0,00)	0,01 (0,00)	0,01 (0,00)
	$\sigma_e^2$	0,02 (0,00)	0,02 (0,00)	0,02 (0,00)	0,02 (0,00)
	Ratio	0,55	0,48	0,55	0,49
	$h^2$	0,23 (0,01)	0,39 (0,01)	0,23 (0,01)	0,40 (0,01)
	W	0,45 (0,00)	0,52 (0,00)	0,45 (0,00)	0,51 (0,00)
Proteingehalt (PPr)	$\sigma_a^2$	0,03 (0,00)	0,03 (0,00)	0,03 (0,00)	0,04 (0,00)
	$\sigma_{pU}^2$	0,01 (0,00)	0,01 (0,00)	0,01 (0,00)	0,01 (0,00)
	$\sigma_e^2$	0,04 (0,00)	0,05 (0,00)	0,04 (0,00)	0,05 (0,00)
	Ratio	0,53	0,52	0,53	0,54
	$h^2$	0,36 (0,01)	0,40 (0,01)	0,36 (0,01)	0,39 (0,01)
	W	0,47 (0,00)	0,48 (0,00)	0,47 (0,00)	0,46 (0,00)
Fettmenge (Fkg)	$\sigma_a^2$	0,01 (0,00)	0,02 (0,00)	0,01 (0,00)	0,02 (0,00)
	$\sigma_{pU}^2$	0,01 (0,00)	0,01 (0,00)	0,01 (0,00)	0,01 (0,00)
	$\sigma_e^2$	0,04 (0,00)	0,04 (0,00)	0,04 (0,00)	0,04 (0,00)
	Ratio	0,62	0,58	0,62	0,58
	$h^2$	0,22 (0,01)	0,30 (0,01)	0,22 (0,01)	0,32 (0,01)
	W	0,38 (0,00)	0,42 (0,00)	0,38 (0,00)	0,42 (0,00)
Fettgehalt (FPr)	$\sigma_a^2$	0,13 (0,01)	0,14 (0,01)	0,13 (0,01)	0,15 (0,01)
	$\sigma_{pU}^2$	0,04 (0,00)	0,04 (0,00)	0,04 (0,00)	0,03 (0,00)
	$\sigma_e^2$	0,24 (0,00)	0,25 (0,00)	0,24 (0,00)	0,26 (0,00)
	Ratio	0,59	0,58	0,59	0,59
	$h^2$	0,31 (0,01)	0,33 (0,01)	0,31 (0,01)	0,33 (0,01)
	W	0,41 (0,00)	0,42 (0,00)	0,41 (0,00)	0,41 (0,00)

#### 4. Ergebnisse

Tabelle 20 (Fortsetzung): Varianzkomponenten ( $\sigma_a^2$  = additiv-genetische Varianz,  $\sigma_{pU}^2$  = permanente Umweltvarianz,  $\sigma_e^2$  = Restvarianz), Verhältnis Restvarianz zur Gesamtvarianz (Ratio), Heritabilität ( $h^2$ ) sowie die Wiederholbarkeit (W) für Produktionsmerkmale und Gesundheitsindikatoren stratifiziert nach der Modellierung der Zeitgefährtennguppe als Kombination aus Betrieb oder Betriebstyp mit dem Testtag bzw. dem Testmonat (zugehörige Standardfehler in Klammern).

Merkmal	Genetische Parameter	Testtag		Testmonat	
		Betrieb	Betriebstyp	Betrieb	Betriebstyp
<i>Gesundheitsindikatoren:</i>					
Fett-Eiweiß-Quotient (FEQ)	$\sigma_a^2$	0,01 (0,00)	0,01 (0,00)	0,01 (0,00)	0,01 (0,00)
	$\sigma_{pU}^2$	0,00 (0,00)	0,00 (0,00)	0,00 (0,00)	0,00 (0,00)
	$\sigma_e^2$	0,02 (0,00)	0,02 (0,00)	0,02 (0,00)	0,02 (0,00)
	Ratio	0,69	0,68	0,69	0,69
	$h^2$	0,22 (0,01)	0,25 (0,01)	0,22 (0,01)	0,26 (0,01)
	W	0,31 (0,00)	0,32 (0,00)	0,31 (0,00)	0,31 (0,00)
Somatic-Cell-Sore (SCS)	$\sigma_a^2$	0,35 (0,03)	0,39 (0,03)	0,35 (0,03)	0,42 (0,03)
	$\sigma_{pU}^2$	0,63 (0,02)	0,60 (0,02)	0,63 (0,02)	0,59 (0,02)
	$\sigma_e^2$	1,68 (0,01)	1,69 (0,01)	1,68 (0,01)	1,72 (0,01)
	Ratio	0,63	0,63	0,63	0,63
	$h^2$	0,13 (0,01)	0,15 (0,01)	0,13 (0,01)	0,15 (0,01)
	W	0,37 (0,00)	0,37 (0,00)	0,37 (0,00)	0,37 (0,00)

Die Heritabilitäten und Varianzkomponenten der Fruchtbarkeitsmerkmale (Modell R3 - RAST, Modell R4 - EBE) sind in Tabelle 21 dargestellt. Die Modellierungen innerhalb der Merkmale unterschieden sich hierbei durch die Berücksichtigung des Betriebes bzw. des BT.

Generell lässt sich auch hier eine erhöhte Heritabilität durch die Berücksichtigung des BT erkennen. So generiert die Modellierung mit dem Betrieb Erblichkeiten von  $h^2 = 0,03$  (EBE) und  $h^2 = 0,10$  (RAST), wohingegen die Heritabilitäten unter Verwendung des BT bei  $h^2 = 0,04$  (EBE) und  $h^2 = 0,15$  (RAST) liegen.

Ebenfalls zeigt sich eine höhere Anpassungsgüte der Modellierung durch die Inklusion des BT anstelle des Betriebes, mit Ratio-Werten für die BT-Variante von 0,90 (EBE) bzw. 0,74 (RAST) gegenüber 0,93 (EBE) bzw. 0,82 (RAST).

Bezüglich der Varianzkomponenten zeigt sich analog zu den Produktionsmerkmalen und Gesundheitsindikatoren, ein Anstieg der additiv-genetischen Varianzen bei der Verwendung des BT, für EBE von  $\sigma_a^2 = 0,09$  (Betrieb) auf  $\sigma_a^2 = 0,13$  (BT) und für RAST von  $\sigma_a^2 = 122,13$  (Betrieb) auf  $\sigma_a^2 = 185,06$  (BT). Die Restvarianz ( $\sigma_e^2$ ) für den EBE ist für die Betrieb- bzw. BT-Variante fast identisch, wohingegen es bei RAST eine Abnahme der Restvarianz ( $\sigma_e^2$ ) durch die Berücksichtigung des BT von  $\sigma_e^2 = 959,38$  (Betrieb) auf  $\sigma_e^2 = 945,91$  (BT) gibt. Hinsichtlich der permanenten Umweltvarianz ( $\sigma_{pU}^2$ ) gibt es, anders als

#### 4. Ergebnisse

bei z.B. Mkg, eine Zunahme. Durch die Verwendung des BT erhöht sich die permanente Umweltvarianz ( $\sigma_{pU}^2$ ) für EBE von  $\sigma_{pU}^2 = 0,16$  auf  $\sigma_{pU}^2 = 0,24$  und für RAST von  $\sigma_{pU}^2 = 91,91$  auf  $\sigma_{pU}^2 = 138,76$ .

Tabelle 21: Varianzkomponenten ( $\sigma_a^2$  = additiv-genetische Varianz,  $\sigma_{pU}^2$  = permanente Umweltvarianz,  $\sigma_e^2$  = Restvarianz), Verhältnis Restvarianz zur Gesamtvarianz (Ratio), Heritabilität ( $h^2$ ) sowie die Wiederholbarkeit (W) für Fruchtbarkeitsmerkmale stratifiziert nach der Modellierung mit Betrieb bzw. Betriebstyp (zugehörige Standardfehler in Klammern).

Merkmal	Genetische Parameter	Betrieb	Betriebstyp
<u>Fruchtbarkeitsmerkmale:</u>			
Erstbesamungserfolg (EBE)	$\sigma_a^2$	0,09 ( 0,02)	0,13 ( 0,03)
	$\sigma_{pU}^2$	0,16 ( 0,02)	0,24 ( 0,03)
	$\sigma_e^2$	3,29 ( 0,00)	3,29 ( 0,00)
	Ratio	0,93	0,90
	$h^2$	0,03 ( 0,01)	0,04 ( 0,01)
	W	0,07 ( 0,01)	0,10 ( 0,01)
Rastzeit (RAST)	$\sigma_a^2$	122,13 (10,41)	185,06 (12,11)
	$\sigma_{pU}^2$	91,91 ( 8,77)	138,76 (11,74)
	$\sigma_e^2$	959,38 (11,88)	945,91 (11,92)
	Ratio	0,82	0,74
	$h^2$	0,10 ( 0,01)	0,15 ( 0,01)
	W	0,18 ( 0,01)	0,26 ( 0,01)

Die Resultate der Modellierung (Modell R5, R6, R7 und R8) für die funktionalen Merkmale - BSC, Sauberkeit-Euter und Lahmheit (restliche Merkmale im Anhang Tabelle 4) - sind in Tabelle 22 aufgeführt, hierbei werden ebenfalls verschiedene ZGG (Testtag bzw. Testmonat + Betrieb bzw. BT) als auch unterschiedliche Modelltypen (lineares Modell - R5 und R6 vs. Schwellenwert-Modell - R7 und R8) gegenübergestellt.

Hinsichtlich der Erblichkeiten der einzelnen Merkmale zeigen sich grundsätzlich höhere Heritabilitäten in den linearen Modellierungen (Modell R5 und R6) gegenüber den Schwellenwert-Modellen (Modell R7 und R8), z.B. liegen diese für das Merkmal Sauberkeit-Euter und die Modellvariante Testmonat + BT bei  $h^2 = 0,16$  (Modell R6) vs.  $h^2 = 0,08$  (Modell R8). Auch ist überwiegend eine höhere Anpassungsgüte (kleinerer Ratio-Wert) der linearen Modelle zu verzeichnen, z.B. beim Merkmal Lahmheit und Modell mit Testmonat + BT: Ratio = 0,66 (Modell R6; lineares Modell) vs. Ratio = 0,93 (Modell R8; Schwellenwert-Modell). Insgesamt lassen sich auch höhere Erblichkeiten bei der Berücksichtigung der BT erkennen, so hat die Lahmheit im linearen Modell (Modell R5) bei der ZGG aus Testtag + Betrieb eine Heritabilität von  $h^2 = 0,19$  und in Kombination mit dem BT eine Erblichkeit von

#### 4. Ergebnisse

$h^2 = 0,22$ . Auch im Schwellenwert-Modell (Modell R8) für das Merkmal Sauberkeit-Euter in der ZGG-Variante Testmonat + Betrieb ist die Erblichkeit niedriger mit  $h^2 = 0,01$  als für die Kombination Testmonat + BT mit  $h^2 = 0,08$ . Einzige Ausnahme ist der BCS, hierbei generiert die Betriebsvariante eine höhere Heritabilität gegenüber dem BT-Effekt (Modell R5 - lineares Modell: Betrieb + Testtag:  $h^2 = 0,09$ ; BT + Testtag:  $h^2 = 0,08$ ; Modell R6 - Betrieb + Testmonat:  $h^2 = 0,09$ ; BT + Testmonat:  $h^2 = 0,04$ ; Modell R7 - Schwellenwert-Modell: Betrieb + Testtag:  $h^2 = 0,07$ ; BT + Testtag:  $h^2 = 0,07$ ; Modell R8 - Betrieb + Testmonat:  $h^2 = 0,07$ ; BT + Testmonat:  $h^2 = 0,05$ ).

Bezüglich der additiv-genetischen Varianz ( $\sigma_a^2$ ) zeichnet sich überwiegend eine Zunahme dieser durch die Verwendung des BT gegenüber des Betriebes ab, in der linearen Modellierung sowie den Schwellenwert-Modellen.

Tabelle 22: Varianzkomponenten ( $\sigma_a^2$  = additiv-genetische Varianz,  $\sigma_e^2$  = Restvarianz), Verhältnis Restvarianz zur Gesamtvarianz (Ratio), Heritabilität ( $h^2$ ) für ausgewählte funktionale Merkmale (Body-Condition-Score, Sauberkeit und Lahmheit) stratifiziert nach der Modellierung der Zeitgefährtengruppe als Kombination aus Betrieb oder Betriebstyp mit dem Testtag bzw. dem Testmonat sowohl als lineares Modell als auch als Schwellenwert-Modell (zugehörige Standardfehler in Klammern).

Merkmal	Genetische Parameter	Testtag		Testmonat	
		Betrieb	Betriebstyp	Betrieb	Betriebstyp
<i>Funktionale Merkmale (linear):</i>					
Body-Condition-Score (BCS)	$\sigma_a^2$	0,01 (0,01)	0,01 (0,01)	0,01 (0,01)	0,00 (0,01)
	$\sigma_e^2$	0,10 (0,01)	0,10 (0,01)	0,10 (0,01)	0,10 (0,01)
	Ratio	0,91	0,92	0,91	0,96
	$h^2$	0,09 (0,06)	0,08 (0,06)	0,09 (0,06)	0,04 (0,05)
Sauberkeit-Euter	$\sigma_a^2$	0,00 (0,02)	0,02 (0,02)	0,00 (0,02)	0,08 (0,03)
	$\sigma_e^2$	0,48 (0,02)	0,46 (0,03)	0,48 (0,02)	0,44 (0,03)
	Ratio	1,00	0,95	1,00	0,84
	$h^2$	0,00 (0,04)	0,05 (0,05)	0,00 (0,04)	0,16 (0,06)
Lahmheit	$\sigma_a^2$	0,03 (0,01)	0,03 (0,01)	0,03 (0,01)	0,06 (0,01)
	$\sigma_e^2$	0,12 (0,01)	0,12 (0,01)	0,12 (0,01)	0,11 (0,01)
	Ratio	0,81	0,78	0,81	0,66
	$h^2$	0,19 (0,08)	0,22 (0,08)	0,19 (0,08)	0,34 (0,08)

Tabelle 22 (Fortsetzung): Varianzkomponenten ( $\sigma_a^2$  = additiv-genetische Varianz,  $\sigma_e^2$  = Restvarianz), Verhältnis Restvarianz zur Gesamtvarianz (Ratio), Heritabilität ( $h^2$ ) für ausgewählte funktionale Merkmale (Body-Condition-Score, Sauberkeit und Lahmheit) stratifiziert nach der Modellierung der Zeitgefährten-Gruppe als Kombination aus Betrieb oder Betriebstyp mit dem Testtag bzw. dem Testmonat sowohl als lineares Modell als auch als Schwellwert-Modell (zugehörige Standardfehler in Klammern).

Merkmal	Genetische Parameter	Testtag		Testmonat	
		Betrieb	Betriebstyp	Betrieb	Betriebstyp
<i>Funktionale Merkmale (logistisch):</i>					
Body-Condition-Score (BCS)	$\sigma_a^2$	0,26 (0,29)	0,24 (0,28)	0,26 (0,29)	0,18 (0,27)
	$\sigma_e^2$	3,29 (0,00)	3,29 (0,00)	3,29 (0,00)	3,29 (0,00)
	Ratio	0,93	0,93	0,93	0,95
	$h^2$	0,07 (0,07)	0,07 (0,08)	0,07 (0,07)	0,05 (0,07)
Sauberkeit-Euter	$\sigma_a^2$	0,03 (0,16)	0,13 (0,16)	0,03 (0,16)	0,28 (0,16)
	$\sigma_e^2$	3,29 (0,00)	3,29 (0,00)	3,29 (0,00)	3,29 (0,00)
	Ratio	0,99	0,96	0,99	0,92
	$h^2$	0,01 (0,05)	0,04 (0,05)	0,01 (0,05)	0,08 (0,04)
Lahmheit	$\sigma_a^2$	0,00 (0,25)	0,00 (0,26)	0,00 (0,25)	0,25 (0,29)
	$\sigma_e^2$	3,29 (0,00)	3,29 (0,00)	3,29 (0,00)	3,29 (0,00)
	Ratio	1,00	1,00	1,00	0,93
	$h^2$	0,00 (0,07)	0,00 (0,08)	0,00 (0,07)	0,07 (0,08)

#### 4.1.5 Vergleich der Zuchtwertschätzung zwischen konventioneller und neukonzipierter Modellierung

Ausgehend von den genetisch-statistischen Modellierungen sind in Tabelle 23 die geschätzten Zuchtwerte (ZW; als Naturalzuchtwert) und deren Sicherheiten ( $R^2$ ) für die GP sowie die Bullenpopulation (BP) dargestellt. Analog zur Varianzkomponenten- und Heritabilitätsschätzung wird bezüglich der Kombination aus Testtag bzw. Testmonat mit Betrieb bzw. BT (Modell R1 und R2) stratifiziert. Entscheidend für die Evaluation zwischen der konventionellen Modellierung mit Betrieb und der neukonzipierten BT-Variante wird die Differenz der Sicherheiten der geschätzten ZW ( $\Delta R^2$ ) verwendet, wobei die Sicherheit des BT den Minuenden widerspiegelt.

Allgemein lässt sich sagen, dass es durch die Berücksichtigung des BT sowohl bei den Produktionsmerkmalen als auch den Gesundheitsindikatoren zu einem Zuwachs der Sicherheiten kommt. Grundsätzlich sei zu erwähnen das die Erhöhung der Sicherheiten naturgemäß in der BP höher gegenüber der GP ist. Insbesondere bei den mengenmäßigen Produktionsmerkmalen (Mkg, Pkg, Fkg) können Steigerungen der Sicherheiten von  $\Delta R^2 = 3,06\%$  (GP, Fkg, Modell R1 - BT) bis  $\Delta R^2 = 9,84\%$  (BP, Fkg, Modell R2 - BT) erzielt werden. Aber auch bei PPr und FPr können Zuwächse der Sicherheiten von bis zu  $\Delta R^2 = 2,14\%$

#### 4. Ergebnisse

(BP, Modell R2 - BT) bzw.  $\Delta R^2 = 2,17\%$  (BP, Modell R2 - BT) erreicht werden. Die Steigerung der Sicherheiten für die Gesundheitsindikatoren ist zwar generell etwas geringer, nichtsdestotrotz nehmen auch hier die Sicherheiten zwischen  $\Delta R^2 = 0,97\%$  (GP, SCS, Modell R1 - BT) und  $\Delta R^2 = 3,78\%$  (BP, FEQ, Modell R2 - BT) zu.

Ebenfalls zu erwähnen sei, dass die Zunahme der Sicherheiten bei der Berücksichtigung des Testmonates gegenüber dem Testtag, im Vergleich zur Berücksichtigung des BT gegenüber dem Betrieb, eher gering ausfällt. Beispielsweise erzielt in der BP die Verwendung des Testmonates + BT (Modell R2) für das Merkmal Pkg eine Sicherheit von  $R^2 = 0,52$  und bei der Nutzung des Testtages + BT (Modell R1) eine ähnliche Sicherheit von  $R^2 = 0,51$ . Auch für das Merkmal SCS in der GP wird annähernd dieselbe Sicherheit von  $R^2 = 0,15$  bei der Verwendung des BT in Kombination mit dem Testtag (Modell R1) sowie dem Testmonat (Modell R2) ermittelt.

Tabelle 23: Mittlere Zuchtwerte (ZW, als Naturalzuchtwert) und deren Sicherheiten ( $R^2$ ) für Produktionsmerkmale und Gesundheitsindikatoren für die Gesamtpopulation sowie die Bullenpopulation stratifiziert nach der Modellierung der Zeitgefährtengruppe als Kombination aus Betrieb oder Betriebstyp (BT) mit dem Testtag bzw. dem Testmonat (zugehörige Standardfehler in Klammern). Die Differenz der Zuchtwertsicherheiten ( $\Delta R^2$ ) ergibt sich aus der Differenz zwischen Betriebs- und Betriebstypvariante.

Merkmal	Zucht- wert Para- meter	Gesamtpopulation				Bullenpopulation			
		Testtag		Testmonat		Testtag		Testmonat	
		Betrieb	BT	Betrieb	BT	Betrieb	BT	Betrieb	BT
<i>Produktionsmerkmale:</i>									
Milch- menge (Mkg)	ZW	0,37 (1,84)	-0,05 (2,83)	0,37 (1,84)	-0,15 (2,97)	2,20 (2,88)	2,23 (4,23)	2,20 (2,88)	2,19 (4,37)
	$R^2$	0,17 (0,21)	0,21 (0,27)	0,17 (0,21)	0,22 (0,27)	0,43 (0,18)	0,50 (0,19)	0,43 (0,18)	0,52 (0,19)
	$\Delta R^2$	3,91 %		4,53 %		7,18 %		8,29 %	
Protein- menge (Pkg)	ZW	0,01 (0,05)	-0,01 (0,09)	0,01 (0,05)	-0,01 (0,09)	0,06 (0,09)	0,06 (0,13)	0,06 (0,09)	0,06 (0,14)
	$R^2$	0,17 (0,21)	0,21 (0,27)	0,17 (0,21)	0,22 (0,28)	0,42 (0,18)	0,51 (0,19)	0,42 (0,18)	0,52 (0,19)
	$\Delta R^2$	4,71 %		5,38 %		8,66 %		9,84 %	
Protein- gehalt (PPr)	ZW	-0,02 (0,09)	-0,03 (0,10)	-0,02 (0,09)	-0,03 (0,10)	-0,03 (0,12)	-0,05 (0,14)	-0,03 (0,12)	-0,05 (0,14)
	$R^2$	0,21 (0,27)	0,23 (0,29)	0,21 (0,27)	0,23 (0,29)	0,51 (0,19)	0,53 (0,19)	0,51 (0,19)	0,53 (0,19)
	$\Delta R^2$	1,19 %		1,24 %		2,03 %		2,14 %	
Fett- menge (Fkg)	ZW	0,01 (0,06)	0,00 (0,09)	0,01 (0,06)	-0,01 (0,10)	0,07 (0,10)	0,07 (0,14)	0,07 (0,10)	0,07 (0,15)
	$R^2$	0,18 (0,22)	0,21 (0,26)	0,18 (0,22)	0,21 (0,27)	0,44 (0,18)	0,50 (0,19)	0,44 (0,18)	0,51 (0,19)
	$\Delta R^2$	3,06 %		3,78 %		5,66 %		6,95 %	

#### 4. Ergebnisse

Tabelle 23 (Fortsetzung): Mittlere Zuchtwerte (ZW, als Naturalzuchtwert) und deren Sicherheiten ( $R^2$ ) für Produktionsmerkmale und Gesundheitsindikatoren für die Gesamtpopulation sowie die Bullenpopulation stratifiziert nach der Modellierung der Zeitgefährten-Gruppe als Kombination aus Betrieb oder Betriebstyp (BT) mit dem Testtag bzw. dem Testmonat (zugehörige Standardfehler in Klammern). Die Differenz der Zuchtwertsicherheiten ( $\Delta R^2$ ) ergibt sich aus der Differenz zwischen Betriebs- und Betriebstypvariante.

Merkmal	Zucht- wert Para- meter	Gesamtpopulation				Bullenpopulation			
		Testtag		Testmonat		Testtag		Testmonat	
		Betrieb	BT	Betrieb	BT	Betrieb	BT	Betrieb	BT
<i>Produktionsmerkmale:</i>									
Fett- gehalt (FPr)	ZW	-0,03 (0,17)	-0,03 (0,18)	-0,03 (0,17)	-0,02 (0,18)	-0,09 (0,23)	-0,10 (0,25)	-0,09 (0,23)	-0,08 (0,26)
	$R^2$	0,21 (0,26)	0,22 (0,28)	0,21 (0,26)	0,22 (0,28)	0,50 (0,19)	0,52 (0,19)	0,50 (0,19)	0,52 (0,19)
	$\Delta R^2$	0,94 %		1,23 %		1,61 %		2,17 %	
<i>Gesundheitsindikatoren:</i>									
Fett- Eiweiß- Quotient (FEQ)	ZW	0,00 (0,03)	0,00 (0,04)	0,00 (0,03)	0,00 (0,04)	-0,01 (0,05)	-0,01 (0,06)	-0,01 (0,05)	-0,01 (0,06)
	$R^2$	0,19 (0,24)	0,21 (0,26)	0,19 (0,24)	0,21 (0,27)	0,47 (0,19)	0,50 (0,19)	0,47 (0,19)	0,51 (0,19)
	$\Delta R^2$	1,32 %		2,1 %		2,39 %		3,78 %	
Somatic- Cell-Score (SCS)	ZW	-0,03 (0,20)	-0,01 (0,21)	-0,03 (0,20)	-0,03 (0,22)	-0,05 (0,31)	-0,02 (0,33)	-0,05 (0,31)	-0,04 (0,35)
	$R^2$	0,14 (0,17)	0,15 (0,18)	0,14 (0,17)	0,15 (0,19)	0,36 (0,17)	0,38 (0,17)	0,36 (0,17)	0,39 (0,18)
	$\Delta R^2$	0,97 %		1,43 %		2,10 %		3,07 %	

Hinsichtlich der verwendeten Fruchtbarkeitsmerkmale (Tabelle 24) zeigt sich ebenfalls eine Steigerung der Zuchtwertsicherheiten durch die Berücksichtigung des BT. So kann in der GP die Sicherheit für EBE (Modell R4) um  $\Delta R^2 = 1,51$  % und in der BP um  $\Delta R^2 = 3,94$  % gesteigert werden. Für das Merkmal RAST (Modell R3) beträgt der Zuwachs  $\Delta R^2 = 2,10$  % (GP) bzw.  $\Delta R^2 = 4,84$  % (BP) gegenüber dem klassischen Betriebseffekt.

#### 4. Ergebnisse

Tabelle 24: Mittlere Zuchtwerte (ZW, als Naturalzuchtwert) und deren Sicherheiten ( $R^2$ ) von Fruchtbarkeitsmerkmalen für die Gesamtpopulation sowie die Bullenpopulation stratifiziert nach Modelleffekt Betrieb bzw. Betriebstyp (zugehörige Standardfehler in Klammern). Die Differenz der Zuchtwertsicherheiten ( $\Delta R^2$ ) ergibt sich aus der Differenz zwischen Betriebs- und Betriebstypvariante.

Merkmal	Zuchtwert Parameter	Gesamtpopulation		Bullenpopulation	
		Betrieb	Betriebstyp	Betrieb	Betriebstyp
<i>Fruchtbarkeitsmerkmale:</i>					
Erstbesamungserfolg (EBE)	ZW	-0,02 (0,08)	0,01 (0,08)	-0,09 (0,11)	-0,01 (0,12)
	$R^2$	0,04 (0,06)	0,05 (0,08)	0,09 (0,08)	0,13 (0,10)
	$\Delta R^2$	1,51 %		3,94 %	
Rastzeit (RAST)	ZW	1,83 (3,83)	1,72 (4,79)	3,99 (5,72)	3,02 (6,98)
	$R^2$	0,10 (0,13)	0,12 (0,16)	0,26 (0,15)	0,31 (0,16)
	$\Delta R^2$	2,10 %		4,84 %	

Im Vergleich zu den Produktions- und Fruchtbarkeitsmerkmalen sowie den Gesundheitsindikatoren zeigen die berechneten Sicherheiten der geschätzten Zuchtwerte der funktionalen Merkmale überwiegend nur marginale Veränderungen (Tabelle 25 bzw. Anhang Tabelle 5) durch die Verwendung der Betriebstypen in der linearen Modellierung (Modell R5 und R6) sowie den Schwellenwert-Modellen (Modell R7 und R8). Lediglich für die Merkmale Sauberkeit-Euter und Lahmheit lassen sich in den linearen Modellen durch die Nutzung von Testmonat + BT (Modell R6) Zunahmen der Sicherheit von  $\Delta R^2 = 2,32$  % bzw.  $\Delta R^2 = 1,95$  % generieren. Bei den restlichen Merkmalen bzw. Modellvarianten liegen die Veränderungen deutlich unter einem Prozent. Hierbei sei anzumerken, dass es teilweise geringere Sicherheiten durch den BT-Effekt gibt. So verringert sich die Sicherheit im linearen Modell für das Merkmal BCS um  $\Delta R^2 = 0,29$  % (Modell R5 - Testtag) bzw.  $\Delta R^2 = 0,56$  % (Modell R6 - Testmonat). Im Schwellenwert-Modell wird durch die Berücksichtigung des BT beim Merkmal Sauberkeit-Euter eine Reduktion um  $\Delta R^2 = 0,02$  % (Modell R7 - Testtag) und für das Merkmal Lahmheit von  $\Delta R^2 = 0,22$  % (Modell R7 - Testtag) bzw.  $\Delta R^2 = 0,14$  % (Modell R8 - Testmonat) verzeichnet.

#### 4. Ergebnisse

Tabelle 25: Mittlere Zuchtwerte (ZW, als Naturalzuchtwert) und deren Sicherheiten ( $R^2$ ) für funktionale Merkmale für die Gesamtpopulation stratifiziert nach Modelleffekt Betrieb bzw. Betriebstyp sowohl im linearen Modell als auch im Schwellwert-Modell (zugehörige Standardfehler in Klammern). Die Differenz der Zuchtwertsicherheiten ( $\Delta R^2$ ) ergibt sich aus der Differenz zwischen Betriebs- und Betriebstypvariante.

Merkmal	Zuchtwert Parameter	Testtag		Testmonat	
		Betrieb	Betriebstyp	Betrieb	Betriebstyp
<i>Funktionale Merkmale (linear):</i>					
Body-Condition-Score (BCS)	ZW	0,00 (0,01)	0,00 (0,01)	0,00 (0,01)	0,00 (0,01)
	$R^2$	0,02 (0,09)	0,02 (0,08)	0,02 (0,07)	0,01 (0,07)
	$\Delta R^2$	-0,29 %		-0,56 %	
Sauberkeit-Euter	ZW	0,00 (0,00)	0,00 (0,01)	0,00 (0,00)	-0,01 (0,04)
	$R^2$	0,01 (0,08)	0,01 (0,07)	0,01 (0,08)	0,03 (0,09)
	$\Delta R^2$	0,45 %		2,32 %	
Lahmheit	ZW	-0,02 (0,04)	-0,02 (0,04)	-0,02 (0,04)	-0,02 (0,05)
	$R^2$	0,03 (0,10)	0,03 (0,09)	0,03 (0,09)	0,05 (0,11)
	$\Delta R^2$	0,04 %		1,95 %	
<i>Funktionale Merkmale (logistisch):</i>					
Body-Condition-Score (BCS)	ZW	-0,01 (0,04)	-0,01 (0,03)	-0,01 (0,04)	0,00 (0,03)
	$R^2$	0,01 (0,08)	0,01 (0,09)	0,01 (0,07)	0,01 (0,09)
	$\Delta R^2$	0,07 %		0,30 %	
Sauberkeit-Euter	ZW	0,00 (0,01)	-0,01 (0,02)	0,00 (0,01)	-0,01 (0,06)
	$R^2$	0,01 (0,08)	0,01 (0,07)	0,01 (0,08)	0,01 (0,07)
	$\Delta R^2$	-0,02 %		0,35 %	
Lahmheit	ZW	0,00 (0,00)	0,00 (0,00)	0,00 (0,00)	-0,01 (0,04)
	$R^2$	0,01 (0,09)	0,01 (0,07)	0,01 (0,09)	0,01 (0,07)
	$\Delta R^2$	-0,22 %		-0,14 %	

Die Betrachtung der Sicherheit geschätzter Bullenzuchtwerte in Abhängigkeit der verfügbaren Töchterinformationen (Abbildung 12) zeigt erwartungsgemäß eine kontinuierliche Zunahme der Sicherheiten, je mehr Töchterinformationen vorhanden sind. Die BT-Modellierung (Modell R1 und R2 - jeweils BT) erweist sich hierbei insbesondere als vorteilhaft, wenn Zuchtwerte möglichst früh im Leben eines Bullen geschätzt werden sollen. In Abbildung 12 zeigt sich, dass speziell, wenn Bullen wenig verfügbare Töchterinformationen ( $1 \leq 5$ ,  $6 \leq 10$ ,  $11 \leq 15$ ) haben, deren geschätzte Zuchtwerte höhere Sicherheiten aufweisen, wenn der BT-Effekt berücksichtigt wird. Dies ist deutlich beim Merkmal Mkg (Abbildung 12 oben) zu erkennen, hierbei können Zunahmen der Sicherheit (Modell R1) durch den BT + Testtag gegenüber dem Betrieb von  $\Delta R^2 = 7,13 \%$ ,  $\Delta R^2 = 9,74 \%$  bzw.  $\Delta R^2 = 8,65 \%$  generiert werden. In Kombination mit dem Testmonat (Modell R2) liegen Erhöhungen der Zuchtwertsicherheiten in diesen Klassen bei  $\Delta R^2 = 8,29 \%$ ,  $\Delta R^2 = 11,19 \%$  bzw.  $\Delta R^2 = 9,86 \%$ . Auch für den SCS

kommt es zu einer Steigerung der Bullenzuchtwerte durch die Verwendung des BT, wobei es keine „übermäßige“ Steigerung in bestimmten Klassen gibt. Die Zunahmen liegen für alle Klassen an Nachkommen zwischen  $\Delta R^2 = 1,71 \%$  und  $\Delta R^2 = 3,58 \%$  (Modell R1 - Testtag) bzw. zwischen  $\Delta R^2 = 2,23 \%$  und  $\Delta R^2 = 5,16 \%$  (Modell R2 - Testmonat).

Abbildung 12 verdeutlicht zudem, dass die Modellierung mit dem Testmonat gegenüber dem Testtag nur wenige bis keine Vorteile generiert. So zeigt sich bei der Modellierung Testmonat + Betrieb (Modell R2) verglichen mit Testtag + Betrieb (Modell R1) sogar eine Reduktion der Sicherheiten, allerdings deutlich unter einem Prozent ( $\Delta R^2 = 0,006 \%$  bis  $\Delta R^2 = 0,034 \%$ ) bei beiden Merkmalen (Mkg, SCS). Ebenfalls in Kombination mit dem BT fallen die Zunahmen durch den Testmonat eher gering aus und liegen für die Merkmale Mkg und SCS im Bereich zwischen  $\Delta R^2 = 0,29 \%$  und  $\Delta R^2 = 1,42 \%$ .

#### 4. Ergebnisse

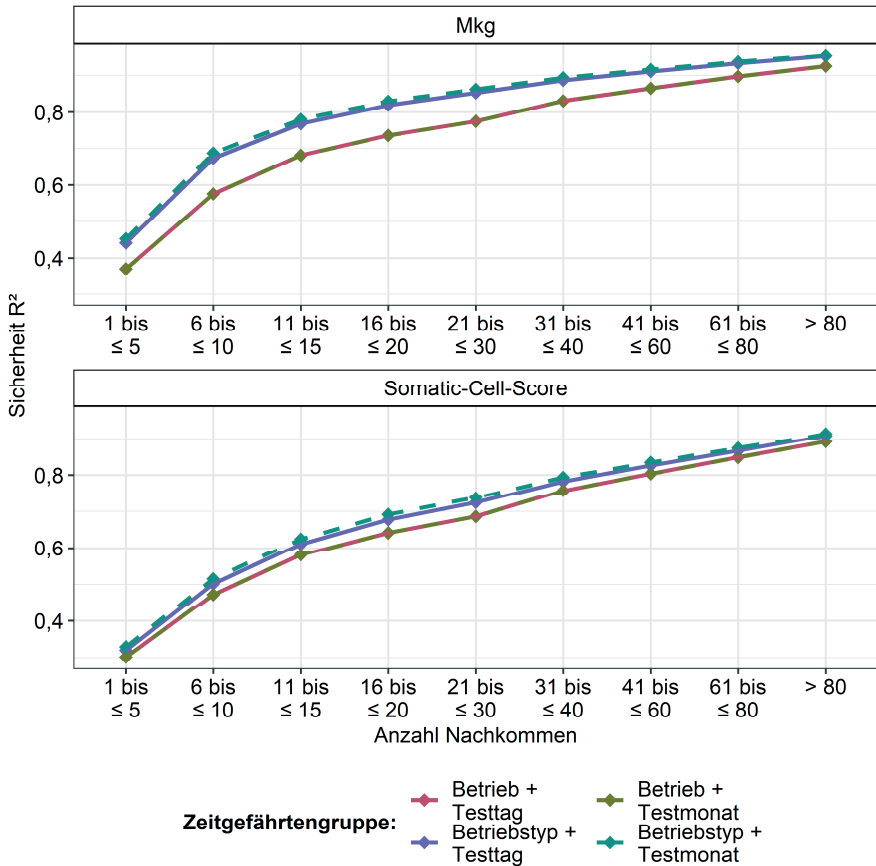


Abbildung 12: Sicherheit der geschätzten Bullenzuchtwerte der Merkmale Milchmenge (oben) und Somatic-Cell-Score (unten) in Abhängigkeit der verfügbaren Töchterinformationen (Anzahl Nachkommen) für die vier Zeitgefährten Modellierungsvarianten: Betrieb + Testtag; Betrieb + Testmonat, Betriebstyp + Testtag, Betriebstyp + Testmonat (unterschiedliche Linientypen dienen der Visualisierung).

Grundsätzlich ermöglicht die BT-Modellierung genauere Zuchtwerte (= mit höherer Sicherheit) zu schätzen, welche bei weniger verfügbaren Töchterinformationen und somit zu einem früheren Zeitpunkt mit verlässlichen Sicherheiten geschätzt werden können. Hingegen bewirkt die Berücksichtigung des Testmonats gegenüber dem Testtag kaum bis keine Vorteile hinsichtlich der Zuchtwertsicherheiten.

### 4.1.6 Populationsstruktur

Die Konstruktion der ZGG erfolgt in dieser Arbeit prinzipiell durch die Kombination von Betrieb und Testtag. Hierbei können sich jedoch bei ungünstigen Herdenstrukturen starke Begrenzungen bzgl. der Anzahl von Beobachtungen innerhalb einzelner Herdenkontrolltage ergeben. Der Hauptvorteil von Testtagsmodellen gegenüber Modellen mit kumulierten Abschnittsleistungen besteht in der direkten Korrektur des Herdenumwelteinflusses am Tag der Leistungserbringung. Inwieweit die Berücksichtigung des BT bzw. die Kombination mit dem Testmonat zu einer Veränderung der Besetzung der ZGG führt, ist in Tabelle 26 dargestellt. Hierbei zeigt sich, dass es durch die Verwendung der BT in Kombination mit dem Testtag zu einer Reduktion der Gesamtanzahl an ZGG um 335 Klassen gegenüber der Kombination aus Betrieb + Testtag kommt. Gleichzeitig führt diese Reduktion zu einer Erhöhung der mittleren Beobachtungszahl pro ZGG um ca. 52 Beobachtungen. Die minimale Besetzung einer ZGG liegt sowohl für die Kombination Betrieb + Testtag sowie für BT + Testtag bei einer Beobachtung. Hierbei sei allerdings zu erwähnen, dass durch die Berücksichtigung des BT sich die Anzahl der schwach besetzten ZGG ( $\leq 3$  bzw.  $\leq 5$  Beobachtungen) von 63 auf 59 bzw. von 189 auf 171 reduziert. Ebenfalls führt die Kombination mit BT zu einer höheren maximalen Besetzung der ZGG (Testtag: Betrieb = 565, BT = 839; Testmonat: Betrieb = 754; BT = 1.782).

Die Verwendung des Testmonats anstelle des Testtages führt sowohl mit dem Betrieb als auch mit dem BT zu einer Reduktion der Gesamtanzahl an ZGG, um 65 bzw. 1.479 Klassen. Entsprechend kommt es zu einer Erhöhung der durchschnittlichen Besetzung je ZGG. Dabei ist der Zuwachs der Kombination Betrieb + Testmonat verglichen mit Betrieb + Testtag mit zusätzlichen 2,7 Beobachtungen je ZGG eher gering, wohingegen der Zuwachs der durchschnittlichen Besetzung der Kombination BT + Testmonat (571,6 Beobachtungen) verglichen mit BT + Testtag (104,0 Beobachtungen) bzw. Betrieb + Testmonat (90,5 Beobachtungen) deutlicher größer ausfällt. Die Anzahl schwach besetzter ZGG reduziert sich durch Verwendung von Betrieb und Testmonat gegenüber Betrieb + Testtag geringfügig auf 61 ( $\leq 3$  Beobachtungen) bzw. 177 ( $\leq 5$  Beobachtungen). Durch die Kombination BT + Testmonat wird die minimale Anzahl von Beobachtungen auf mindestens 6 Beobachtungen angehoben.

#### 4. Ergebnisse

Tabelle 26: Anzahl der Zeitgefährtegruppen (ZGG) sowie Mittelwert (Standardfehler), Minimum und Maximum der ZGG-Besetzung und Anzahl schwach besetzter ZGG bei divergierenden ZGG-Zusammensetzungen.

Zeitgefährtegruppe (ZGG)		Gesamtanzahl der ZGG	Beobachtungen pro ZGG			Anzahl schwach besetzter ZGG	
Umwelt	Zeitraum		Mittelwert	Minimum	Maximum	≤ 3	≤ 5
Betrieb	Testtag	2.143	87,8 ( 2,47)	1	565	63	189
Betriebstyp	Testtag	1.808	104,0 ( 3,13)	1	839	59	174
Betrieb	Testmonat	2.078	90,5 ( 2,59)	1	754	61	177
Betriebstyp	Testmonat	329	571,6 (26,32)	6	1.782	-	1

Tabelle 27 gibt eine Übersicht der populationsgenetischen Analysen pro BT bzw. Betrieb. Hierfür ist die effektive Töchterzahl jeweils für den Testtag bzw. Testmonat in Kombination mit dem Betrieb bzw. BT ermittelt worden. Des Weiteren wird für die ZGG Testtag + Betrieb bzw. BT die Anzahl Bullen mit bzw. ohne Töchterleistungen, die mittlere Anzahl an Testtagsbeobachtungen je Bulle sowie die mittlere Anzahl Kühe je Bulle, welche Testtagsbeobachtungen liefern, berechnet. Auf die Darstellung der Ergebnisse für die Variante Testmonat + Betrieb bzw. BT wurde verzichtet, da bereits die genetisch-statistischen Analysen gezeigt haben, dass die primären Zugewinne vornehmlich durch die Verwendung des BT gegenüber dem Betrieb anstelle der Berücksichtigung des Testmonats entstehen. Unabhängig von Testtag bzw. Testmonat wurde der Inzuchtkoeffizient (Inzucht) und die mittlere Verwandtschaft (Relation) innerhalb der Einzelbetriebe als auch der BT ermittelt.

Die effektive Töchterzahl, welche über alle Bullen eines Betriebes bzw. BT gemittelt wurde, zeigt deutlich einen Zugewinn durch die Berücksichtigung des BT. Durch die Gruppierung von Betrieben in BT kommt es zwar für Einzelbetriebe zum Teil zu einer Verringerung der effektiven Töchterzahl, so hat bspw. Betrieb 6 eine durchschnittliche effektive Töchterzahl von 214,5 in der einzelbetrieblichen Betrachtung, durch die Clusterung in BT1 jedoch nur noch von 76,1. Allerdings kann grundsätzlich beobachtet werden, dass sich im Mittel die effektive Töchterzahl durch den BT von 76,3 (Betrieb + Testtag bzw. Testmonat) auf 168,3 (BT + Testtag) bzw. 172,4 (BT + Testmonat) mehr als verdoppelt.

Weiter zeigt sich, dass innerhalb eines Einzelbetriebes der Einsatz unterschiedlicher Bullen eher begrenzt ist. So werden in den Betrieben durchschnittlich 85,1 Bullen (= Bullen mit Töchterinformationen) im Untersuchungszeitraum (2012 bis 2018) eingesetzt. Hierbei sei jedoch auf die großen Unterschiede zwischen den einzelnen Betrieben, mit 9 Bullen in Betrieb 21 als Minimum und 253 Bullen in Betrieb 16 als Maximum, verwiesen. Durch die

#### 4. Ergebnisse

Verwendung des BT werden im Schnitt je BT 461,5 Bullen eingesetzt, was einer deutlichen Zunahme entspricht, allerdings muss hier speziell BT4 erwähnt werden, in dem 75 % aller Bullen (1.257 von 1.667 Bullen) eingesetzt werden. Aber auch in den anderen BT kommt es verglichen mit den jeweiligen Einzelbetrieben zu einer Zunahme der eingesetzten Bullen. Am Beispiel von BT2 ist die Zunahme deutlich zu erkennen. Nutzen die Betriebe 5, 9, 13 und 27 des BT2 einzeln jeweils 11, 11, 12 bzw. 31 Bullen, sind es innerhalb des BT 61 Bullen. BT3 hat gegenüber der einzelbetrieblichen Betrachtung keine Veränderung, was jedoch der Tatsache geschuldet ist, dass BT3 nur aus dem Betrieb 2 besteht.

Die Vollständigkeit des vom VIT zur Verfügung gestellten Pedigrees beträgt ca. 69 %, was im Schnitt 2,7 vollständige Generationen (2 bis 8 Generationen) pro Tier entspricht. Im Hinblick auf die Berechnung individueller Inzuchtkoeffizienten, wozu ein möglichst vollständiges Pedigree benötigt wird, werden nur Tiere berücksichtigt, welche mind. 90 % ihrer Vorfahren aufweisen können. Entsprechend ergeben sich für den Datensatz durchschnittlich 4,8 vollständige Generationen (2 bis 8 Generationen) bei einer Vollständigkeit von 99,6 %. Durch die Gruppierung in BT reduziert sich der Inzuchtkoeffizient von  $F = 3,9\%$  auf  $F = 3,6\%$ . Noch deutlicher ist die Reduktion der mittleren Verwandtschaft. So beträgt diese gemittelt über alle Betriebe  $R_{xy} = 10,7\%$ , wohingegen die gemittelte Verwandtschaft unter Berücksichtigung der BT bei  $R_{xy} = 6,1\%$  liegt. Insbesondere in den sehr kleinen Betrieben (5, 9, 13, 27), welche im BT2 vereinigt werden, reduziert sich der Inzuchtkoeffizient sowie die mittlere Verwandtschaft deutlich. So beträgt die mittlere Verwandtschaft in BT2  $R_{xy} = 5,7\%$ , wohingegen dieser in den Einzelbetrieben zwischen  $R_{xy} = 9,9\%$  und  $R_{xy} = 36,5\%$  liegt.

Tabelle 27: Effektive Töchterzahl (Standardfehler), Anzahl Bullen mit/ohne Töchterinformationen, durchschnittliche Anzahl Testtagsbeobachtungen je Bulle, durchschnittliche Anzahl Töchter mit Leistungen je Bulle bezogen auf Produktionsmerkmale, Inzuchtkoeffizient (Inzucht; F) und mittlere Verwandtschaft ( $R_{xy}$ ) der Tiere innerhalb der einzelnen Betriebe bzw. Betriebstypen.

Betriebs- typ	Effektive Töchterzahl		Bullen		Mittlere Anzahl Testtag je Bulle	Mittlere Anzahl Kühe mit Testtagen je Bulle	In- zucht (F)	Ver- wandt- schaft ( $R_{xy}$ )
	Testtag	Testmonat	Mit Töchter- leistung	Ohne Töchter- leistung				
1	76,1 ( 5,5)	85,2 ( 6,8)	457	1.210	86,9	5,4	2,5 %	2,6 %
2	26,3 ( 2,8)	31,4 ( 3,5)	61	1.606	33,8	2,0	4,9 %	5,7 %
3	490,4 (69,7)	490,4 (69,7)	71	1.596	523,9	33,3	2,2 %	8,2 %
4	80,3 ( 4,2)	82,5 ( 4,4)	1.257	410	83,1	5,2	4,6 %	8,0 %
Mittel- wert	168,3	172,4	461,5	1.205,5	181,9	11,5	3,6 %	6,1 %

#### 4. Ergebnisse

Tabelle 27 (Fortsetzung): Effektive Töchterzahl (Standardfehler), Anzahl Bullen mit/ohne Töchterinformationen, durchschnittliche Anzahl Testtagsbeobachtungen je Bulle, durchschnittliche Anzahl Töchter mit Leistungen je Bulle bezogen auf Produktionsmerkmale, Inzuchtkoeffizient (Inzucht; F) und mittlere Verwandtschaft ( $R_{xy}$ ) der Tiere innerhalb der einzelnen Betriebe bzw. Betriebstypen.

Betrieb	Effektive Töchterzahl		Bullen		Mittlere Anzahl Testtag je Bulle	Mittlere Anzahl Kühe mit Testtagen je Bulle	Inzucht (F)	Verwandtschaft ( $R_{xy}$ )
	Testtag	Testmonat	Mit Töchterleistung	Ohne Töchterleistung				
1	69,4 (10,9)	69,4 (10,9)	45	1.622	80,4	5,7	2,1 %	7,1 %
2	490,4 (69,7)	490,4 (69,7)	71	1.596	523,9	33,3	2,2 %	8,2 %
4	23,8 ( 2,0)	23,8 ( 2,0)	84	1.583	25,2	1,8	5,7 %	11,6 %
5	15,9 ( 4,7)	15,9 ( 4,7)	11	1.656	25,5	1,4	13,9 %	36,5 %
6	214,5 (43,6)	214,5 (43,6)	12	1.655	315,9	18,1	4,2 %	13,2 %
7	69,3 (12,9)	69,3 (12,9)	70	1.597	76,7	4,8	2,9 %	6,9 %
8	25,7 ( 4,6)	25,7 ( 4,6)	13	1.654	37,2	2,0	1,2 %	13,8 %
9	31,6 ( 7,3)	31,6 ( 7,3)	11	1.656	42,5	2,5	1,5 %	11,3 %
10	86,5 (10,6)	86,5 (10,6)	106	1.561	91,6	5,1	1,2 %	4,2 %
12	36,7 ( 4,3)	36,7 ( 4,3)	66	1.601	39,5	2,6	3,0 %	6,1 %
13	19,3 ( 3,9)	19,3 ( 3,9)	12	1.655	29,2	1,7	4,4 %	15,1 %
14	25,7 ( 2,9)	25,8 ( 2,9)	56	1.611	27,8	1,8	1,8 %	3,7 %
15	32,1 ( 2,2)	32,1 ( 2,2)	197	1.470	32,9	2,1	4,3 %	8,5 %
16	121,1 (12,5)	121,1 (12,5)	253	1.414	125,4	7,6	5,3 %	11,2 %
17	46,7 ( 4,8)	46,7 ( 4,8)	99	1.568	49,1	3,1	4,7 %	11,0 %
18	34,9 ( 4,3)	34,9 ( 4,3)	124	1.543	37,3	2,5	5,4 %	12,8 %
19	63,0 ( 7,2)	63,0 ( 7,2)	120	1.547	65,9	4,1	5,0 %	8,9 %
20	83,0 (10,5)	83,0 (10,5)	205	1.462	86,2	5,4	3,3 %	5,5 %
21	253,9 (78,9)	253,9 (78,9)	9	1.658	445,8	27,4	2,0 %	13,3 %
22	79,7 (10,1)	79,7 (10,1)	143	1.524	83,6	4,9	5,2 %	11,4 %
23	23,4 ( 2,5)	23,4 ( 2,5)	100	1.567	24,9	1,6	4,7 %	11,1 %
24	45,7 ( 6,8)	45,7 ( 6,8)	37	1.630	51,5	3,0	1,0 %	6,8 %
25	64,2 (23,4)	64,2 (23,5)	12	1.655	118,5	8,2	3,1 %	16,6 %
26	42,1 ( 5,7)	42,1 ( 5,7)	69	1.598	45,1	2,9	3,3 %	6,1 %
27	27,0 ( 4,5)	27,0 ( 4,5)	31	1.636	31,0	1,8	4,1 %	9,9 %
28	42,9 ( 4,6)	42,9 ( 4,6)	111	1.556	44,8	2,7	3,7 %	8,4 %
29	47,0 ( 4,5)	47,0 ( 4,5)	186	1.481	48,9	3,3	4,6 %	9,7 %
30	20,0 ( 2,3)	20,0 ( 2,3)	129	1.538	21,1	2,0	4,0 %	9,6 %
Mittelwert	76,3	76,3	85,1	1.581,9	93,8	5,8	3,9 %	10,7 %

In Abbildung 13 ist der Verlauf unter Berücksichtigung des Inzuchtkoeffizienten in den einzelnen BT für die Merkmale Mkg und SCS visualisiert. Es zeigt sich, dass in BT2 und BT4 eine Zunahme des Inzuchtkoeffizienten zu einer Steigerung der Milchleistung um ca. 0,42 kg

#### 4. Ergebnisse

bzw. 0,38 kg pro 1 % Inzuchtsteigerung führt. In den BT1 und BT3 entwickelt sich die Milchmenge mit zunehmendem Inzuchtkoeffizienten eher rückläufig. So sinkt in BT1 die Milchleistung um 0,02 kg und in BT3 um 0,13 kg je 1 % Inzuchtanstieg.

Für das funktionale Merkmal SCS sind keine Inzuchtdepressionen in den BT1, BT2 und BT3 zu verzeichnen. Eine Reduktion des SCS-Wertes, als Resultat geringerer immunologischer Reaktionen, ist in diesem Fall gewünscht. Demnach geht ein zunehmender Inzuchtkoeffizient mit einem sinkenden SCS-Wert innerhalb der DSN-Betriebe einher. Lediglich in BT4 (= HF-Betriebe) steigt der SCS um 0,38 je 1 % Inzuchtsteigerung.

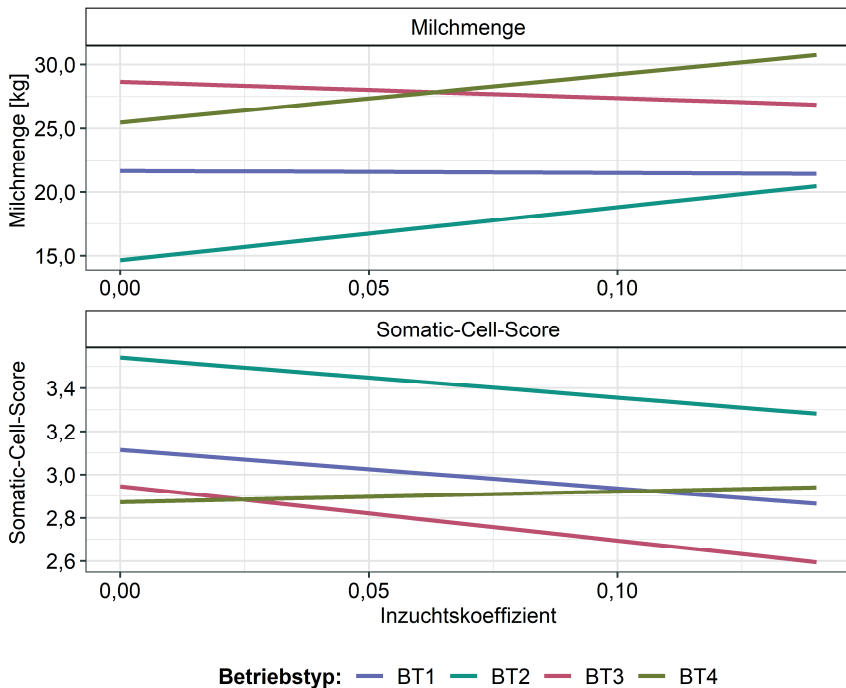


Abbildung 13: Least Square Means für Milchmenge [kg] und Somatic-Cell-Score in Abhängigkeit der Inzuchtkoeffizienten innerhalb der Betriebstypen unter Verwendung des Testtages.

Die Inzuchtkoeffizienten innerhalb der BT in Abhängigkeit der Geburtsjahrgänge sind in Abbildung 14 sowohl geschlechts- als auch rassespezifisch dargestellt. Insgesamt sei anzumerken, dass alle Betriebe angaben, nur Tiere der einen oder der anderen Rasse zu halten (außer Betrieb 20, dieser gab beide Rassen an). Allerdings gab es hinsichtlich der offiziell

registrierten Rassecodes Abweichungen, sodass in allen BT beide Rassen mehr oder weniger ausgeprägt vorhanden waren, obwohl BT1, BT2 und BT3 nach Aussage der Betriebe reine DSN-Cluster sein sollten.

Insbesondere im BT2 gibt es starke Schwankungen der Inzuchtkoeffizienten in den jeweiligen Geburtsjahrgängen. Auch sind die Inzuchtkoeffizienten für weibliche und männliche DSN-Tiere in diesem BT deutlich höher gegenüber den anderen BT. So weist der Geburtsjahrgang 2012 mit  $F = 25,12\%$  für die weiblichen Tiere und der Geburtsjahrgang 2011 mit  $F = 17,81\%$  für die männlichen Tiere die höchsten Inzuchtkoeffizienten auf. Bei der Betrachtung der Inzuchtkoeffizienten der DSN-Bullen fällt auf, dass in diesem BT nur wenige Bullen je Jahrgang und auch nicht aus jedem Jahrgang Bullen eingesetzt wurden. In der DSN-Population ist grundsätzlich ein stetiger Anstieg der Inzuchtkoeffizienten im Jahresverlauf zu erkennen. Wobei BT2 sowohl bei den weiblichen ( $F = 1,11\%$  pro Jahr) und männlichen ( $F = 1,69\%$  pro Jahr) Tieren und BT1 bei den männlichen ( $F = 0,14\%$  pro Jahr) Tieren hervorsteicht. BT3 weist im Jahresverlauf einen relativ konstanten Inzuchtkoeffizienten bei den weiblichen Tieren von  $F = 2,11\%$  auf und bei den männlichen Tieren ist ein leichter Anstieg von  $F = 0,03\%$  pro Jahr zu verzeichnen. In BT4 zeigt sich für die weiblichen ( $F = 0,06\%$  pro Jahr) wie auch die männlichen Tiere ( $F = 0,07\%$  pro Jahr) ein mäßiger Inzuchtanstieg.

Insgesamt scheint die Inzuchtsteigerung in der DSN-Population ausgeprägter zu sein als in der HF-Population, deren Inzuchtkoeffizienten in den meisten BT kontinuierlich sinkt. Im Detail betrachtet sinkt der Inzuchtkoeffizient der HF-Population aber vornehmlich in den DSN-BT (BT1, BT2 und BT3), wohingegen es im BT4 (reine HF-Betriebe, außer Betrieb 20) zu einem kontinuierlichen Anstieg (weiblich:  $F = 0,12\%$  bzw. männlich  $F = 0,20\%$  pro Jahr) kommt. Hierbei ist auffällig, dass in BT2 trotz der Fokussierung der Betriebe auf die Rasse DSN, weibliche HF-Tiere auf den Betrieben zu finden sind und einen geringen kontinuierlichen Anstieg des Inzuchtkoeffizienten von  $F = 0,10\%$  pro Jahr aufweisen. Die BT1 und BT3 verzeichnen sinkende Inzuchtkoeffizienten in der weiblichen HF-Population ( $F = -0,19\%$  bzw.  $F = -0,02\%$  pro Jahr). Die Inzuchtkoeffizienten in der HF-BP sind in BT3 ebenfalls sinkend ( $F = -0,04\%$  pro Jahr), wohingegen es im BT1 einen leichten Anstieg ( $F = 0,02\%$  pro Jahr) gibt.

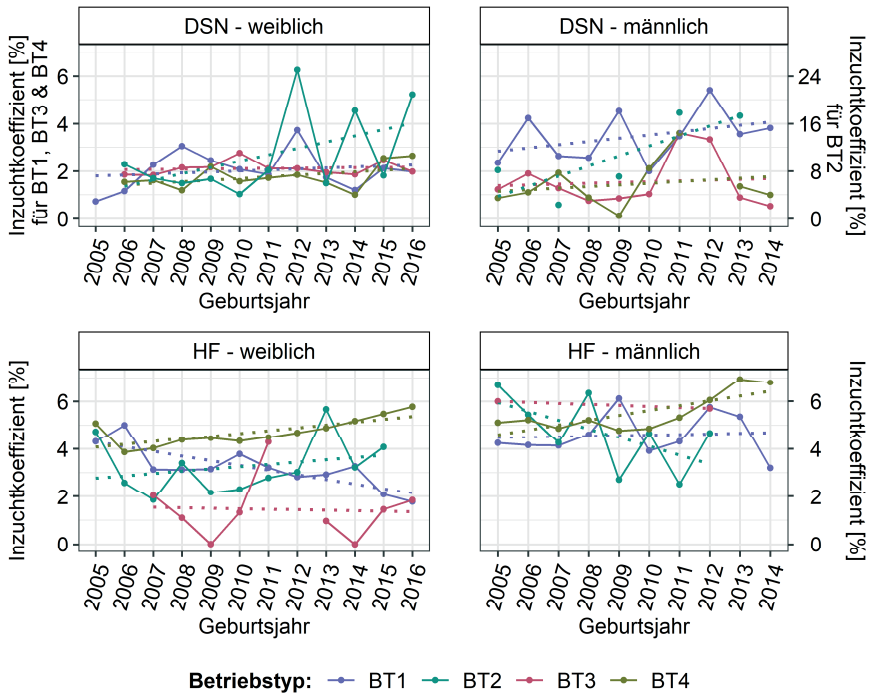


Abbildung 14: Durchschnittliche Inzuchtkoeffizienten in Abhängigkeit der Betriebstypen für die Geburtsjahre 2005 bis 2016 (2014) für die Rassen Deutsches Schwarzbuntes Niederungsrind (DSN) und Holstein Friesian (HF), jeweils geschlechtsspezifisch separiert. Gepunktete Linien entsprechen dem allgemeinen Trend des jeweiligen BT.

#### 4.1.7 Genotyp-Umwelt-Interaktion

Mithilfe des in 3.6 beschriebenen Mehrmerkmalsansatzes wird exemplarisch für das Merkmal Mkg überprüft, inwieweit die gebildeten BT zu etwaigen Genotyp-Umwelt-Interaktionen (GUI) führen. Wie in Tabelle 28 ersichtlich, sind die genetischen Korrelationen (oberhalb der Diagonale) zwischen den BT kleiner als die von Robertson (1959) definierte Schwelle ( $r_g \leq 0,8$ ). Auch die phänotypischen Korrelationen (unterhalb der Diagonale) zeigen deutliche Differenzen zwischen den einzelnen BT. BT3 hat tendenziell die niedrigsten Korrelationen (genetisch als auch phänotypisch) zu den restlichen BT. Die geringsten Korrelationen zu BT3 weist BT4 auf ( $r_g = 0,27$ ;  $r_p = 0,11$ ). Mit Korrelationen von  $r_g = 0,69$  bzw.  $r_p = 0,25$  sind die Überschneidungen zwischen BT1 und BT2 am größten. Entgegen der Erwartung weisen BT2 (DSN-Betriebe) und BT4 (HF-Betriebe) eine ähnliche hohe genetische Korrelation ( $r_g = 0,52$ )

auf wie BT1 und BT2, wohingegen die genetische Korrelation zu BT3 (DSN-Betriebe) mit  $r_g = 0,32$  eher gering ist.

Tabelle 28: Heritabilität (Diagonale), genetische Korrelationen (oberhalb der Diagonalen) und phänotypische Korrelationen (unterhalb der Diagonalen) zwischen den vier Betriebstypen für das Merkmal Milchmenge. Angaben in den Klammern entsprechen den Standardfehlern.

	<b>Betriebstyp 1</b>	<b>Betriebstyp 2</b>	<b>Betriebstyp 3</b>	<b>Betriebstyp 4</b>
<b>Betriebstyp 1</b>	0,53 (0,02)	0,69 (0,18)	0,32 (0,31)	0,21 (0,14)
<b>Betriebstyp 2</b>	0,25 (0,02)	0,25 (0,03)	0,37 (0,90)	0,52 (0,20)
<b>Betriebstyp 3</b>	0,15 (0,03)	0,12 (0,03)	0,43 (0,10)	0,27 (0,36)
<b>Betriebstyp 4</b>	0,09 (0,02)	0,16 (0,02)	0,11 (0,07)	0,36 (0,02)

#### 4.1.8 Rangvergleich

Damit Tiere innerhalb eines Betriebes eine optimale Leistung hinsichtlich Produktions- bzw. Fruchtbarkeitsparametern sowie Gesundheits- bzw. Tierwohlintakoren zeigen können, ist eine genaue Selektion der passenden Genetik für den jeweiligen Betrieb entscheidend. Die in Kapitel 4.1.7 gezeigten Ergebnisse verdeutlichen, dass zwischen den gebildeten BT GUI bestehen. Inwieweit diese GUI zu einer abweichenden Rangierung der Bullen führt, ist in Tabelle 29 dargestellt. Exemplarisch ist für das Merkmal Mkg eine Liste der Bullen (Top10) mit den höchsten Zuchtwerten bei mindestens 70 Nachkommen über alle BT hinweg erstellt worden, um deren Platzierung innerhalb der BT miteinander zu vergleichen. Die Rangierung der Bullen in BT1 wird als Vergleichsplatzierung verwendet. Hierbei zeigt sich, dass Bullen hinsichtlich ihrer Ränge teilweise erheblich innerhalb der einzelnen BT schwanken. So können Topvererber des einen BT in anderen deutlich an Platzierung verlieren. Ein Beispiel ist der Bulle „47534“, welcher in BT1 und BT3 den zweithöchsten Zuchtwert besitzt, in BT2 jedoch nur die 9. Platzierung und in BT4 den Platz 12 belegt. Hingegen behalten andere Bullen, wie z.B. „41124“ oder „51085“ relativ konstant ihre Platzierung. Allerdings ist anzumerken, dass insbesondere in BT mit geringer Besetzung und/oder geringem Gesamttierbesatz (BT2), bzw. wenn wenig bis keine Nachkommen in dem jeweiligen BT vorhanden sind, die geschätzten Zuchtwerte zum Teil sehr geringe Sicherheiten aufweisen.

#### 4. Ergebnisse

Tabelle 29: Rangierung von Bullen (absteigend nach Zuchtwert) mit mind. 70 Nachkommen (über alle Betriebstypen hinweg) mit Leistungsinformationen im Merkmal Milchmenge. Die Rangierung im Betriebstyp 1 dient als Referenz für die übrigen Betriebstypen. Die Betriebstypen basieren auf einer hierarchischen Clusterung mit vorheriger Variablenclusterung. HF = Holstein Friesian; DSN = Deutsches Schwarzbuntes Niederungsring; nNK = Anzahl Nachkommen;  $R^2$  = Sicherheit der geschätzten Zuchtwerte.

Tier-ID	Bulle		Betriebs- typ 1			Betriebs- typ 2			Betriebs- typ 3			Betriebs- typ 4		
	Rasse	nNK	Rang	$R^2$	nNK	Rang	$R^2$	nNK	Rang	$R^2$	nNK	Rang	$R^2$	nNK
48330	HF	71	1	0,63	2	1	0,13	0	4	0,00	0	1	0,96	69
47534	DSN	95	2	0,76	3	9	0,08	0	2	0,93	72	12	0,88	20
27113	DSN	126	3	0,91	9	3	0,04	0	7	0,95	88	6	0,91	29
41124	DSN	90	4	0,90	8	5	0,00	0	6	0,93	49	5	0,93	33
51085	DSN	81	5	0,91	15	4	0,12	0	8	0,93	61	7	0,79	5
44123	DSN	121	6	0,81	3	7	0,05	0	12	0,95	81	8	0,92	37
51142	DSN	104	7	0,49	0	2	0,00	0	1	0,94	82	3	0,91	22
54118	DSN	181	8	0,74	3	10	0,24	0	10	0,95	161	10	0,88	17
42830	DSN	98	9	0,94	24	12	0,32	0	3	0,92	54	11	0,88	20
57566	DSN	83	10	0,96	41	6	0,00	0	11	0,91	42	4	0,40	0

### 4.2 Ergebnisdarstellung - Schwein

Die nachfolgend aufgeführten Ergebnisse beziehen sich auf die in dieser Arbeit charakterisierten 45 (Datensatz 1) bzw. 23 Betriebe (Datensatz 2) mit der Rasse BB. Für die Lei-Population, an der die Analysen ebenfalls durchgeführt werden sollten, konnten keine Ergebnisse generiert werden. Hintergrund hierfür ist die zu geringe Anzahl an Lei-haltenden Betrieben sowie der generell zu geringe Tierbestand, welcher eine Berechnung genetisch-statistischer Parameter nicht ermöglicht. Grundlegend sollten die für die BB-Population erzielten Resultat aber auch auf die Lei-Population übertragen werden können, vorausgesetzt der Lei-Bestand nimmt zu.

#### 4.2.1 Clusterung

##### Durchführung der Clusterungsprozesse

Analog zu den Clusterungsansätzen im Teilprojekt Rind gilt es auch im Projektteil Schwein, Betriebe mit einer ähnlichen konzeptionellen Ausrichtung innerhalb von BT zu vereinen. Bei der konzeptionellen Ausrichtung lag der Fokus, anders als in den rinderhaltenden Betrieben, wo das Augenmerk auf Tier- und Betriebsfaktoren mit Einflusspotential auf die phänotypische Leistung der Tiere lag, vornehmlich auf den Vermarktungspotentialen, welche Zuchtentscheidungen beeinflussen können.

Die durchgeführten Clusterungsmethoden sind identisch mit denen der Rinderpopulation. Entsprechend wird die dSW als Evaluationskriterium der Clusterungsprozesse verwendet. In Abbildung 15 sind die maximalen erreichten dSW dargestellt, wobei die Farbgebung der Anzahl gebildeter BT entspricht. Ebenfalls wird die mögliche Anzahl zu bildender BT auf 10 begrenzt. Insgesamt fällt auf, dass in Datensatz 1 nur 2 bzw. 3 BT gebildet werden, unabhängig der verwendeten Anzahl an Variablenclustern, wohingegen im reduzierten Datensatz die Anzahl gebildeter BT diffuser ist. So werden im Datensatz 2 zwischen 2 und 10 BT gebildet, wobei 8 bzw. 10 BT am häufigsten vorkommen. Die höchste dSW (0,56) wird im Datensatz 1 bei 2 Variablenclustern und 3 BT erreicht. Im reduzierten Datensatz wird ebenfalls bei 2 Variablenclustern, allerdings bei 10 BT die höchste dSW (0,50) erzielt. Im Hinblick auf eine Übertragung der gewonnenen Erkenntnisse in die Zuchtpraxis wurde ein Kompromiss zwischen der „optimalen“ Anzahl (10 BT) und einer praxistauglichen Anzahl an BT gewählt, da die Bildung von 10 BT in Datensatz 2 wegen der geringeren Zahl an Betrieben aus sachlogischen Gründen nicht praxisrealistisch erscheint. Somit wurde, trotz des Maximums bei 10 zu bildenden BT, für die weiteren genetischen Berechnungen eine identische Variablen- und Betriebsclusterung verwendet wie im Datensatz 1 ( $C_k = 2$  und  $k = 3$ ). Ursächlich hierfür ist,

#### 4. Ergebnisse

dass Datensatz 1 aufgrund des höheren Datenumfangs ein besseres Gesamtbild der BB-Betriebe abbildet. Zum anderen entspricht Datensatz 2 einer nicht zufälligen Teilmenge des Datensatzes 1, wodurch die Variablenclusterung beeinflusst werden kann. Entsprechend impliziert in den folgenden Ausführungen die Bezeichnung CoVAHC für beide Datensätze, dass 2 Variablencluster und 3 BT verwendet werden.

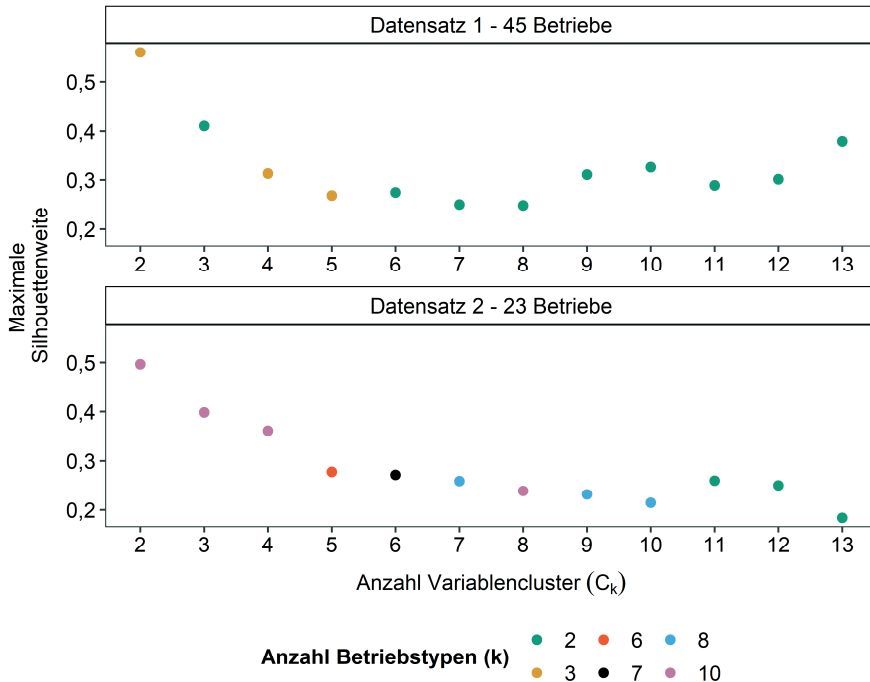


Abbildung 15: Maximale durchschnittliche Silhouettenweite (dSW) sowie die dabei verwendete Anzahl gebildeter Betriebstypen (Farben) bei der „Clusterung von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clusterung“ (CoVAHC) bei unterschiedlicher Anzahl gebildeter Variablencluster ( $C_k = 2$  bis  $C_k = 13$ ), für den Datensatz 1, welcher alle charakterisierten Bunte Bentheimer-Betriebe enthält und für Datensatz 2, welcher nur Betriebe mit phänotypischer Leistung für Fleischqualitätsmerkmale bzw. funktionale Merkmale enthält.

Das Variablen-Dendrogramm in Abbildung 16 veranschaulicht die Zugehörigkeit der erfassten Merkmale bei der Formierung von  $C_k = 2$  Variablenclustern. So zeigt sich, dass die Antworten der Landwirte auf die Fragen nach dem ackerbaulichen Potential, der Bodenart, der Größe des Ortes, der nutzbaren Feldkapazität und der Entfernung zur nächstgelegenen Mittelstadt ähnlich ausfielen. Ebenfalls zeigen die Merkmalskategorien Metropolenregion, Jahresniederschlag,

Leitbodenassoziation sowie Höhenlage, als auch die Antworten zum Internetauftritt, der Bewirtschaftung, der Jahresdurchschnittstemperatur, der Zuchtbestrebungen sowie der Entfernung zur nächstgelegenen Kleinstadt, Ähnlichkeiten. Für die BT-Beschreibung wurde auf eine Ausformulierung der Variablencluster verzichtet, da es bei der Beschreibung vielmehr auf praxisrelevante Kriterien ankommt, die aber nicht zwangsläufig auch im statistischen Sinne entscheidend sein müssen.

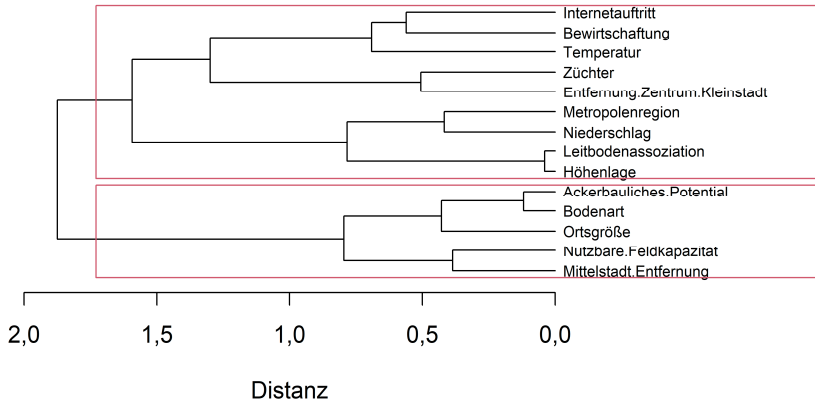


Abbildung 16: Anordnung der Variablen in Form eines Dendrogramms nach Variablenclustering. Die roten Umrandungen kennzeichnen die Zugehörigkeit der Variablen bei  $C_k = 2$ .

Analog zu den Clusteranalysen in der Rinderpopulation werden die erfassten Merkmale verwendet, um diese mithilfe von agglomerativen und divisiven Clusterverfahren in BT einzuteilen. Die in Abbildung 17 dargestellten dSW der vier Clustermethoden bei unterschiedlicher Anzahl von BT zeigt auch bei den schweinehaltenden Betrieben eine deutliche Überlegenheit der CoVAHC-Methode hinsichtlich der Trenngenaugigkeit und -schärfe. Die dSW der CoVAHC übersteigt die der anderen Methoden um das zwei- bis vierfache. Die höchste dSW wird, wie bereits in Abbildung 15 zu sehen ist, für die Methode CoVAHC im Datensatz 1 bei 2 Variablenclustern und 3 BT mit  $dSW = 0,56$  erreicht. Im Datensatz 2 erreicht die Verwendung von  $C_k = 2$  und  $k = 3$  eine dSW von 0,42. Die maximal erreichten dSW für die Methoden AHC, PAM und FZC liegen im Datensatz 1 bei:

- $dSW_{AHC} = 0,20$
- $dSW_{PAM} = 0,15$
- $dSW_{FZC} = 0,16$

## 4. Ergebnisse

und im Datensatz 2 bei:

- $dSW_{AHC} = 0,25$
- $dSW_{PAM} = 0,20$
- $dSW_{FZC} = 0,21$ .

Entsprechend wird die Methode CoVAHC als Grundlage für die weiteren genetisch-statistischen Analysen verwendet.

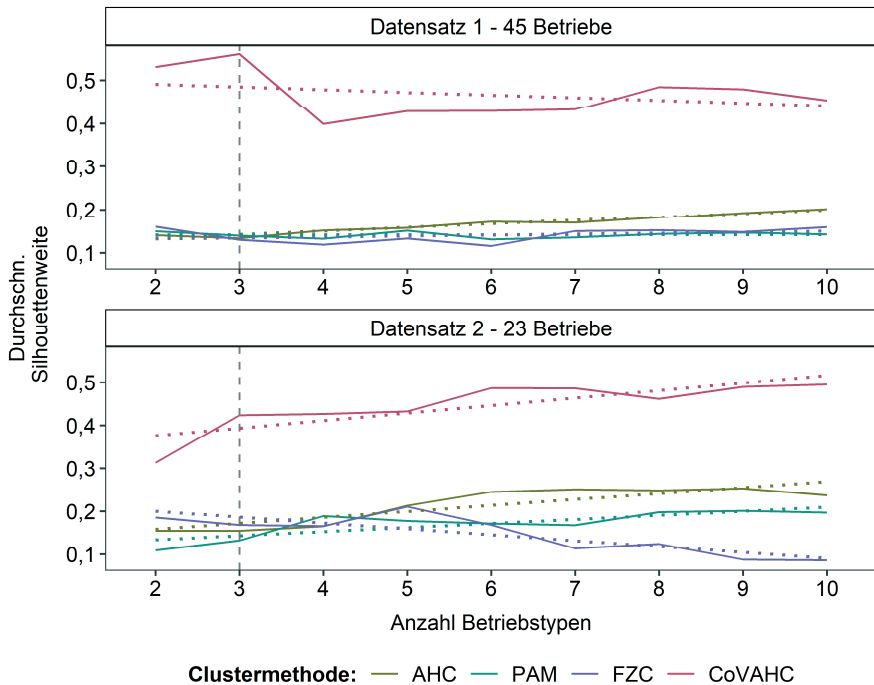


Abbildung 17: Durchschnittliche Silhouettenweite (dSW) der verschiedenen Clustermethoden bei unterschiedlicher Anzahl zu bildender Betriebstypen für den Datensatz 1, welcher alle charakterisierten Bunte Bentheimer-Betriebe enthält und für Datensatz 2, welcher nur Betriebe mit phänotypischer Leistung für Fleischqualitätsmerkmale bzw. funktionale Merkmale enthält; AHC = agglomerative hierarchische Clustering, PAM = Partitionierung um Medoide, FZC = Fuzzy Clustering, CoVAHC = Clustering von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clustering (Bildung von drei Variablenclustern  $C_k = 3$ ), gestrichelte Linien = geglätteter Mittelwert, senkrechte gestrichelte Linie = optimale bzw. verwendete (Datensatz 2) Anzahl an Betriebstypen.

### Beschreibung der gebildeten Betriebstypen

Zum Vergleich der BT werden die jeweiligen Anteile der Merkmale, mittels Fisher's Exact Test mit Freeman-Halton-Erweiterung für qualitative Merkmale und Kruskal Wallis-Test für quantitative Merkmale auf stochastische Unabhängigkeit getestet. Hierbei zeigt sich, dass insbesondere die Nähe zur einer „Metropolenregion“, die „Größe des Ortes, wo sich der Betrieb befindet“, der „Internetauftritt des Betriebes“ sowie das „ackerbauliche Potential“ und die „Leitbodenassoziation“ hochsignifikante ( $p < 0,01$ ) Unterschiede zwischen den einzelnen BT offenbaren. Des Weiteren zeigen die „mittlere jährliche Niederschlagsmenge“, die „Höhenlage“ sowie die „Entfernung zur nächstgelegenen Mittelstadt“ signifikante ( $p < 0,05$ ) Unterschiede zwischen den BT. Hingegen sind die „Zuchtbestrebungen“ sowie die „Bewirtschaftungsweise des Betriebes“, die „mittlere jährliche Temperatur“, die „Entfernung zur nächstgelegenen Kleinstadt“ sowie die „nutzbare Feldkapazität“ und die „Bodenart“ nicht signifikant unterschiedlich zwischen den gebildeten BT.

Das in Abbildung 18 gezeigte Dendrogramm veranschaulicht exemplarisch die durch CoVAHC gebildeten BT für den Datensatz 2, da in diesem Datensatz sowohl Fleisch- und Schlachtqualitätsmerkmale als auch Fruchtbarkeitsmerkmale vorlagen. Die Beschreibung der BT für Datensatz 1, kann trotz gewisser Verschiebungen der Betriebe zwischen den BT im Vergleich zu den BT aus Datensatz 2 übertragen werden. Die gebildeten BT sollen nachfolgend kurz beschrieben werden:

#### **Betriebstyp 1** (Betriebe: 4, 8, 17, 18, 20)

Die Betriebe des BT1 liegen durchschnittlich 72,4 m über NN und haben mit 734 mm den geringsten jährlichen Niederschlag. Diese Betriebe liegen vornehmlich in Ackerbauregionen, welche durch eine mittlere bis hohe nutzbare Feldkapazität sowie ein mittleres bis hohes ackerbauliches Potential gekennzeichnet sind. Der überwiegende Teil (80 %) der Betriebe wird konventionell bewirtschaftet. Ebenfalls 80 % der Betriebe sind zuchtaktiv und haben einen Internetauftritt zur Vermarktung ihrer Produkte. Die Betriebe liegen zum Teil in Metropolenregionen und sind in räumlicher Nähe einer Mittelstadt angesiedelt, wodurch die mittlere Entfernung zur Mittelstadt mit 6,3 km am kürzesten ausfällt.

#### **Betriebstyp 2** (Betriebe: 5, 11, 13, 21, 22)

Der zweite BT ist gekennzeichnet durch eine etwas höhere Lage (durchschnittlich 117,8 m über NN), die durchschnittliche Jahresniederschlagsmenge ist mit 823,6 mm höher als bei den anderen beiden BT. Die nutzbare Feldkapazität sowie das ackerbauliche Potential sind eher gering. Alle Betriebe in dem Cluster sind züchterisch aktiv und haben einen

Internetauftritt. 40 % der Betriebe werden ökologisch bewirtschaftet, was den höchsten Anteil an Biobetrieben ausmacht. Keiner der Betriebe liegt in einer ausgewiesenen Metropolenregion. Vor diesem Hintergrund ist die durchschnittliche Entfernung zur nächsten Kleinstadt (6,7 km) und zur nächstgelegenen Mittelstadt (14,8 km) verhältnismäßig kurz.

**Betriebstyp 3** (Betriebe: 1, 2, 3, 6, 7, 9, 10, 12, 14, 15, 16, 19, 23)

Die restlichen Betriebe sind dem dritten BT zugeordnet. Mit nur durchschnittlich 26,1 m über NN liegen diese Betriebe am niedrigsten. Die nutzbare Feldkapazität liegt im mittleren bis hohen Bereich, wohingegen das ackerbauliche Potential eher gering ist. Dieses ist vermutlich auf deren überwiegende Lage (85 %) in Metropolenregionen zurückzuführen. Nur knapp 8 % der Betriebe werden ökologisch bewirtschaftet und lediglich 23 % haben einen Internetauftritt. Auch ist der Anteil der zuchtaktiven Betriebe mit knapp 70 % am geringsten. Die Entfernung zur nächstgelegenen Mittelstadt ist mit 17 km relativ groß.

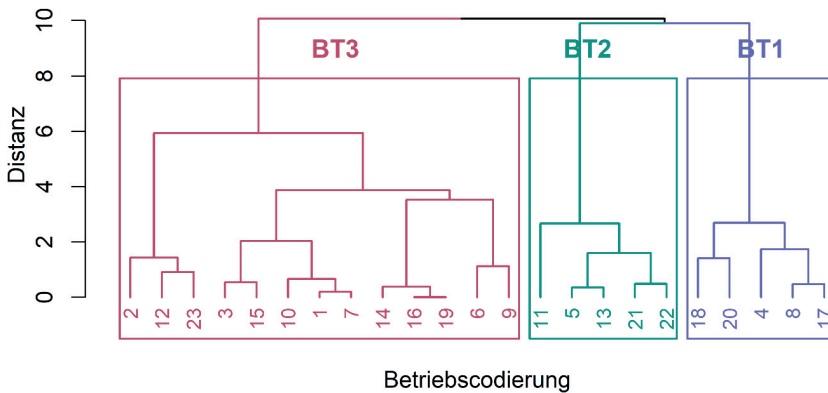


Abbildung 18: Dendrogramm der charakterisierten 21 Betriebe (Datensatz 2) mit Fleischqualitätsmerkmalen bzw. funktionalen Merkmalen, gruppiert durch eine Clustering von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clustering (CoVAHC;  $C_k = 3$ ).

#### 4.2.2 Vergleich der gebildeten Betriebstypen

Die BT lassen sich sowohl anhand der erfassten Merkmale beschreiben, als auch anhand von phänotypischen Leistungen voneinander differenzieren. Tabelle 30 zeigt die LSmeans der linearen bzw. logistischen Modellierungen (S1, S2, S3 und S4, ohne additiv-genetischen Tierereffekt) für die Merkmale der Schlacht- und Fleischqualität sowie der Fruchtbarkeit und funktionale Merkmale. Anders als in den Auswertungen innerhalb der Rinderpopulation fielen

die Unterschiede jedoch weniger deutlich aus. Der Vergleich der Merkmale zwischen den drei BT ergibt vornehmlich „nur einen Ausreißer“, welcher sich signifikant ( $p < 0,05$ ) von den anderen beiden BT unterscheidet.

Der BT3 zeigt hinsichtlich der Fleischqualitätsmerkmale Tropfsaftverlust (nach 24 h) mit 2,7 %, bei der Leitfähigkeit (nach 24 h) mit 4,5 mS/cm, bei der Scherkraft mit 9,3 kg/cm<sup>2</sup> und dem Grillsaftverlust mit 31,9 % positive Werte, wohingegen der intramuskuläre Fettgehalt mit 1,4 % signifikant geringer ist verglichen mit BT1. Die Tiere aus BT1 zeichnen sich vor allem durch den signifikant höchsten Gehalt an intramuskulärem Fett (1,7 %) aus, aber auch durch niedrige Werte in den Merkmalen Tropfsaftverlust (nach 24 h) mit 2,7 %, und Leitfähigkeit (nach 24 h) mit 4,1 mS/cm. Allerdings hat BT1 bei den Merkmalen Scherkraft (10,6 kg/cm<sup>2</sup>) sowie Grillverlust (33,9 %) signifikant höhere (unvorteilhaftere) Werte als BT2 und BT3. BT2 hat, wie auch BT3 signifikant geringere Werte bei den Merkmalen Scherkraft mit 9,8 kg/cm<sup>2</sup> und dem Merkmal Grillverlust mit 32,9 %.

Hinsichtlich der am lebenden Tier (*in vivo*) erfassten möglichen Schlachtkörperqualitäten zeichnet sich BT2 durch eine signifikant höhere Rückenspeckdicke der Tiere von 18,9 mm gegenüber den Tieren in BT1 (15,6 mm) und den Tieren in BT3 (15,2 mm) aus, wohingegen die Rückenmuskeldicke mit 65,5 mm signifikant niedriger ist als in BT1 (85,0 mm) und BT2 (89,1 mm).

Bezüglich der Fruchtbarkeitsmerkmale - lebendgeborener bzw. abgesetzter Ferkel (gesamt) zeigen die BT keine Unterschiede. Geschlechtsspezifisch betrachtet werden in BT3 durchschnittlich 0,4 (0,5) weibliche Ferkel mehr lebendgeboren (abgesetzt) im Vergleich zu BT1 und BT2. Hierbei ist die Differenz zwischen BT3 (5,1 bzw. 4,7) und BT1 (4,6 bzw. 4,2) signifikant verschieden.

Die Tiere in BT1 zeigen in der linearen Modellierung ein signifikant unruhigeres Verhalten als die Tiere in BT2 und BT3 (1,8 bzw. 2,1), wobei die Bewertung trotz allem mit 2,4 immer noch zu eher ruhigen/entspannten Tieren tendiert. Wohingegen die binäre Merkmalsdefinition mit 0,5, eher zu unruhigen/nervöseren Tieren in BT1 führt. BT3 unterscheidet sich in der linearen Modellierung signifikant von BT1, was durch die logistische Modellierung relativiert wird. BT2 hat in beiden Modellierungsvarianten die „ruhigsten Tiere“.

BT1 zeichnet sich vor allem durch positive Werte in den Merkmalen Fundament und Exterieur aus. So ist die durchschnittliche Bewertungsnote von 2,4 in der linearen Modellierung für das Fundament signifikant höher im Vergleich zu BT2 (2,1) und BT3 (2,2). Die binäre Formulierung verdeutlicht zusätzlich diesen Zusammenhang. Mit 40 % weisen die Betriebe in BT1 einen signifikant höheren Anteil an Tieren mit einer besonderen Zuchteignung für das

#### 4. Ergebnisse

Merkmal Fundament auf. Auffällig ist der sehr geringe Anteil an besonders zuchttauglichen Tieren im Merkmal Fundament in BT2 (8 %). Hinsichtlich des Merkmals Exterieur ist der Unterschied zwischen BT1 und BT2 in beiden Modellierungsansätzen nicht signifikant.

Tabelle 30: Least Square Means und Standardfehler für Merkmale der Schlacht- und Fleischqualität sowie der Fruchtbarkeit und funktionale Merkmale (linear und logistische Modellierung) innerhalb der drei Betriebstypen unter Verwendung der Clustering von Variablen kombiniert mit einer agglomerativen hierarchischen Clustering (CoVAHC).

<b>Merkmal</b>	<b>Einheit</b>	<b>Betriebstyp 1 (n = 5)</b>	<b>Betriebstyp 2 (n = 5)</b>	<b>Betriebstyp 3 (n = 13)</b>
<i><u>Fleischqualitätsmerkmal (post mortem):</u></i>				
Intramuskulärer Fettgehalt	[%]	1,74 ± 0,04 <sup>b</sup>	1,36 ± 0,08 <sup>a</sup>	1,39 ± 0,05 <sup>a</sup>
Tropfsaftverlust (nach 24 h)	[%]	2,66 ± 0,16 <sup>a</sup>	4,71 ± 0,31 <sup>b</sup>	2,73 ± 0,21 <sup>a</sup>
Leitfähigkeit (nach 24 h)	[mS/cm]	4,11 ± 0,20 <sup>a</sup>	6,45 ± 0,40 <sup>b</sup>	4,53 ± 0,25 <sup>a</sup>
Scherkraft	[kg/cm <sup>2</sup> ]	10,63 ± 0,16 <sup>b</sup>	9,75 ± 0,33 <sup>a</sup>	9,27 ± 0,21 <sup>a</sup>
Grillverlust	[%]	33,93 ± 0,19 <sup>b</sup>	32,87 ± 0,37 <sup>a</sup>	31,91 ± 0,24 <sup>a</sup>
<i><u>Schlachtkörpermerkmale am lebendem Tier (in vivo):</u></i>				
Rückenspeckdicke	[mm]	15,58 ± 0,42 <sup>a</sup>	18,92 ± 0,88 <sup>b</sup>	15,19 ± 0,61 <sup>a</sup>
Rückenmuskeldicke	[mm]	84,95 ± 2,73 <sup>b</sup>	63,53 ± 5,65 <sup>a</sup>	89,06 ± 3,99 <sup>b</sup>
<i><u>Fruchtbarkeitsmerkmale:</u></i>				
Anzahl lebendgeborener Ferkel (gesamt)	-	9,11 ± 0,31 <sup>a</sup>	9,42 ± 0,38 <sup>a</sup>	9,49 ± 0,45 <sup>a</sup>
- Männlich	-	4,71 ± 0,21 <sup>a</sup>	4,87 ± 0,25 <sup>a</sup>	4,63 ± 0,28 <sup>a</sup>
- Weiblich	-	4,58 ± 0,22 <sup>a</sup>	4,69 ± 0,25 <sup>ab</sup>	5,05 ± 0,29 <sup>b</sup>
Anzahl abgesetzter Ferkel (gesamt)	-	8,39 ± 0,29 <sup>a</sup>	8,81 ± 0,36 <sup>a</sup>	8,90 ± 0,42 <sup>a</sup>
- Männlich	-	4,36 ± 0,20 <sup>a</sup>	4,57 ± 0,24 <sup>a</sup>	4,40 ± 0,27 <sup>a</sup>
- Weiblich	-	4,23 ± 0,21 <sup>a</sup>	4,38 ± 0,24 <sup>ab</sup>	4,69 ± 0,27 <sup>b</sup>
<i><u>Funktionale Merkmale (linear):</u></i>				
Verhalten	-	2,42 ± 0,06 <sup>b</sup>	1,84 ± 0,15 <sup>a</sup>	2,12 ± 0,09 <sup>a</sup>
Fundament	-	2,40 ± 0,02 <sup>b</sup>	2,05 ± 0,06 <sup>a</sup>	2,21 ± 0,04 <sup>a</sup>
Exterieur	-	2,35 ± 0,02 <sup>b</sup>	2,27 ± 0,06 <sup>ab</sup>	2,19 ± 0,04 <sup>a</sup>
<i><u>Funktionale Merkmale (logistisch):</u></i>				
Verhalten	-	0,45 ± 0,03 <sup>b</sup>	0,21 ± 0,06 <sup>a</sup>	0,33 ± 0,04 <sup>ab</sup>
Fundament	-	0,40 ± 0,03 <sup>c</sup>	0,08 ± 0,03 <sup>a</sup>	0,26 ± 0,04 <sup>b</sup>
Exterieur	-	0,34 ± 0,03 <sup>b</sup>	0,22 ± 0,06 <sup>ab</sup>	0,15 ± 0,03 <sup>a</sup>

### 4.2.3 Varianzkomponentenschätzung und Heritabilitäten

Die in Kapitel 3.5 vorgestellten Modellierungen werden zur Schätzung der Varianzkomponenten und Heritabilitäten unter Berücksichtigung des Betriebs- bzw. des BT-Effektes verwendet. In Tabelle 31 sind die Ergebnisse für eine Auswahl der analysierten Merkmale dargestellt (restliche Merkmale im Anhang Tabelle 6). Insgesamt lassen sich analoge Ergebnisse bzgl. der Veränderungen der Varianzkomponenten beobachten wie in der Rinderpopulation (Kapitel 4.1.4).

Die Verwendung des BT-Effektes in der Modellierung (Modell S1) führt überwiegend zu einer Steigerung der Heritabilitäten gegenüber der klassischen Modellierung mit Betriebseffekt. Die Zunahme der Heritabilität für die Fleischqualitätsmerkmale liegen für die BT-Variante im moderaten Bereich, z.B. für Tropfsaftverlust (nach 24 h) auf  $h^2 = 0,47$  oder für die Scherkraft auf  $h^2 = 0,35$ . Hingegen gibt es für das Merkmal Rückenspeckanteil (*in vivo*) eine deutliche Steigerung der Heritabilität von  $h^2 = 0,03$  (Betriebseffekt) auf  $h^2 = 0,20$  (BT-Effekt). Hinsichtlich funktionaler Merkmale zeigt sich ebenfalls für die Modellierung mit BT-Effekt eine höhere Heritabilität sowohl in den linearen Modellen (Modell S3) als auch in den Schwellenwertmodellen (Modell S4). Hierbei sei speziell auf die deutlich höheren Erblichkeiten für das Verhalten in der linearen (Betriebseffekt:  $h^2 = 0,38$ , BT-Effekt:  $h^2 = 0,43$ ) gegenüber der logistischen Modellierung (Betriebseffekt:  $h^2 = 0,13$ , BT-Effekt:  $h^2 = 0,18$ ) verwiesen.

Anhand des Ratio-Wertes zur Beurteilung der Anpassungsgüte lässt sich überwiegend eine Verbesserung infolge der Nutzung des BT erkennen. So reduziert sich bspw. der Ratio-Wert für die Rückenspeckdicke (*post mortem*) von Ratio = 0,51 (Betrieb) auf Ratio = 0,47 (BT) bzw. *in vivo* von Ratio = 0,83 (Betrieb) auf Ratio = 0,66 (BT) oder für das Merkmal Verhalten im linearen Modell von Ratio = 0,62 (Betrieb) auf Ratio = 0,57 (BT) bzw. im Schwellenwertmodell von Ratio = 0,87 (Betrieb) auf Ratio = 0,82 (BT). Lediglich für das Merkmal Exterieur ist eine Verschlechterung der Anpassungsgüte durch den BT zu verzeichnen, wobei die generell niedrige Anpassungsgüte des Modells für das Merkmal zu berücksichtigen ist.

Analog zu den Berechnungen in der Rinderpopulation, ist auch hier eine deutliche Zunahme der additiv-genetischen Varianz zu verzeichnen, wohingegen die Restvarianzen auf einem ähnlichen Niveau, mit Tendenz zur Abnahme, verbleiben. So zeigt sich für das Merkmal intramuskulärer Fettgehalt (Modell S1) ein Anstieg von  $\sigma_a^2 = 0,19$  (Betrieb) auf  $\sigma_a^2 = 0,25$  (BT) bzw. eine leichte Reduktion der Restvarianz von  $\sigma_e^2 = 0,02$  (Betrieb) auf  $\sigma_e^2 = 0,00$  (BT) oder

#### 4. Ergebnisse

für die Rückenspeckdicke (Modell S1, *post mortem*) eine Veränderung von  $\sigma_a^2 = 0,03$  (Betrieb) zu  $\sigma_a^2 = 0,24$  (BT) bzw.  $\sigma_e^2 = 0,87$  (Betrieb) zu  $\sigma_e^2 = 0,78$  (BT).

Verglichen mit den Berechnungen innerhalb der Rinderpopulation fallen insbesondere die Schwankungen der permanenten Umweltvarianz auf. Die Verwendung des BT führt in der Schweinepopulation zu einer Zunahme dieser. Beim intramuskulären Fettgehalt bspw. (Modell S1) steigt die permanente Umweltvarianz von  $\sigma_{pU}^2 = 0,04$  (Betrieb) auf  $\sigma_{pU}^2 = 0,13$  (BT) oder bei der Rückenspeckdicke (Modell S1, *post mortem*) von  $\sigma_{pU}^2 = 0,11$  (Betrieb) auf  $\sigma_{pU}^2 = 0,56$  (BT). Die permanente Umweltvarianz für die funktionalen Merkmale liegt nahe Null.

Tabelle 31: Varianzkomponenten ( $\sigma_a^2$  = additiv-genetische Varianz,  $\sigma_{pU}^2$  = permanente Umweltvarianz,  $\sigma_e^2$  = Restvarianz), Heritabilität ( $h^2$ ) sowie das Verhältnis Restvarianz zur Gesamtvarianz (Ratio) für Schlacht- und Fleischqualitätsmerkmale sowie funktionale Merkmale (linear und logistisch), stratifiziert nach dem Modelleffekt Betrieb bzw. Betriebstyp (zugehörige Standardfehler in Klammern).

Merkmal	Modelleffekt	Genetische Parameter				
		$\sigma_a^2$	$\sigma_{pU}^2$	$\sigma_e^2$	$h^2$	Ratio
<u>Fleischqualitätsmerkmale (post mortem):</u>						
Intramuskuläres Fett	Betrieb	0,19 (0,04)	0,04 (0,01)	0,02 (0,02)	0,78 (0,11)	0,07
	Betriebstyp	0,25 (0,04)	0,13 (0,02)	0,00 (0,02)	0,65 (0,08)	0,00
Rückenmuskel- dicke	Betrieb	5,87 (2,36)	1,31 (0,86)	8,30 (1,68)	0,38 (0,13)	0,54
	Betriebstyp	6,44 (2,50)	1,81 (0,99)	8,31 (1,77)	0,39 (0,13)	0,50
Rückenspeck- dicke	Betrieb	9,12 (3,14)	0,11 (0,83)	9,69 (2,18)	0,48 (0,14)	0,51
	Betriebstyp	10,27 (3,32)	0,56 (0,98)	9,52 (2,27)	0,50 (0,13)	0,47
Tropfsaftverlust (nach 24 h)	Betrieb	2,20 (0,83)	0,00 (0,19)	3,37 (0,55)	0,39 (0,13)	0,61
	Betriebstyp	2,73 (0,84)	0,00 (0,20)	3,14 (0,56)	0,47 (0,12)	0,53
Leitfähigkeit (nach 24 h)	Betrieb	4,47 (1,24)	0,43 (0,31)	2,28 (0,77)	0,62 (0,13)	0,32
	Betriebstyp	5,80 (1,32)	0,45 (0,32)	1,69 (0,79)	0,73 (0,12)	0,21
Scherkraft	Betrieb	1,81 (0,78)	0,52 (0,28)	3,44 (0,53)	0,31 (0,12)	0,60
	Betriebstyp	2,13 (0,77)	0,55 (0,28)	3,33 (0,52)	0,35 (0,11)	0,55
Grillverlust	Betrieb	5,34 (1,38)	0,54 (0,35)	3,06 (0,84)	0,60 (0,12)	0,34
	Betriebstyp	6,85 (1,60)	0,44 (0,35)	2,67 (0,96)	0,69 (0,12)	0,27
<u>Schlachtkörpermerkmale am lebendem Tier (in vivo):</u>						
Rückenmuskel- dicke	Betrieb	4,05 (2,61)	3,84 (1,08)	9,47 (1,41)	0,23 (0,14)	0,55
	Betriebstyp	5,71 (2,92)	4,94 (1,25)	8,86 (1,52)	0,29 (0,13)	0,45
Rückenspeck- dicke	Betrieb	0,03 (0,11)	0,15 (0,06)	0,87 (0,08)	0,03 (0,10)	0,83
	Betriebstyp	0,24 (0,15)	0,17 (0,07)	0,78 (0,10)	0,20 (0,12)	0,66
<u>Funktionale Merkmale (linear):</u>						
Verhalten	Betrieb	0,45 (0,19)	-	0,74 (0,13)	0,38 (0,13)	0,62
	Betriebstyp	0,54 (0,19)	-	0,72 (0,13)	0,43 (0,12)	0,57

#### 4. Ergebnisse

Tabelle 31 (Fortsetzung): Varianzkomponenten ( $\sigma_a^2$  = additiv-genetische Varianz,  $\sigma_{pU}^2$  = permanente Umweltvarianz,  $\sigma_e^2$  = Restvarianz), Heritabilität ( $h^2$ ) sowie das Verhältnis Restvarianz zur Gesamtvarianz (Ratio) für Schlacht- und Fleischqualitätsmerkmale sowie funktionale Merkmale (linear und logistisch), stratifiziert nach dem Modelleffekt Betrieb bzw. Betriebstyp (zugehörige Standardfehler in Klammern).

Merkmal	Modelleffekt	Genetische Parameter				
		$\sigma_a^2$	$\sigma_{pU}^2$	$\sigma_e^2$	$h^2$	Ratio
<i>Funktionale Merkmale (linear):</i>						
Fundament	Betrieb	0,03 (0,03)	-	0,21 (0,02)	0,13 (0,11)	0,87
	Betriebstyp	0,00 (0,02)	-	0,25 (0,02)	0,00 (0,07)	1,00
Exterieur	Betriebstyp	0,04 (0,02)	-	0,20 (0,02)	0,17 (0,09)	0,83
	Betrieb	0,00 (0,02)	-	0,24 (0,02)	0,02 (0,08)	0,98
<i>Funktionale Merkmale (logistisch):</i>						
Verhalten	Betrieb	0,47 (0,37)	-	3,29 (0,00)	0,13 (0,09)	0,87
	Betriebstyp	0,73 (0,32)	-	3,29 (0,00)	0,18 (0,06)	0,82
Fundament	Betrieb	0,35 (0,30)	-	3,29 (0,00)	0,10 (0,08)	0,90
	Betriebstyp	0,45 (0,26)	-	3,29 (0,00)	0,12 (0,06)	0,88
Exterieur	Betrieb	0,14 (0,28)	-	3,29 (0,00)	0,04 (0,08)	0,96
	Betriebstyp	0,00 (0,18)	-	3,29 (0,00)	0,00 (0,06)	1,00

Für die analysierten Furchtbarkeitsmerkmale (Modell S2) - lebendgeborene bzw. abgesetzte Ferkel zeigt die BT-Variante gegenüber der klassischen Betriebsvariante Vorteile (Tabelle 32). Die Heritabilität nimmt durch die Verwendung des BT-Effektes für beide Merkmale zu und steigt jeweils auf  $h^2 = 0,23$  von  $h^2 = 0,19$  (lebendgeborene Ferkel) bzw.  $h^2 = 0,21$  (abgesetzte Ferkel).

Auch bei den Fruchtbarkeitsmerkmalen reduziert sich der Ratio-Wert infolge der Berücksichtigung des BT-Effekts, für das Merkmal lebendgeborene Ferkel von Ratio = 0,78 (Betrieb) auf Ratio = 0,75 (BT) bzw. für das Merkmal abgesetzte Ferkel von Ratio = 0,75 (Betrieb) auf Ratio = 0,71 (BT).

Bei beiden Merkmalen steigt die additiv-genetische Varianz, für die Anzahl lebendgeborener Ferkel von  $\sigma_a^2 = 0,97$  auf  $\sigma_a^2 = 1,25$  und für die Anzahl abgesetzter Ferkel von  $\sigma_a^2 = 1,08$  auf  $\sigma_a^2 = 1,26$ . Hingegen bleibt die Restvarianz nahezu unverändert.

#### 4. Ergebnisse

Tabelle 32: Varianzkomponenten ( $\sigma_a^2$  = additiv-genetische Varianz,  $\sigma_{pU}^2$  = permanente Umweltvarianz,  $\sigma_v^2$  = Ebervarianz,  $\sigma_e^2$  = Restvarianz), Heritabilität ( $h^2$ ) sowie das Verhältnis Restvarianz zur Gesamtvarianz (Ratio) für Fruchtbarkeitsmerkmale, stratifiziert nach dem Modelleffekt Betrieb bzw. Betriebstyp (zugehörige Standardfehler in Klammern).

Merkmal	Modelleffekt	Genetische Parameter					
		$\sigma_a^2$	$\sigma_{pU}^2$	$\sigma_v^2$	$\sigma_e^2$	$h^2$	Ratio
<i>Fruchtbarkeitsmerkmale:</i>							
Lebendgeborene	Betrieb	0,98 (0,35)	0,00 (0,11)	0,19 (0,21)	4,07 (0,17)	0,19 (0,06)	0,78
Ferkel	Betriebstyp	1,25 (0,34)	0,01 (0,10)	0,09 (0,19)	4,08 (0,17)	0,23 (0,06)	0,75
Abgesetzte	Betrieb	1,08 (0,39)	0,02 (0,10)	0,21 (0,22)	3,95 (0,17)	0,21 (0,07)	0,75
Ferkel	Betriebstyp	1,26 (0,37)	0,06 (0,11)	0,13 (0,21)	3,94 (0,16)	0,23 (0,06)	0,73

Rückenmuskel- und Rückenspeckdicke beeinflussen sich gegenseitig in deren Ausprägungen, sodass zur Analyse der genetischen Kovarianzen sowie der phänotypischen und genetischen Korrelationen bivariate Rechenläufe (Modell S5) zur Anwendung kamen. Physiologisch bedingt ist ein hoher Muskelfleischanteil negativ mit einem hohen Speckanteil korreliert (Tabelle 33). Generell sei anzumerken, dass beide Modellierungsvarianten zu einer analogen Aussage kommen. Phänotypisch und genotypisch zeigen beide Merkmale sehr starke Korrelationen, wenn diese im selben Stadium erfasst wurden (*in vivo* vs. *post mortem*). Für zuchtplanerische Entscheidungen sind insbesondere hohe genetische Korrelationen zwischen Merkmalen am lebenden und geschlachteten Tier von Bedeutung. Hierbei zeigen Muskelfleisch- bzw. Speckanteil *in vivo* und *post mortem* in beiden Modellierungen Korrelationen von deutlich über  $r_g = 0,9$ .

Tabelle 33: Genetische (oben) und phänotypische (unten) Korrelationen der *in vivo* (*i.v.*) erfassten Merkmale (Rückenmuskeldicke = Muskel bzw. Rückenspeckdicke = Speck) mit den korrespondierenden *post mortem* (*p.m.*) erfassten Merkmalen.

Betrieb				Merkmal	Betriebstyp			
Muskel ( <i>i.v.</i> )	Muskel ( <i>p.m.</i> )	Speck ( <i>i.v.</i> )	Speck ( <i>p.m.</i> )		Muskel ( <i>i.v.</i> )	Muskel ( <i>p.m.</i> )	Speck ( <i>i.v.</i> )	Speck ( <i>p.m.</i> )
	0,990	-0,999	-0,983	$r_g$ Muskel ( <i>i.v.</i> )		0,974	-0,997	-0,942
0,494		-0,813	-	Muskel ( <i>p.m.</i> )	0,517		-0,920	-0,996
-0,980	-0,487		0,980	Speck ( <i>i.v.</i> )	-0,979	-0,550		0,960
-0,534	-	0,517		Speck ( <i>p.m.</i> )	-0,523	-0,923	0,514	

#### 4.2.4 Vergleich der Zuchtwertschätzung zwischen konventioneller und neukonzipierter Modellierung

Basierend auf den genetisch-statistischen Modellierungen sind in Tabelle 34 die geschätzten ZW (als Naturalzuchtwert) sowie deren Genauigkeiten (R) zum einen für die GP und zum anderen für die Eberpopulation (EP) für ausgewählte Merkmale zusammengefasst (restliche Merkmale im Anhang Tabelle 7). Analog zur Varianzkomponenten- und Heritabilitätsschätzung unterscheiden sich die Modelle hinsichtlich des Betriebs- bzw. BT-Effektes. Zur Evaluation der Modellierung wird die Differenz der Genauigkeiten genutzt, wobei die Genauigkeit der BT-Variante den Minuenden widerspiegelt.

Grundsätzlich lässt sich feststellen, dass die Berücksichtigung des BT in der Modellierung bei allen Merkmalen (außer Exterieur) zu einer Erhöhung der Genauigkeiten der geschätzten ZW beigetragen hat. Erwartungsgemäß sind die Genauigkeiten in der EP höher als in der GP.

Der Effekt der BT-Modellierung (Modell S1) variiert je nach Merkmal relativ stark. Ist der Zugewinn an Genauigkeit ( $\Delta R$ ) bei den Merkmalen Rückenmuskeldicke (*post mortem*) und Rückenspeckdicke (*post mortem*) mit  $\Delta R = 0,93\%$  (GP) und  $\Delta R = 1,91\%$  (EP) bzw.  $\Delta R = 0,65\%$  (GP) und  $\Delta R = 2,10\%$  (EP) relativ gering, liegen die Zuwächse an Genauigkeit bei den restlichen Merkmalen (Modell S2, S3 und S4) zum Teil deutlich über  $\Delta R \geq 3,0\%$  (außer Exterieur). So wird durch die Verwendung des BT z.B. für den intramuskulären Fettgehalt eine Steigerung von  $\Delta R = 5,61\%$  (Modell S1 - GP) bzw.  $\Delta R = 7,42\%$  (Modell S1 - EP), für die Leitfähigkeit (nach 24 h) von  $\Delta R = 5,45\%$  (Modell S1 - GP) bzw.  $\Delta R = 7,73\%$  (Modell S1 - EP), für Grillverlust von  $\Delta R = 5,34\%$  (Modell S1 - GP) bzw.  $\Delta R = 8,13\%$  (Modell S1 - EP) oder für die Anzahl abgesetzte Ferkel von  $\Delta R = 6,19\%$  (Modell S2 - GP) bzw.  $\Delta R = 5,96\%$  (Modell S2 - EP) erreicht. Besonders hohe Genauigkeitssteigerungen werden für die Merkmale Rückenspeckdicke (*in vivo*) mit  $\Delta R = 19,98\%$  (Modell S1 - GP) bzw.  $\Delta R = 39,13\%$  (Modell S1 - EP), für das Verhalten in der EP von  $\Delta R = 18,72\%$  (Modell S3 - linear) bzw.  $\Delta R = 18,42\%$  (Modell S4 - logistisch), für das Fundament (Modell S3 - linear) mit  $\Delta R = 10,99\%$  (GP) bzw.  $\Delta R = 22,25\%$  (EP) sowie für die Anzahl lebendgeborener Ferkel (Modell S2) von  $\Delta R = 8,02\%$  (GP) bzw.  $\Delta R = 10,50\%$  (EP) erzielt.

#### 4. Ergebnisse

Tabelle 34: Zuchtwerte (ZW, als Naturalzuchtwert) und deren Genauigkeiten (R) für Schlacht- und Fleischqualitätsmerkmale sowie funktionale Merkmale (linear und logistisch) und Fruchtbarkeitsmerkmale für die Gesamtpopulation sowie die Eberpopulation, stratifiziert nach dem Modelleffekt Betrieb bzw. Betriebstyp (zugehörige Standardfehler in Klammern). Die Differenz der Zuchtwertgenauigkeiten ( $\Delta R$ ) ergibt sich aus der Differenz zwischen Betriebs- und Betriebstypvariante.

Merkmal	Modell- effekt	Zuchtwert Parameter					
		Gesamtpopulation			Eberpopulation		
		ZW	R	$\Delta R$	ZW	R	$\Delta R$
<i><u>Fleischqualitätsmerkmale (post mortem):</u></i>							
Intramuskuläres Fett	Betrieb	0,16 (0,22)	0,30 (0,29)		0,27 (0,30)	0,36 (0,20)	
	Betriebstyp	1,27 (0,51)	0,36 (0,31)	5,61 %	1,66 (0,29)	0,44 (0,21)	7,42 %
Rückenmuskeldicke	Betrieb	0,45 (0,86)	0,15 (0,19)		0,63 (0,93)	0,20 (0,17)	
	Betriebstyp	0,13 (0,88)	0,16 (0,20)	0,93 %	0,16 (0,95)	0,22 (0,20)	1,91 %
Rückenspeckdicke	Betrieb	-0,22 (1,09)	0,21 (0,22)		-0,35 (1,14)	0,30 (0,20)	
	Betriebstyp	0,02 (1,20)	0,22 (0,23)	0,65 %	-0,13 (1,35)	0,32 (0,21)	2,10 %
Tropfsaft (nach 24 h)	Betrieb	0,10 (0,57)	0,24 (0,20)		0,26 (0,73)	0,33 (0,19)	
	Betriebstyp	0,27 (0,71)	0,28 (0,22)	4,42 %	0,47 (0,74)	0,41 (0,21)	7,53 %
Leitfähigkeit (nach 24 h)	Betrieb	0,61 (0,84)	0,26 (0,23)		0,94 (0,86)	0,35 (0,20)	
	Betriebstyp	0,56 (1,09)	0,31 (0,27)	5,45 %	0,90 (1,06)	0,42 (0,21)	7,73 %
Scherkraft	Betrieb	-0,02 (0,50)	0,16 (0,17)		-0,06 (0,65)	0,22 (0,17)	
	Betriebstyp	0,18 (0,64)	0,19 (0,19)	3,56 %	0,25 (0,89)	0,29 (0,19)	6,22 %
Grillverlust	Betrieb	-0,07 (1,06)	0,26 (0,23)		-0,35 (1,15)	0,35 (0,20)	
	Betriebstyp	0,14 (1,11)	0,31 (0,26)	5,34 %	0,06 (1,17)	0,43 (0,21)	8,13 %
<i><u>Schlachtkörpermerkmale am lebendem Tiere (in vivo):</u></i>							
Rückenmuskeldicke	Betrieb	0,25 (0,67)	0,33 (0,25)		0,15 (1,12)	0,48 (0,14)	
	Betriebstyp	0,47 (0,89)	0,39 (0,25)	6,46 %	0,39 (1,43)	0,57 (0,13)	9,44 %
Rückenspeckdicke	Betrieb	0,04 (0,03)	0,08 (0,25)		0,05 (0,03)	0,01 (0,05)	
	Betriebstyp	0,17 (0,17)	0,28 (0,26)	19,98 %	0,24 (0,21)	0,40 (0,17)	39,13 %
<i><u>Funktionale Merkmale (linear):</u></i>							
Verhalten	Betrieb	-0,05 (0,22)	0,41 (0,24)		-0,05 (0,22)	0,41 (0,24)	
	Betriebstyp	0,09 (0,27)	0,47 (0,25)	5,90 %	0,22 (0,34)	0,59 (0,16)	18,72 %
Fundament	Betrieb	0,04 (0,04)	0,29 (0,24)		0,04 (0,04)	0,29 (0,24)	
	Betriebstyp	0,09 (0,08)	0,40 (0,23)	10,99 %	0,12 (0,09)	0,51 (0,15)	22,25 %
Exterieur	Betrieb	0,01 (0,01)	0,08 (0,26)		0,01 (0,01)	0,08 (0,26)	
	Betriebstyp	0,00 (0,00)	0,07 (0,26)	-1,40 %	0,00 (0,00)	0,00 (0,00)	-8,49 %
<i><u>Funktionale Merkmale (logistisch):</u></i>							
Verhalten	Betrieb	0,14 (0,20)	0,26 (0,15)		0,14 (0,20)	0,26 (0,15)	
	Betriebstyp	0,26 (0,33)	0,35 (0,24)	8,60 %	0,41 (0,44)	0,45 (0,16)	18,42 %
Fundament	Betrieb	0,27 (0,15)	0,27 (0,14)		0,27 (0,15)	0,27 (0,14)	
	Betriebstyp	0,33 (0,24)	0,33 (0,24)	5,69 %	0,47 (0,29)	0,42 (0,15)	14,92 %
Exterieur	Betrieb	0,02 (0,07)	0,09 (0,11)		0,02 (0,07)	0,09 (0,11)	
	Betriebstyp	0,00 (0,00)	0,07 (0,25)	-2,73 %	0,00 (0,00)	0,00 (0,00)	-9,48 %

Tabelle 34 (Fortsetzung): Zuchtwerte (ZW, als Naturalzuchtwert) und deren Genauigkeiten (R) für Schlacht- und Fleischqualitätsmerkmale sowie funktionale Merkmale (linear und logistisch) und Fruchtbarkeitsmerkmale für die Gesamtpopulation sowie die Eberpopulation, stratifiziert nach dem Modelleffekt Betrieb bzw. Betriebstyp (zugehörige Standardfehler in Klammern). Die Differenz der Zuchtwertgenauigkeiten ( $\Delta R$ ) ergibt sich aus der Differenz zwischen Betriebs- und Betriebstypvariante

Merkmal	Modell- effekt	Zuchtwert Parameter					
		Gesamtpopulation			Eberpopulation		
		ZW	R	$\Delta R$	ZW	R	$\Delta R$
<i>Fruchtbarkeitsmerkmale:</i>							
Lebendgeborene	Betrieb	-0,41 (0,33)	0,19 (0,21)		-0,38 (0,42)	0,36 (0,20)	
Ferkel	Betriebstyp	-0,63 (0,43)	0,27 (0,24)	8,02 %	-0,61 (0,53)	0,47 (0,20)	10,50 %
Abgesetzte	Betrieb	-0,37 (0,35)	0,20 (0,22)		-0,33 (0,44)	0,38 (0,20)	
Ferkel	Betriebstyp	-0,55 (0,43)	0,26 (0,23)	6,19 %	-0,48 (0,55)	0,44 (0,20)	5,96 %

#### 4.2.5 Populationsstruktur

Die Resultate der populationsgenetischen Analysen sind in Tabelle 35 dargestellt. Hierbei wurde für die Berechnung der effektiven Töchterzahl als ZGG der Betrieb bzw. der BT verwendet.

Hinsichtlich der eingesetzten Eber (= Eber mit Töchterleistung) zeigen sich deutliche Unterschiede zwischen den Einzelbetrieben und den BT. Werden in den Einzelbetrieben im Untersuchungszeitraum durchschnittlich 7,3 Eber pro Betrieb (2 bis 42 Eber) eingesetzt, sind es in den BT durchschnittlich 62,0 Eber pro BT (12 bis 147 Eber). Dies hat entsprechend auch einen Einfluss auf die effektive Töchterzahl, die im Mittel in den BT mit 21,8 fast doppelt so hoch ist wie der gemittelte Wert der Einzelbetriebe mit 11,1. Zwar gibt es bei den Einzelbetrieben auch Betriebe, welche ähnlich hohe effektive Töchterzahlen (z.B. Betrieb 5, 11, 14, 19, 23, 40) haben wie die BT, allerdings hat der überwiegende Teil effektive Töchterzahlen von unter 10.

Im Pedigree zeigt sich, dass generell eine hohe Vollständigkeit von 92 % besteht, was durchschnittlich 4,4 vollständige Generationen (0 bis 8 Generationen) pro Tier entspricht. Durch die Voraussetzung, dass nur Tiere berücksichtigt werden, bei denen das Pedigree zu 90 % vollständig ist, erhöhte sich die Vollständigkeit „nur“ um 0,5 Generationen auf 4,9 Generationen (2 bis 8 Generationen) pro Tier und einer Gesamtvollständigkeit von 99,5 %. Der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient innerhalb der Betriebe bzw. innerhalb der BT ( $F = 12,6\%$  bzw.  $F = 11,9\%$ ) sowie die durchschnittliche Verwandtschaft mit  $R_{xy} = 29,8\%$  bzw.  $R_{xy} = 44,6\%$  ist in der BB-Population generell hoch (Tabelle 35). In den BT gibt es zwischen den drei BT nur geringe Streuungen von Inzuchtkoeffizient (BT3:  $F = 12,3\%$  bis BT2:  $F = 12,9\%$ ) und Verwandtschaft (BT3:  $R_{xy} = 23,1\%$  bis BT2:  $R_{xy} = 36,3\%$ ),

#### 4. Ergebnisse

wohingegen die Streuungen in den Einzelbetrieben deutlich größer sind, mit  $F = 9,2\%$  (Betrieb 38 und 42) bis zu  $F = 15,5\%$  (Betrieb 40) und  $R_{xy} = 24,2\%$  (Betrieb 40) bis zu  $R_{xy} = 68,3\%$  (Betrieb 45).

Tabelle 35: Effektive Töchterzahl (Standardfehler), Anzahl Eber mit/ohne Töchterinformationen bezogen auf Fruchtbarkeitsmerkmale, Inzuchtkoeffizient (Inzucht; F) und mittlere Verwandtschaft ( $R_{xy}$ ) der Tiere innerhalb der einzelnen Betriebe bzw. Betriebstypen.

Betriebstyp	Effektive Töchterzahl	Eber		Inzucht (F)	Verwandtschaft ( $R_{xy}$ )
		Mit Töchterleistung	Ohne Töchterleistung		
1	20,0 (3,7)	27	151	12,5 %	30,1 %
2	22,4 (5,9)	12	166	12,9 %	36,3 %
3	23,1 (2,1)	147	31	12,3 %	23,1 %
Mittelwert	21,8	62,0	116,0	12,6 %	29,8 %
<b>Betrieb</b>					
1	14,5 (2,9)	8	170	12,6 %	32,2 %
3	11,8 (2,8)	17	161	12,6 %	32,6 %
4	10,3 (0,0)	2	176	11,4 %	50,5 %
5	21,9 (4,8)	9	169	13,5 %	37,8 %
6	9,5 (2,0)	25	153	12,5 %	33,2 %
7	15,6 (4,5)	5	173	11,8 %	43,6 %
10	4,9 (1,1)	3	175	11,8 %	53,1 %
11	19,8 (6,1)	9	169	13,5 %	41,3 %
12	12,4 (3,9)	5	173	11,5 %	39,9 %
14	21,8 (6,2)	4	174	12,8 %	47,6 %
15	11,2 (3,3)	6	172	12,7 %	47,0 %
16	7,8 (1,1)	4	174	11,6 %	43,6 %
18	3,2 (0,6)	3	175	9,9 %	51,9 %
19	19,6 (4,7)	9	169	11,7 %	34,7 %
23	33,5 (8,2)	13	165	12,6 %	34,2 %
24	2,9 (0,0)	2	176	11,0 %	64,3 %
25	5,5 (0,0)	2	176	11,9 %	51,3 %
26	2,5 (0,5)	4	174	10,7 %	48,3 %
27	6,1 (1,5)	4	174	9,4 %	37,3 %
28	13,0 (3,1)	3	175	11,2 %	50,4 %
31	1,7 (0,0)	2	176	11,9 %	56,9 %
34	1,0 (0,0)	2	176	11,7 %	64,2 %
35	15,0 (4,7)	8	170	12,6 %	38,8 %

Tabelle 35 (Fortsetzung): Effektive Töchterzahl (Standardfehler), Anzahl Eber mit/ohne Töchterinformationen bezogen auf Fruchtbarkeitsmerkmale, Inzuchtkoeffizient (Inzucht; F) und mittlere Verwandtschaft ( $R_{xy}$ ) der Tiere innerhalb der einzelnen Betriebe bzw. Betriebstypen.

Betrieb	Effektive Töchterzahl	Eber		Inzucht (F)	Verwandtschaft ( $R_{xy}$ )
		Mit Töchterleistung	Ohne Töchterleistung		
36	6,4 (0,8)	5	173	13,0 %	45,3 %
37	7,9 (1,7)	3	175	12,4 %	45,8 %
38	15,1 (4,5)	13	165	9,2 %	31,4 %
40	20,5 (3,2)	42	136	15,6 %	24,2 %
42	14,3 (4,3)	5	173	9,2 %	39,5 %
43	7,6 (1,9)	4	174	12,5 %	43,6 %
44	4,1 (1,1)	4	174	13,4 %	50,8 %
45	3,2 (0,0)	2	176	11,2 %	68,3 %
Mittelwert	11,1	7,3	170,7	11,9 %	44,6 %

#### 4.2.6 Genotyp-Umwelt-Interaktion

Inwieweit zwischen den beschriebenen BT etwaige GUI bestehen, wird mit dem Mehrmerkmalsansatz aus Kapitel 3.6 untersucht. In Tabelle 36 sind genetische (oberhalb der Diagonale) als auch phänotypische Korrelationen (unterhalb der Diagonale) dargestellt. Nach der von Robertson (1959) definierten Schwelle von  $r_g \leq 0,8$  sind für das Merkmal lebendgeborene Ferkel deutliche GUI festzustellen. Auch für das Merkmal abgesetzte Ferkel zeigen sich deutliche GUI, mit Ausnahme zwischen BT2 und BT3 mit  $r_g > 0,82$ , wobei dies sehr nah an der definierten Grenze liegt und zudem noch einen verhältnismäßig hohen Standardfehler aufweist. Entsprechend sind die Unterschiede für dieses Merkmal zwischen BT2 und BT3 am geringsten. Für das Merkmal lebendgeborene Ferkel zeigen die BT1 und BT2 mit  $r_g = 0,69$  die höchsten Korrelationen. Analoges gilt für die phänotypischen Korrelationen für lebendgeborene Ferkel  $r_p = 0,27$  (BT1 und BT2) und abgesetzte Ferkel  $r_p = 0,20$  (BT2 und BT3).

Tabelle 36: Heritabilität (Diagonale), genetische Korrelationen (oberhalb der Diagonalen) und phänotypische Korrelationen (unterhalb der Diagonalen) zwischen den drei Betriebstypen für die Merkmale lebendgeborene bzw. abgesetzte Ferkel. Angaben in den Klammern entsprechen den Standardfehlern.

	<b>Betriebstyp 1</b>	<b>Betriebstyp 2</b>	<b>Betriebstyp 3</b>
<i>Lebendgeborene Ferkel</i>			
<b>Betriebstyp 1</b>	0,18 (0,03)	0,69 (0,42)	0,06 (1,10)
<b>Betriebstyp 2</b>	0,27 (0,04)	0,23 (0,09)	0,57 (1,46)
<b>Betriebstyp 3</b>	0,25 (0,06)	0,26 (0,07)	0,16 (0,26)
<i>Abgesetzte Ferkel</i>			
<b>Betriebstyp 1</b>	0,17 (0,03)	0,46 (0,47)	-0,13 (1,90)
<b>Betriebstyp 2</b>	0,19 (0,04)	0,25 (0,10)	0,82 (2,46)
<b>Betriebstyp 3</b>	0,19 (0,06)	0,20 (0,07)	0,16 (0,29)

#### 4.2.7 Rangvergleich

Für eine optimale Leistung hinsichtlich Fleisch- und Schlachtkörperqualitätsmerkmalen, Fruchtbarkeitsmerkmalen oder funktionalen Merkmalen ist die Selektion der passenden Genetik für die jeweiligen Betriebe entscheidend. Die gezeigten Resultate in Tabelle 36 verdeutlichen die vorliegenden GUI bei Verwendung eines Mehrmerkmalsansatzes basierend auf den gebildeten BT. Inwieweit diese etwaigen GUI zu einer abweichenden Rangierung der Eber in den einzelnen BT führt, ist in Tabelle 37 am Beispiel des Merkmals lebendgeborene Ferkel für Eber mit mindestens 50 Nachkommen dargestellt. Entsprechend ist in jedem BT eine Rangierung der Eber nach deren geschätzten ZW durchgeführt worden. Die Rangierung in BT1 dient hierbei als Referenz für die beiden anderen BT. Es zeigt sich deutlich, dass die Eber in den drei BT teilweise erheblich in ihrer Rangierung variieren. Zählt der Eber „77“ in BT1 zu den Topvererbern, ist er in BT3 nur noch auf Platz 4 und in BT2 auf Platz 10. Noch deutlicher zeigt sich die unterschiedliche Platzierung am Beispiel von Eber „744“, welcher in BT auf Rang 5, in BT2 auf Platz 24 und in BT3 auf Rang 19 liegt. Hingegen bleiben die Eber „476“ (Rang: 7 (BT1), 5 (BT2), 6 (BT3)) oder „875“ (Rang: 10 (BT1), 12 (BT2), 10 (BT3)) in allen BT annähernd auf derselben Platzierung. Anzumerken sei allerdings, dass die Eber nicht in allen BT Nachkommen haben, wodurch die geschätzten Genauigkeiten zum Teil sehr gering ausfallen.

#### 4. Ergebnisse

Tabelle 37: Rangierung von Ebern (höchste Zuchtwerte) mit mind. 50 Nachkommen (über alle Betriebstypen hinweg) mit Leistungsinformationen im Merkmal lebendgeborene Ferkel. Die Rangierung im Betriebstyp 1 dient als Referenz für die übrigen Betriebstypen. Die Betriebstypen basieren auf einer hierarchischen Clusterung mit vorheriger Variablenclusterung. nNk = Anzahl der Nachkommen; R = Genauigkeiten der geschätzten Zuchtwerte.

<b>Eber</b>		<b>Betriebs- typ 1</b>			<b>Betriebs- typ 2</b>			<b>Betriebs- typ 3</b>		
Tier-ID	nNk	Rang	R	nNk	Rang	R	nNk	Rang	R	nNk
77	97	1	0,69	97	10	0,00	0	4	0,00	0
368	76	2	0,67	76	7	0,06	0	14	0,00	0
105	56	3	0,67	56	23	0,00	0	13	0,00	0
223	74	4	0,65	74	8	0,04	0	2	0,01	0
744	101	5	0,64	101	24	0,00	0	19	0,00	0
690	72	6	0,63	72	11	0,00	0	16	0,00	0
476	84	7	0,61	74	5	0,11	10	6	0,00	0
861	107	8	0,58	107	25	0,00	0	20	0,00	0
895	83	9	0,31	83	17	0,00	0	21	0,00	0
875	87	10	0,26	19	12	0,00	68	10	0,00	0

## 5. Diskussion

Die Annahme dieser Arbeit ist es, dass die phänotypische Leistung von Tieren durch Umwelt- und Betriebsfaktoren ähnlich wirtschaftender Betriebe in einem ähnlichen Umfang beeinflusst werden, so dass eine veränderte genetisch-statistische Modellierung diesen Umstand nach Möglichkeit besser berücksichtigt gegenüber konventionellen Modellierungen. Nachfolgend sollen die Ergebnisse dieser Arbeit diskutiert werden. Die Gliederung der Diskussion erfolgt zur Vermeidung von Doppelungen im Gegensatz zum vorherigen Kapitel nicht speziesspezifisch. Innerhalb eines Themenkomplexes erfolgt allerdings eine Differenzierung zwischen den Spezies. So sollen zunächst die gebildeten Betriebstypen unter Berücksichtigung der angewendeten Clusterungsmethoden (Kapitel 5.1) diskutiert werden, gefolgt von einem Vergleich der final genutzten Betriebstypen (Kapitel 5.2). In Anbetracht der Möglichkeit divergierende Zeitgefährtengruppen basierend auf unterschiedlichen zeitlichen Komponenten (Testtag/Testmonat) zu bilden - sowohl für den klassischen Betriebseffekt, als auch den neukonzipierten Betriebstypeneffekt - soll deren Nutzen im Kapitel 5.3 genauer analysiert werden. Der Einfluss des Betriebstypeneffektes auf genetisch-statistische Parameter (Varianzkomponenten, Heritabilitäten sowie Zuchtwerte) werden in den Kapiteln 5.4 und 5.5 betrachtet. In Kapitel 5.6 soll die veränderte Populationsstruktur infolge der Nutzung der Betriebstypen besprochen werden. Inwieweit es zu möglichen Genotyp-Umwelt-Interaktionen durch den Betriebstypeneffekt kommt, wird in Kapitel 5.7 beleuchtet. Abschließend soll in Kapitel 5.8 diskutiert werden, inwiefern es zu Rangierungsunterschieden der Bullen bzw. Eber innerhalb der einzelnen Betriebstypen kommen kann.

### 5.1 Clusterung

Die in dieser Arbeit verwendeten Clustermethoden (AHC, PAM, FZC und CoVAHC) kamen bereits in verschiedenen Studien (vgl. Tabelle 2) unter divergierenden Fragestellungen zum Einsatz, wobei der überwiegende Teil der Arbeiten sich lediglich auf eine Methode beschränkte. Entsprechend gilt es zunächst für die Fragestellung der vorliegenden Arbeit die optimale Clusterungsmethode zu finden. Da es bezüglich der zu bildenden BT vorab keine Informationen gab bzw. keine Einschränkungen bezüglich der Anzahl von BT gemacht werden sollte, wird ein internes Bewertungsverfahren für die jeweiligen Clusteranalysen verwendet. Die Clusteranzahl wird auf maximal zehn begrenzt, da eine höhere Anzahl bei 30 Rinderbetrieben und 23 bzw. 45 Schweinebetrieben aus sachlogischen Gründen nicht nachvollziehbar wäre. Entsprechend wird als Bewertungskriterium, sowohl zur objektiven Erfassung der optimalen Anzahl von BT je Clusterverfahren, als auch für den objektiven Vergleich der unterschiedlichen

Clustermethoden bei identischer Anzahl von BT, die Silhouettenweite (SW) bzw. die durchschnittliche Silhouettenweite (dSW) verwendet.

Für die Anwendung der Clustermethoden AHC, PAM und FZC bedarf es der Bildung einer Distanzmatrix, da der Einfluss landwirtschaftlicher Betriebe auf deren Tiere, nicht auf ein Skalenniveau begrenzt werden kann, wird in dieser Arbeit die von Gower (1971) etablierte Methode und von Struyf et al. (1996) modifizierte - „Gower-Distanz“ verwendet. Diese hat gegenüber den anderen Methoden den entscheidenden Vorteil, dass sie unterschiedliche Skalenniveaus (nominal, ordinal, (a)symmetrisch und metrisch) berücksichtigen kann (Pavoine et al., 2009).

Die ermittelten dSW der unterschiedlichen Methoden mit Werten zwischen  $dSW = 0,02$  (FZC mit 10 BT) und  $dSW = 0,51$  (CoVAHC mit 4 BT) innerhalb des Rinderdatensatzes bzw.  $dSW = 0,09$  (Datensatz 2 - FZC mit 10 BT) und  $dSW = 0,56$  (Datensatz 1 - CoVAHC mit 3 BT) innerhalb der Schweinedatensätze, zeigen deutliche Differenzen bezüglich des Separierungsprozesses. Generell ist festzuhalten, dass CoVAHC in allen Datensätzen die höchsten dSW generiert. Diese wiederum sind vergleichbar mit den Werten von Gorgulu (2010) mit  $dSW = 0,3$  bis  $dSW = 0,53$ , Ivemeyer et al. (2017) mit  $dSW = 0,40$  bzw. Guiomar et al. (2018) mit Werten bis zu  $dSW = 0,38$ . Eine perfekte Trennung ( $dSW = 1,0$ ) der Betriebe in BT kann nicht erwartet werden, da wie Köbrich et al. (2003) beschreiben, kein Betrieb über dieselben Ressourcen verfügt wie ein anderer. Entsprechend können mit vier BT (Rind) bzw. drei BT (Schwein) die höchsten dSW generiert werden. Dies steht im Einklang mit der in Tabelle 2 aufgeführten Literatur. Es wurden zwar mitunter mehr BT gebildet (u.a. Guiomar et al. (2018), Kuentz-Simonet et al. (2015), Savoia et al. (2019)), hierbei sei jedoch auf die deutlichen Unterschiede hinsichtlich der Anzahl charakterisierter Betriebe verwiesen. Für eine leichtere Bewertung der Praxistauglichkeit der gebildeten BT wird bewusst auf eine geringere Anzahl an Betrieben gesetzt, um so auf Basis des subjektiven Eindrucks bei den Betriebsbesuchen die Zuordnung der klassifizierten Betriebe zu einem BT nachvollziehen zu können. Der subjektive Eindruck einer Falschgruppierung kann mittels der errechneten SW (Abbildung 8) objektiv bestätigt werden. So zeigen sich anhand der negativen SW bei den Methoden AHC, FZC und PAM zwischen ein und sieben falsch zugeordneter Betriebe. Neben der deutlich höheren dSW und dem Fehlen von Fehlgruppierungen zeigt die von Chavent et al. (2012) etablierte CoVAHC-Methode weitere Vorteile. Zum einen wird bei der Erstellung der synthetischen Variablen die grundsätzliche Tendenz der Antworten innerhalb der Fragebögen widerspiegelt und zum anderen wird die Pluralität der Antworten berücksichtigt (Kuentz-Simonet et al., 2015). So zeigten Kuentz-Simonet et al. (2015), dass es hinsichtlich der

Beweggründe zum Umweltschutz bei französischen Landwirt:innen keine einfache „ja“- oder „nein“-Entscheidung zum Umweltschutz gibt. Sie demonstrierten, dass es innerhalb der gebildeten soziologischen Gruppen (ähnlich der hier verwendeten BT) mitunter divergierende Ausrichtungen gibt, die allerdings einer grundsätzlichen Tendenz folgen. Entsprechend können Betriebe, welche einem BT zugeordnet werden, sich in einigen Merkmalen unterscheiden, wenn die restlichen Merkmale in der Tendenz ähnliche Eigenschaften zeigen.

### Clusterung innerhalb des Rinderdatensatzes

Die Charakterisierung der rinderhaltenden Betriebe basiert auf Merkmalen, welche möglichst viele Umweltbedingungen, die auf die Herde wirken, erfassen sollen. Die Rasse zeichnet sich als deutliches Unterscheidungskriterium ab, trotz der phylogenetischen Nähe der Rassen DSN und HF (Biedermann et al., 2005). Dies deutet auf ein unterschiedliches betriebliches Management hin. 91 % der Betriebe in BT4 halten HF und nur 9 % DSN, hingegen haben die Betriebe in den BT1, BT2 und BT3 ausschließlich DSN-Rinder. Jaeger et al. (2018) beschreiben DSN-haltende Betriebe als überwiegend „low-input“ oder weidebetonte Betriebe. HF hingegen werden überwiegend in Betrieben mit Laufställen, welche i.d.R. moderne Managementinstrumente anwenden, gehalten (König et al., 2005a). Die vorliegende Arbeit zeigt jedoch, dass es innerhalb der recht groben Beschreibung typischer DSN- bzw. HF-Betriebe von Jaeger et al. (2018) bzw. König et al. (2005a) deutliche Unterschiede geben kann. So werden die DSN-Betriebe basierend auf deren betrieblichen Eigenschaften in drei BT aufgeteilt. Zwar spiegelt der BT4 die modernen HF-Betriebe von König et al. (2005a) gut wider, allerdings ist analog zu den drei DSN-BT eine Stratifizierung bei Datensätze mit einer größeren Anzahl an HF-Betrieben zu errechnen. Basierend auf Herdenmerkmalen konnten Ivemeyer et al. (2017) in ähnlicher Weise HF klar von kleinen lokalen Populationen (Original Angler und DSN) unterscheiden. Tremblay et al. (2016) kamen in ihren Untersuchungen zu automatischen Melksystemen ebenfalls zu dem Schluss, dass trotz gleicher Melktechnik deutliche Unterschiede in Produktionsmuster, Fütterung und Managementeigenschaften zwischen kleinen (Jersey, Guernsey, Ayrshire) und großen Populationen (HF, Brown Swiss) bestehen. Zwischen den BT unterscheidet sich die Herdengröße zwar hochsignifikant, allerdings sind innerhalb der BT bezüglich der Variationsbreite große Schwankungen zu sehen. Insbesondere in den BT1, BT3 und BT4 schwanken die Herdengrößen stark um den jeweiligen Median. Lediglich zur Abgrenzung der kleinen Betriebe scheint die Herdengröße ein nützliches Kriterium zu sein, hier liegt die Variationsbreite zwischen 5 und 20 Tieren bei einem Median von 15 Tieren. In den Untersuchungen von Gieseke et al. (2018) hinsichtlich des Zusammenhangs zwischen Herdengröße und Tierwohlaspekten zeigte sich auch in deren

Herdengrößeneinteilungen mit zunehmender Herdengrößenklasse eine höhere Variationsbereite. Sie wiesen auch darauf hin, dass es keinen Zusammenhang zwischen der Herdengröße und dem Tierwohl gibt, sondern dass Tierwohl vielmehr von Haltungsbedingungen und Managemententscheidungen abhängt (Gieseke et al., 2018).

Zahlreiche Untersuchungen differenzieren zwischen ökologisch und konventionell wirtschaftenden Betrieben. Interessanterweise zeigt sich in BT1 und BT2, dass in etwa gleichen Teilen beide Bewirtschaftungsformen vertreten sind. Trotz der unterschiedlichen gesetzlichen Regularien zeigen sich Analogien in den Managemententscheidungen. Daraus lässt sich ableiten, dass nicht die Bewirtschaftungsweise (ökologisch vs. konventionell) allein den Einfluss auf das Tier bestimmt, sondern vielmehr die Summe der Herdenmanagementstrategien und Betriebsmerkmale. Die Ergebnisse decken sich mit den Untersuchungen von Sorge et al. (2016) zu Managementpraktiken in ökologischen und konventionellen Betrieben in Minnesota. Von den 30 charakterisierten Betrieben hatten 16,7 % Anbindehaltung, jedoch hatte keiner der Betriebe mehr als 20 Tiere. Dies entspricht annähernd der bundesdeutschen Verteilung, wonach 2020 ca. 11,5 % der Milchkühe in Anbindeställen gehalten wurden, von denen wiederum ca. 18,8 % in Betrieben mit maximal 20 Tieren standen (Statistisches Bundesamt, 2021). Klassischerweise steigt der Anteil an Laufställen mit zunehmender Herdengröße deutlich an (Simensen et al., 2010). In Deutschland (2020) lag der Anteil der Milchkühe in Anbindehaltungen mit mehr als 50 Tieren bei 18,1 % bzw. mit mehr als 100 Tieren bei 3,7 % (Statistisches Bundesamt, 2021). Zwar wird die Anbindehaltung noch in einigen Ländern weiterhin genutzt, allerdings ist seit den 1970er Jahren ein deutlicher Wandel hin zu Laufställen und alternativen Haltungsformen zu verzeichnen (Galama et al., 2020). So nimmt auch in Deutschland die Zahl der Milchkühe in Anbindehaltung stetig ab. Waren es 2010 noch ca. 27,3 % aller Milchkühe, hat sich die Zahl in 2020 mehr als halbiert auf ca. 11,5 % (Statistisches Bundesamt, 2021), entsprechend kann die Anbindehaltung als Auslaufmodell betrachtet werden.

Hinsichtlich der Weidenutzung hatten alle Tiere aus BT1 und BT2 einen Zugang, wohingegen nur ca. ein Drittel der Betriebe mit hoher Milchleistung (BT3 und BT4) den Tieren Weidegang gewährte. Dies entspricht den Untersuchungen von Müller-Lindenlauf et al. (2010), wonach der Weideanteil mit zunehmender Milchleistung reduziert ist.

Die Anwendung neuer Technologien zwischen den BT unterscheidet sich insofern, als dass zwischen eher traditionell und eher modern-digitalisierten Betrieben unterschieden werden kann. Vor allem die größeren Betriebe der BT3 und BT4 setzen vermehrt auf Technologien wie den Einsatz von Herdenmanagementprogrammen, auf die Teilnahme an

Gesundheitsprogrammen oder bedarfsorientierten Futterrationen. Hingegen sind die eher traditionell geführten Herden (BT2) vornehmlich kleine Betriebe mit überwiegender Anbindehaltung und ausschließlich manueller Dokumentation. Dies deckt sich mit den Ergebnissen von Savoia et al. (2019), die eine Koexistenz traditioneller und moderner Fleischrinderherden in Italien beschreiben, wobei sie die Produktionseffizienz mit der Fleischqualität verglichen.

Allgemein lässt sich festhalten, dass größere Herden eher von jüngeren Landwirt:innen, mit mittlerer bis hoher schulischer und beruflicher Ausbildung gemanagt werden, dies stimmt mit den Ergebnissen einer umfassenden Studie über europäische ökologisch wirtschaftende Milchviehbetriebe von Blanco-Penedo et al. (2019) überein. In BT4 liegt das Durchschnittsalter der Herdenmanager bei 37 Jahren und die Herdengröße bei 145 (Median). Dennoch weisen sie mit ca. 20 Jahren eine beachtliche Berufserfahrung auf. Die kleinen Betriebe mit Anbindehaltung in BT2 (Median: 15 Tiere) wurden vornehmlich von älteren Landwirt:innen ( $\bar{O} = 51,8$  Jahre) geführt.

### Clusterung innerhalb des Schweinedatensatzes

Die schweinehaltenden Betriebe werden auf Basis möglicher Vermarktungspotentiale sowie regionaler Gegebenheiten, welche Zuchtentscheidungen beeinflussen können, charakterisiert. Insgesamt handelt es sich bei den Schweine-Betrieben z.T. um sehr kleine Nebenerwerbsbetriebe mit deutlich divergierenden Management- und Betriebscharakteristika, weswegen ein Fokus auf möglichst objektive Merkmale gelegt wurde, um vom Antwortverhalten der Landwirt:innen unabhängig zu sein. Die BT-Beschreibung basiert auf dem Datensatz 2, da in diesem Datensatz sowohl Fleisch- und Schlachtkörperqualitätsmerkmale als auch Fruchtbarkeitsmerkmale vorliegen. Die Clusterung der Betriebe zu BT im Datensatz 1 erfolgt methodisch identisch zum Datensatz 2, wobei es aufgrund der veränderten Datenstruktur zu gewissen Verschiebungen der Betriebe zwischen den BT kommt. Nichtsdestotrotz sind die Beschreibungen übertragbar. Zudem sei darauf verwiesen, dass es sich um keine repräsentative Betriebsauswahl handelt. Vielmehr sollte der Ansatz einer veränderten Berücksichtigung der Herdenumwelt bei der ZWS zunächst grundlegend überprüft werden. Ein veränderter Betriebsdatensatz bzw. eine geänderte Merkmalerhebung wird erwartungsgemäß zu divergierenden BT führen, wobei die grundsätzlichen Annahmen der nachfolgenden genetisch-statistischen Analysen übertragbar sein sollten.

Bei der Aufteilung der Betriebe in BT zeichnen sich vor allem Merkmale als relevant ab, welche einen Einfluss auf die Vermarktung der Produkte haben. So unterscheiden sich die Merkmale

„Nähe zu einer Metropolregion“, „Größe des Ortes in dem sich der Betrieb befindet“, „Entfernung zur nächstgelegenen Mittelstadt“ oder „Internetauftritt“ der Betriebe signifikant zwischen den BT. Die Betriebe aus BT1 liegen zum Teil in einer Metropolregion, haben die geringste Distanz zu potentiellen Märkten innerhalb der nächstgelegenen Mittelstadt und setzen gleichzeitig zu 80 % auf eine Internetpräsenz zur Vermarktung. Dem gegenüber stehen die Betriebe aus BT2, von denen keiner in einer Metropolregion liegt, gleichzeitig haben alle Betriebe einen Internetauftritt, um entsprechende Kunden anzuwerben. Innerhalb des BT3 befindet sich der Großteil der Betriebe (85 %) innerhalb einer Metropolregion, wobei zur nächstgelegenen Mittelstadt mit 17 km die größte Entfernung besteht. Nichtsdestotrotz haben nur 23 % der Betriebe einen Internetauftritt. Als mögliche Ursache hierfür könnte das grundsätzlich große Vermarktungspotential innerhalb von Metropolregionen angesehen werden. Böhm und Krämer (2020) untersuchten, ob ländliche Landkreise bzw. Landkreise mit schlechterer sozioökonomischer Lage einen geringeren Anteil an Betrieben mit Direktvermarktung aufweisen. Hierbei unterschieden sie zwischen nicht-gewerblichen/landwirtschaftlichen (Verkauf von unverarbeiteten Produkten aus eigener Erzeugung) und gewerblichen (Verkauf von unverarbeiteten und/oder verarbeiteten Produkten aus eigener Erzeugung bzw. aus Fremdproduktion ab einem Umsatz von 51.500 €) Direktvermarktern. Ihre Hypothese ließ sich zwar nicht bestätigen, tendenziell konnte aber ein zunehmender Anteil von Betrieben mit Direktvermarktung in der Nähe von Metropolregionen bzw. größeren Ballungsgebieten gezeigt werden. Dies unterstreicht die Annahme, dass BT3 aufgrund der positiven Lage weniger Aufmerksamkeit per Internetpräsenz (23 %) im Vergleich zu BT1 (80 % Internetauftritt) und BT2 (100 % Internetauftritt) generieren muss. Böhm und Krämer (2020) wiesen jedoch auf deren mangelnde Datenbasis hin, da ihnen nur Daten von nicht-gewerblichen Direktvermarktern vorlagen. Sie gehen allerdings davon aus, dass die Direktvermarktung von einem Großteil der landwirtschaftlichen Betriebe als Gewerbe betrieben wird, insbesondere in touristischen Regionen.

Die „Bewirtschaftungsweise“ (biologisch vs. konventionell) der Betriebe hat als Differenzierungskriterium keine entscheidende Rolle. Allerdings fällt auf, dass BT2 mit 40 % den höchsten Anteil an ökologisch bewirtschafteten Betrieben aufweist und gleichzeitig alle Betriebe innerhalb des BT auch eine Internetpräsenz besitzen. Dies könnte dahingehend interpretiert werden, dass speziell Bio-Betriebe durch das Internet die Chance nutzen, um über ihre Produktionsweisen zu informieren, um damit potentielle Kunden anzuwerben.

Auch die „Zuchtbestrebungen“ der Betriebe ist für eine Gruppierung in BT in diesem Datensatz nicht relevant. Zwar gibt es zwischen den BT einen gewissen Unterschied im Anteil

zuchtaktiver Betriebe, allerdings sei darauf verwiesen, dass der Anteil generell in allen BT mit mindestens 70 % recht hoch ist.

Regionale Gegebenheiten, wie das „ackerbauliche Potential“, die „Höhenlagen“, die „Leitbodenassoziation“ oder die „mittlere jährliche Niederschlagsmenge“, spielen bei der Einteilung der Betriebe in BT ebenfalls eine entscheidende Rolle. So befinden sich die Betriebe aus BT1 vornehmlich in Ackerbauregionen, wohingegen BT2 und BT3 sich durch eher schlechtere Bodenverhältnisse auszeichnen. Gute futterbauliche Voraussetzungen sind insbesondere in ökologisch bewirtschafteten Betrieben von Bedeutung. So zeigen Rahmann et al. (2010), dass speziell in Bio-Betrieben die eigene Futterproduktion sehr hoch ist (Ferkelerzeugungsbetriebe: 87 %, Mastbetriebe mit < 100 Tieren: 88 %, Mastbetriebe mit > 100 Tieren: 40 %). Die geringere Bodenqualität der Betriebe in BT2 kann für die 40 % ökologisch wirtschaftenden Betriebe insofern als positiv bewertet werden, als dass eine geringere Bodenkonkurrenz zu entsprechenden Ackerbaubetrieben bestehen könnte. Generell geben Rahmann et al. (2010) Futterzukaufsquoten für Sauenbetriebe von 53 %, bei kleinen Mastbetrieben (< 20 Tiere) von 33 %, bei mittleren Mastbetrieben ( $\geq 21$  bis < 100 Tiere) von 56 % und bei großen Mastbetrieben ( $\geq 100$  Tiere) von 80 % an. Somit können gute Standortbedingungen für die Futterproduktion zwar als positiv für die Betriebsbilanz gesehen werden, durch die Zukaufsmöglichkeiten von Futter sollte diese allerdings im Hinblick auf Zuchtentscheidungen nicht überbewertet werden.

### **5.2 Vergleich der gebildeten Betriebstypen**

Generell lassen sich die identifizierten BT nicht nur hinsichtlich sozial-ökologischer Kriterien unterscheiden. Anhand der Least Square Means (LSmeans) aus den linearen bzw. logistischen Modellen (R1, R3 und R4 bzw. S1, S2, S3 und S4) ohne additiv-genetischen Tierereffekt lässt sich deren Einfluss auf Produktions- und Fruchtbarkeitsmerkmale sowie Gesundheitsindikatoren und funktionale Merkmale (Tabelle 18 bzw. Tabelle 30) erkennen.

#### *Vergleich der gebildeten Betriebstypen innerhalb der Rinderpopulation*

Der Vergleich der Testtagsmerkmale (Mkg, Pkg, Fkg, PPr, FPr, SCS, FEQ) ergibt überwiegend signifikante ( $p < 0,05$ ) Unterschiede zwischen den gebildeten BT.

Müller-Lindenlauf et al. (2010), Ivemeyer et al. (2017) und Wallenbeck et al. (2018) verwiesen in ihren Arbeiten auf einen direkten Zusammenhang zwischen der Herdengröße und der Produktionsintensität. Eine entsprechende Assoziation lässt sich auch in den charakterisierten BT feststellen. So repräsentiert BT2 die Betriebe mit den kleinsten Herden (Median: 15 Tiere) und gleichzeitig dem niedrigsten Produktionsniveau (15,7 kg Milch). Die Tiere des BT1 weisen

ein mittleres Produktionsniveau von 21,4 kg Milch auf, wobei deren Herdengröße 51 Tiere (Median) umfasst. Die Hochleistungskühe werden von den BT3 und BT4 (BT3: 28,3 kg; BT4: 26,7 kg) repräsentiert, welche mit 800 bzw. 145 Kühen (Median) gleichzeitig die größten Betriebe im Datensatz widerspiegeln.

Doherr et al. (2007) assoziierten die Herdengröße mit einem steigenden Risiko für klinische Mastitiden, was sich in einem erhöhten SCS widerspiegelt. Dem widersprechend, repräsentiert in der vorliegenden Arbeit BT2 die kleinsten Herden, allerdings mit dem signifikant höchsten SCS-Wert (3,35). Alle Tiere in BT2 sind in Warmställen mit Anbindehaltung untergebracht und dadurch bedingt teilweise recht hoher Lufttemperatur und -feuchte ausgesetzt. Barkema et al. (1999) beschrieben in ihren Untersuchungen, dass unzureichende Hygiene und schlechtes Klimamanagement zur Beeinträchtigung der Immunantwort durch toxische Gase beitragen kann, was als Erklärung für den hohen SCS-Wert interpretiert werden könnte. Im Gegensatz dazu werden die Kühe der verbleibenden BT überwiegend in Laufställen mit Außenklimabedingungen gehalten, und das Trockenstellmanagement basiert meist auf antibiotischen Anwendungen. Die optimalen klimatischen Haltungsbedingungen plus präventive tierärztliche Behandlungen resultieren in dem Fall in signifikant niedrigeren SCS-Werten in BT1 (2,99), BT3 (2,94) und BT4 (2,77) im Vergleich zu BT2. Doherr et al. (2007) und Ivemeyer et al. (2011) berichteten zudem von einem negativen Effekt der Rasse HF auf die Eutergesundheit. In den vorliegenden Untersuchungen umfasst BT4 fast ausschließlich HF-Betriebe, diese wiesen aber gleichzeitig auch den niedrigsten SCS-Wert auf. Somit scheinen das Herdenmanagement und die klimatischen Bedingungen einen stärkeren Einfluss auf den Eutergesundheitsstatus zu haben als Herdengröße oder Rasse (Barkema et al., 2015).

Bezogen auf den Gesundheitsindikator FEQ, als Indikator subklinischer Ketosen, zeigen die kleineren Betriebe in BT1 und BT2 mit 1,22 bzw. 1,20 die signifikant höchsten Werte. Mit einem FEQ von 1,13 weist der BT3 den signifikant niedrigsten FEQ-Wert auf. Die Tiere in diesem BT erhalten mit 8,5 kg die höchste Kraftfuttermenge, was bezogen auf die von Ivemeyer et al. (2019) beschriebene FEQ-Grenze von 1,1 die Gefahr subklinischer Azidosen deutlich erhöht. Ivemeyer et al. (2019) beschreiben zudem einen nachteiligen Einfluss der Rasse HF auf den FEQ bezogen auf die Häufigkeit subklinischer Azidosen bzw. Ketosen. Dieser Einfluss konnte in der vorliegenden Studie nicht bestätigt werden, da der HF-BT (BT4) mit 1,16 zwischen den drei DSN-BT liegt.

Lima et al. (2009) verglichen die Reproduktionsleistung von Milchkühen unter Einsatz von Natursprungbullen bzw. der KB. Hierbei zeigte sich ein gewisser Vorteil hinsichtlich des Besamungserfolges durch die Verwendung von Natursprungbullen. Unter Berücksichtigung

der Sprunghäufigkeit der Bullen bzw. der KB-Häufigkeit innerhalb 21-tägiger Zuchtintervalle nivelliert sich der Vorteil. In der vorliegenden Auswertung zeigt sich ein etwas anderes Bild. So ist in BT1 und BT2 der Anteil an Natursprungbullen mit 77 % bzw. 60 % Belegungsanteilen deutlich höher als in BT3 und BT4 (0 % bzw. 18 %), was sich in einem signifikant höheren EBE (BT1: 72 % BT2: 75 %, BT3: 64 % bzw. BT4: 59 %) widerspiegelt. Hierbei sei allerdings zu erwähnen, dass Lima et al. (2009) eine terminorientierte KB durchgeführt haben, also eine hormonelle Stimulation der Tiere der Besamung voraus gegangen ist, anders als in der vorliegenden Arbeit, wo kein/e Landwirt:in angab spezialisierte KB-Programme durchzuführen. Verglichen mit den EBE (32 % bis 46 %), welche von Inchaisri et al. (2010) für niederländische Milchviehherden (HF und Kreuzungstiere) angegeben wurden, sprechen die insgesamt hohen EBE in allen BT zum einen für ein gutes Fruchtbarkeitsmanagement, zum anderen für eine gute Fruchtbarkeitsleistung der Tiere. Inchaisri et al. (2010) zeigten auch, dass sich eine verlängerte Rastzeit (> 60 Tage nach Kalbung) positiv auf den Besamungserfolg auswirkt. In allen BT der vorliegenden Arbeit betrug das Intervall zwischen der Abkalbung und der ersten Besamung deutlich mehr als 80 Tage.

Andersen-Ranberg et al. (2005) und Löff et al. (2012) berichten über eine längere freiwillige Wartezeit für die erste Besamung nach dem Kalben in Herden mit hoher Leistung, was entsprechend zu einer Verlängerung der RAST führt (Rastzeit = biologische Wartezeit + freiwillige Wartezeit). In der vorliegenden Studie zeigt sich allerdings, dass Kühe aus BT1 und BT4 eine ähnlich kurze RAST mit 88,2 Tagen bzw. 87,7 Tagen aufweisen bzw. die Tiere aus BT2 und BT3 mit 99,8 Tagen bzw. 92,6 Tagen eine ähnlich lange RAST haben, sich bezüglich der Milchleistung jedoch signifikant unterschieden (BT1: 21,4 kg vs. BT4: 26,7 kg bzw. BT2: 15,7 kg vs. BT4: 28,3 kg). Hieraus resultierend lässt sich ableiten, dass die Länge der RAST vielmehr von individuellen Managemententscheidungen abhängt.

Methan gilt als das bedeutendste Treibhausgas, welches von landwirtschaftlichen Betrieben, insbesondere rinder- und milchviehhaltenden Betrieben, emittiert wird (Boadi et al., 2004). Des Weiteren bedeutet die Umwandlung der aufgenommenen Energie in Methan einen effektiven Energieverlust von 2 % bis 8 % (Harper et al., 1999). Die analysierten Methanemissionen zeigen signifikante Unterschiede zwischen den beiden BT, welche sowohl hochproduktive Produktionssysteme (BT3) als auch Betriebe mittlerer Intensität (BT1) repräsentieren. Dies steht im Gegensatz zu den Untersuchungen von Eckert et al. (2018), die von einer Unabhängigkeit der Methanemissionen vom Haltungs- und Fütterungssystemen (Mischration mit oder ohne Weidegang) berichteten.

Lovett et al. (2005) wiesen darauf hin, dass die Methanemission bei der Fütterung von Kraftfutter ansteigt. Da infolgedessen allerdings auch die Milchproduktion steigt, verwiesen sie auf eine reduzierte Gesamtmethanemission pro Kilogramm Milch. In der vorliegenden Untersuchung zeigt sich, dass in BT3 trotz des höchsten durchschnittlichen Kraftfüttereinsatzes (8,5 kg) und einer der höchsten Milchleistungen (28,3 kg) aller Betriebe signifikant weniger Methan emittiert wird. Entsprechend lässt sich die Aussage einer Reduktion des Methanausstoßes pro Kilogramm Milch mit steigender Kraftfuttermenge von Lovett et al. (2005) bestätigen, allerdings reduziert sich auch generell die Methanproduktion im BT3. Ursächlich hierfür können die Aussagen der Landwirt:innen betrachtet werden, möglichst Rationen am Bedarf der Tiere einzusetzen, mit entsprechenden Futteranalysen, diversen Rationskomponenten, Futterberatungen sowie Leistungsgruppen. Dies steht im Einklang mit Untersuchungen von Harper et al. (1999), die bei Rindern, die mit ballaststoffreichen, energiearmen Rationen gefüttert wurden, einen höheren Methanausstoß feststellten als bei Rindern, die bedarfsorientierte, energiereiche Rationen erhielten. Somit lässt sich festhalten, dass je näher eine Ration an den Bedürfnissen des Tieres orientiert ist, die Produktionsleistung ansteigt und gleichzeitig die Produktion klimaschädlicher Gase reduziert wird.

Generell zeigt sich, dass es zwischen den BT deutliche Unterschiede hinsichtlich der Methanemissionen gibt, was verallgemeinernde Aussagen über den Methanausstoß landwirtschaftlicher, speziell rinderhaltender Betriebe aufgrund divergierender Gegebenheiten in den Betrieben, erschwert. Entsprechend könnte eine Gruppierung von Herden und die stichprobenhafte Methanmessung innerhalb der BT zu einem besseren Verständnis des Methanausstoßes in Abhängigkeit der gegebenen Produktionsbedingungen beitragen. Um jedoch züchterische Strategien hinsichtlich einer Methanreduktion zu verfolgen, ist eine tierindividuelle Messung ganzer Bestände und unterschiedlicher Betriebe unabdingbar.

### *Vergleich der gebildeten Betriebstypen innerhalb der Schweinepopulation*

Grundsätzlich lassen sich die drei BT in der Schweinepopulation hinsichtlich der Schlachtkörper- und Fleischqualitätsmerkmale, den Fruchtbarkeitsmerkmalen sowie den funktionalen Merkmalen analog zu den BT in der Rinderpopulation voneinander differenzieren, mit dem Unterschied, dass überwiegend zwei BT ähnliche Werte aufwiesen und nur ein BT sich von den anderen signifikant unterscheidet. Ursächlich hierfür kann die unterschiedliche Ausrichtung der beiden Fragebögen sein. Der Rinder-Fragebogen zielt auf direkte management- bzw. haltungsbedingte Einflüsse ab, wohingegen der Schweine-Fragebogen vielmehr indirekte Einflüsse in Form regionaler Gegebenheiten und Vermarktungspotentiale berücksichtigt. Diese unterschiedliche Ausrichtung liegt darin begründet, dass die

schweinehaltenden Betriebe deutlich kleinstrukturierter sind als die untersuchten rinderhaltenden Betriebe, und es innerhalb derartig kleinteiliger Strukturen schwer ist, einen Konsens hinsichtlich management- bzw. haltungsbedingter Einflüsse zu identifizieren (Klein, 2019). Analog beschreiben Sundrum et al. (2010) ebenfalls sehr stark divergierende Produktionsbedingungen bei kleinen ökologischen Schweinehaltungen innerhalb der Europäischen Union.

Der BT3 zeichnet sich vor allem durch positive Fleisch- und Schlachtkörperqualitätsparameter aus, obwohl die Landwirt:innen in diesem BT nur zu knapp 70 % angaben zuchtaktiv zu sein und mit 17 km eine große Entfernung zur nächstgelegenen Mittelstadt zu haben. Auch ist der Anteil der Betriebe mit einem Internetauftritt zur Direktvermarktung mit 23 % am geringsten. Da sich aber der Großteil der Betriebe (85 %) innerhalb von Metropolregionen befindet, welche ein enormes Vermarktungspotential bieten, erscheinen die positiven Fleisch- und Schlachtkörperqualitätsmerkmale, als wichtige Voraussetzung für eine erfolgreiche Vermarktung. Erwartungsgemäß würden diese Qualitätseigenschaften auch bei den Betrieben in den BT1 und BT2 erwartet werden, welche eine besonders hohe Zuchtaktivität angaben und denen durch deren Nähe zu Klein- und Mittelstädten, ebenfalls potentielle Märkte zur Verfügung stehen. Hier werden die „geringeren“ Fleisch- und Schlachtkörperqualitätseigenschaften, vermutlich durch den hohen Anteil an Internetauftritten zur Vermarktung (überregionale Vermarktung möglich) und dem hohen Anteil an ökologisch bewirtschafteten Betrieben kompensiert.

Generell liegen die erfassten Fleisch- und Schlachtkörperqualitätsparameter auf ähnlichem Niveau, wie sie innerhalb der Fachliteratur beschrieben werden. So ist der Topfsaftverlust (nach 24 h) in den BT1 und BT3 mit ca. 2,7 % vergleichbar niedrig wie in der Untersuchung von Ryu et al. (2008) für die Rasse Berkshire. Mit 4,7 % ist der Tropfsaftverlust (nach 24 h) in BT2 signifikant höher als in BT1 und BT3 und vergleichbar mit den Yorkshire- bzw. LYD- (Landrasse x Yorkshire x Duroc) Schweinen von Ryu et al. (2008) bzw. mit der Rasse Bisaro von Martins et al. (2020). Verglichen mit klassischen Mastkreuzungen (aus Piétrain, Deutsche Landrasse und Deutsches Edelschwein) in Deutschland zeichnen sich die BB in allen BT durch einen hohen intramuskulären Fettgehalt (Mörlein et al. (2007) vs. eigene Werte: 1,0 % bis 1,4 % vs. 1,4 % bis 1,7 %), einen geringeren Tropfsaftverlust (nach 24 h; 5,9 % bis 6,7 % vs. 2,7 % bis 4,7 %), eine reduzierte Leitfähigkeit (nach 24 h; 5,9 mS/cm bis 6,5 mS/cm vs. 4,1 mS/cm bis 6,5 mS/cm) sowie deutlich reduzierte Scherkräfte (44,4 kg/cm<sup>2</sup> bis 46,0 kg/cm<sup>2</sup> vs. 9,3 kg/cm<sup>2</sup> bis 10,3 kg/cm<sup>2</sup>) aus. So beschreiben bspw. Fortin et al. (2005), dass ein optimaler intramuskulärer Fettgehalt zwischen 1,5 % und 2,5 % liegen sollte. Die ermittelten Werte für

BT1 liegen mit 1,7 % innerhalb und für BT2 und BT3 mit jeweils ca. 1,4 % leicht unterhalb des optimalen Bereichs. Zudem weisen Moeller et al. (2010) auf einen Zusammenhang zwischen einer reduzierten Scherkraft und einer positiven Verbraucherbewertung hin.

BT2 zeichnet sich durch einen signifikant größere Rückenspeckdicke (*in vivo*) gegenüber der BT1 und BT3 aus. Gleichzeitig hat BT2 gemeinsam mit BT3 den geringsten intramuskulären Fettanteil. BT1 hingegen hat den signifikant höchsten intramuskulären Fettgehalt sowie die signifikant geringste Rückenspeckdicke (gemeinsam mit BT3). Beide Szenarien stehen im Kontrast zu Suzuki et al. (2005), welche moderat positive Korrelationen ( $r_g = 0,28$ ,  $r_p = 0,22$ ) zwischen der Rückenspeckdicke und dem intramuskulären Fettgehalt identifizierten. Auch Biermann et al. (2014) beschreiben eine Zunahme des Rückenspecks bei der Zucht auf einen höheren intramuskulären Fettgehalt. Lediglich der BT3 spiegelt die von Suzuki et al. (2005) und Biermann et al. (2014) beschriebenen Zusammenhänge wider. Eine dickere Rückenspeckdicke ist in der kommerziellen Schweineproduktion aufgrund der negativen Korrelation zum Muskelfleischanteil (Hoa et al., 2021) unerwünscht. In entsprechenden Marktnischen mit regionalen Vermarktungsschwerpunkten bringt der negative Zusammenhang scheinbar keine nachteiligen Auswirkungen mit sich (Biermann et al., 2014).

Insbesondere die überdurchschnittlichen Schlachtkörperqualitäten sowie die positiven Fleischqualitäten der BB in allen BT können als überaus positiv für die regionale Vermarktung betrachtet werden. Insgesamt sei jedoch auf verschiedene Einflussfaktoren auf Fleisch- und Schlachtkörperqualitätseigenschaften, wie die Rasse (Mörlein et al., 2007; Ryu et al., 2008), das Geschlecht (Mörlein et al., 2007), das Schlachtengewicht (Martins et al., 2020) oder die weitere Behandlung nach der Schlachtung (van Oeckel et al., 1999) verwiesen.

Die erfassten Fruchtbarkeitsmerkmale - lebendgeborene bzw. abgesetzte Ferkel (gesamt) - unterschieden sich zwischen den BT nicht signifikant. Für eine vergleichbare Rasse, das Schwäbisch-Hällische Schwein, geben Bühler und Zimmer (2007) ähnliche Werte der lebendgeborenen Ferkel an. Verglichen mit Untersuchungen von Dodenhoff et al. (2019) innerhalb von Herdbuch- und Ferkelerzeugerbetrieben der Rassen Deutsches Edelschwein und Deutsche Landrasse (Reinzucht- und Kreuzungswürfe) ergibt sich eine gewisse Diskrepanz zu den BB der vorliegenden Untersuchung. Dodenhoff et al. (2019) geben für die Herdbuchbetriebe 11,9 lebendgeborene Ferkel (abgesetzte Ferkel nicht erfasst) und für die Ferkelerzeugerbetriebe 12,1 lebendgeborene bzw. 10,7 abgesetzte Ferkel an, womit gegenüber der BB ca. 2,7 Ferkel mehr lebendgeboren und ca. 2,0 Ferkel mehr abgesetzt werden. Ähnliche Werte geben auch Brüssow und Wähner (2008) an. Allerdings handelt es sich bei den von Dodenhoff et al. (2019) analysierten Rassen um klassische Mutterrassen, welche sich

grundsätzlich durch eine gute Fruchtbarkeitsleistung auszeichnen (Brade et al., 2009). Die Rasse BB wird hingegen vorwiegend als Universalrasse für die Direktvermarktung genutzt, entsprechend müssen die Tiere sowohl gute Mastleistungen, Fruchtbarkeitsleistungen als auch positive Verhaltenseigenschaften aufweisen (Biermann et al., 2012a). Zudem steht in der Reinzucht die Ausnutzung des Heterosis-Effektes für die F1-Generation nicht zur Verfügung. Dieses Portfolio an Eigenschaften könnte zu einer Reduktion der Fruchtbarkeitsleistung im Vergleich zu klassischen Mutterrassen führen.

Das Verhalten von Schweinen fand in den Zuchtprogrammen für konventionelle Schweinehaltungen lange Zeit kaum Berücksichtigung, vielmehr standen Leistungsmerkmale im Vordergrund. Die Zucht auf Leistungsmerkmale führten zu einer Veränderung unterschiedlicher Verhaltensweisen (Lindhorst et al., 2019). Canario et al. (2014) zeigten negative Auswirkungen der Selektion auf Leistungsmerkmale bei französischen Large White in einem Zeitraum von 21 Jahren auf die Ferkelmortalität bzw. maternale Verhaltensweisen. Insbesondere innerhalb bedrohter Rassen, welche oft in kleinen Betriebsstrukturen mit einer freien Abferkelung gehalten werden, ist eine gute Mütterlichkeit (z.B. Ablegeverhalten) der Sauen unabdingbar (Klein, 2019). Ferkelschutzkörbe können mangelndes mütterliches Verhalten zwar kompensieren, stehen allerdings zunehmend in der Kritik, da sie die Sau stark in ihrem Verhalten und entsprechend auch in ihrem Wohlbefinden beeinträchtigen (Johnson et al., 2001). Ein gutes mütterliches Verhalten bedingt in der Regel ein aggressives Verhalten gegenüber Dritten (Artgenossen, Menschen), was insbesondere während Tier-Mensch-Interaktionen (z.B. Behandlung, Handling-Maßnahmen, etc.) Gefahren birgt. Oft führt eine situationsbedingte Überforderung der Tiere in Folge von Stress zu einer Verhaltensänderung (z.B. Aggressivität) und kann als Ausdruck eines gestörten Wohlbefindens interpretiert werden (Curley et al., 2008). Tierhalterinnen/Tierhalter haben entsprechend ein Interesse an möglichst ruhigen und entspannten Tieren, insbesondere in kleinen Betrieben, wo oft eine intensivere Tier-Mensch-Beziehung besteht.

Die Verhaltensbeurteilung innerhalb der einzelnen BT zeigt, dass die BB grundsätzlich ein eher ruhiges Gemüt aufweisen. So weisen die Tiere in BT1 mit einer durchschnittlichen Benotung von 2,4 verglichen mit BT1 und BT3 (1,8 bzw. 2,1), die größte Unruhe bei Handling-Maßnahmen auf. Lindhorst et al. (2019) verglichen das Verhalten (6-stufige Skala, 1= sehr unruhig) verschiedener Rassen (Duroc, Piétrain, Deutsche Landrasse und Large White) in Abhängigkeit vom Gewicht. So zeigten sie, dass mit zunehmendem Gewicht die Tiere ruhiger werden. Zudem konnten sie deutliche Verhaltensunterschiede zwischen den Rassen aufzeigen, wobei die nervösesten Tiere zur Rasse Deutsche Landrasse und Piétrain zählten und Duroc zu

den ruhigsten. Basierend auf der 5-stufigen Skala (5= sehr unruhig) des Verhaltenstestes in der vorliegenden Untersuchung können die BB grundsätzlich als eher ruhige Tiere beschrieben und mit den Duroc-Schweinen von Lindhorst et al. (2019) verglichen werden.

Ein gutes Fundament sowie Exterieur sind generelle Voraussetzung für eine gute Beweglichkeit, Gesundheit und lange Nutzungsdauer von Schweinen (López-Serrano et al., 2000; Wähler, 2012). Der hohe Anteil (80 %) an zuchtaktiven Betrieben in BT1, spiegelt sich vor allem im Merkmal Fundament, aber auch beim Exterieur wider. So ist die durchschnittliche Bewertungsnote (3-stufige Skala) von 2,4 in der linearen Modellierung für das Fundament signifikant höher im Vergleich zu BT2 (2,1) und BT3 (2,2). Bei binärer Einteilung - „besondere Zuchttauglichkeit“ (Klasse 3 der 3-stufigen Skala) und „keine besondere Zuchttauglichkeit“ (Klasse 1 und 2 der 3-stufigen Skala) - wird dieser Zusammenhang zusätzlich verdeutlicht. Mit 40 % verfügen die Betriebe in BT1 über einen signifikant höheren Anteil an Tieren mit einer besonderen Zuchteignung für das Merkmal Fundament. Auffällig ist, dass BT2 mit nur 8 % einen sehr geringen Anteil an besonders zuchttauglichen Tieren im Merkmal Fundament aufweist, obwohl alle Betriebe in diesem BT angaben, züchterisch aktiv zu sein. Der Anteil an ökologisch bewirtschafteten Betrieben war in diesem BT mit 40 % (BT1: 20 %, BT3: 8 %) deutlich höher. Divergierende Zuchtstrategien unter konventionellen bzw. ökologischen Bedingungen (Sundrum, 2001; Sundrum et al., 2010) könnten ursächlich für den unterschiedlichen Anteil an besonders zur Zucht geeigneten Tieren sein.

Zusammenfassend lässt sich sagen, dass eine Gruppierung nach Herdenmanagementstrategien und Betriebseigenschaften bzw. basierend auf regionalen Gegebenheiten und Vermarktungspotentialen zu einer Stratifizierung der Betriebe führt, bei der sich die gebildeten BT anhand von Produktions- und Fruchtbarkeitsmerkmalen, Fleisch- und Schlachtqualitätsmerkmalen, Gesundheitsindikatoren sowie funktionalen Merkmalen signifikant voneinander unterscheiden lassen.

### **5.3 Vergleich unterschiedlicher genetisch-statistischer Modelle**

Im Vorfeld der finalen genetisch-statistischen Berechnungen werden zunächst unterschiedliche Modellvarianten untersucht. So wird zum einen der Datenumfang variiert, durch die Verwendung rassespezifischer Datensätze bzw. eines gemeinsamen Datensatzes unter Berücksichtigung etwaiger Rasseeffekte. Zum anderen werden verschiedene Ansätze zur Verwendung des Betriebes bzw. BT in Kombination mit dem Testtag bzw. Testmonat getestet. Der Vergleich dient der Überprüfung von möglichen Einflussfaktoren auf genetisch-statistische Parameter. Die Berechnungen werden nur innerhalb der Rinderpopulation durchgeführt.

Ursächlich hierfür ist, dass nur in der Rinderpopulation genetisch-statistische Berechnungen für zwei Rassen durchgeführt werden können. Des Weiteren ermöglicht die Datenstruktur mit wiederholten Messungen im Rinderdatensatz die differenzierte Bildung von ZGG basierend auf dem Betrieb/BT mit einer zeitlichen Komponente in Form des Testtages bzw. des Testmonats. Innerhalb des Schweinedatensatzes sind diese Berechnungen nicht möglich, da zum einen die Lei-Population generell noch zu klein für eine Zuchtwertschätzung ist und zum anderen keine wiederholten Messungen durchgeführt wurden. Nichtsdestotrotz sollten die Ergebnisse bei vergleichbarer Datenstruktur übertragbar sein.

Generell ist zu erkennen, dass die Variante mit dem BT der Betriebsvariante in beiden Evaluierungskriterien überlegen ist. Entsprechend werden höhere Sicherheiten für ZW sowie geringere Ratio-Werte erzielt. Ebenfalls zeigt sich, dass mit zunehmendem Datenmaterial (DSN-Datensatz am kleinsten, gemeinsamer Datensatz-DSN + HF am größten) sich die Evaluationskriterien verbessern. Dabei ist der Effekt für die Sicherheit der ZW größer als bei den Ratio-Werten. Die berechneten Ratio-Werte schwanken in relativ engen Grenzen für das Merkmal Mkg zwischen Ratio = 0,50 (DSN-Datensatz + Testtag/Testmonat) und Ratio = 0,54 (HF-Datensatz + Testtag/Testmonat) bzw. für das Merkmal SCS zwischen Ratio = 0,60 (DSN-Datensatz + Testtag/Testmonat) und Ratio = 0,65 (HF-Datensatz + Testtag/Testmonat). Insgesamt liegen die ermittelten Werte auf vergleichbarem Niveau wie Strabel und Szwaczkowski (1999) für die polnische (Ratio = 0,48) bzw. Candrak et al. (1997) für die slowakische Milchrinder-Population (Ratio = 0,50) angaben.

Basierend auf der phylogenetischen Nähe der beiden Rassen (Biedermann et al., 2005) und der Tatsache einer zum Teil nicht eindeutigen Rassecodierung seitens der Landwirt:innen (Jaeger et al., 2018) ist die Verwendung eines gemeinsamen Datensatzes unter Verwendung eines Rasseneffekts in der Modellierung für die Rassen DSN und HF angeraten.

Bei der Betrachtung, welchen Einfluss der klassische Betriebseffekt, der neukonzipierte BT-Effekt bzw. Kombinationen aus beiden hat, zeigt sich deutlich, dass der BT-Effekt einzeln im Modell die höchsten Sicherheiten und niedrigsten Ratio-Werte (Mkg, bei SCS alle Ratio-Werte auf ähnlichem Niveau) generiert. Die Verwendung beider Effekte in demselben Modell sowie die Nestung des Betriebes innerhalb des jeweiligen BT reduzieren den positiven Einfluss des BT auf das Niveau des ursprünglichen Betriebseffektes.

Entsprechend dieser Beobachtungen wird für die nachfolgenden Berechnungen zum einen ein gemeinsamer Datensatz für beide Rassen verwendet und zum anderen wird auf Kombinationseffekte bzw. Nestungsvarianten zwischen Betrieben und BT verzichtet.

#### 5.4 Varianzkomponentenschätzung und Heritabilitäten

Mit den in Kapitel 3.5 vorgestellten Modellen erfolgt die Schätzung der Varianzkomponenten und Heritabilitäten innerhalb der jeweiligen Population. Generell ergeben sich unter Verwendung der BT höhere Heritabilitäten gegenüber der konventionellen Modellierung mit Betriebseffekt. Zur Evaluierung der Anpassungsgüte wird der Ratio-Wert, als Verhältnis der Restvarianz zur Gesamtvarianz, genutzt, wobei ein geringes Verhältnis bevorzugt wird (Candrak et al., 1997; Strabel und Szwaczkowski, 1999). Insgesamt zeigt sich, dass bei dem überwiegenden Teil der Merkmale die Berücksichtigung des BT zu einer Reduzierung des Ratio-Wertes und damit zu einer Verbesserung der Anpassungsgüte führt. Entsprechend ist die BT-Modellierung der klassischen Betriebs-Modellierung zu bevorzugen. Hingegen weist der Ratio-Wert innerhalb eines Merkmals für die Variante Testmonat anstelle des Testtags keine Verbesserung auf, sodass tendenziell eher der Testtag, als zeitaktuelle Beschreibung der Herdenumwelt (Kennedy und Trus, 1993; Swalve, 2000; Emmerling, 2001) zu bevorzugen ist.

##### Varianzkomponentenschätzung und Heritabilitäten - Rinderpopulation

Insbesondere bei den mengenmäßigen Produktionsmerkmalen (Mkg, Pkg, Fkg) innerhalb der Rinderpopulation zeigen sich durch die Verwendung des BT deutliche Zuwächse der Heritabilität von bis zu 16 % (Pkg; Testtag) bzw. 17 % (Pkg; Testmonat). Hingegen bedingt die Verwendung des Testmonats gegenüber dem Testtag nur geringfügige Veränderungen von 3 % (FEQ; Betrieb) bzw. 4 % (FEQ; BT). Tendenziell liegen die ermittelten Heritabilitäten unter Berücksichtigung des Betriebseffektes im vergleichbaren Rahmen zu Literaturangaben. So sind die von Strabel und Szwaczkowski (1997) angegebenen Heritabilitäten (Mkg:  $h^2 = 0,27$ , Pkg:  $h^2 = 0,25$ , Fkg:  $h^2 = 0,22$ ) für polnische „Black-White cattle“ (vergleichbar mit DSN) sehr ähnlich der eigens ermittelten Erblichkeiten mittels Betriebseffekt (Mkg:  $h^2 = 0,24$ , Pkg:  $h^2 = 0,23$ , Fkg:  $h^2 = 0,22$ ). Hingegen sind die errechneten Heritabilitäten mittels BT-Effekt im Modell mit Testtag (Mkg:  $h^2 = 0,38$ , Pkg:  $h^2 = 0,39$ , Fkg:  $h^2 = 0,30$ ) und Testmonat (Mkg:  $h^2 = 0,39$ , Pkg:  $h^2 = 0,40$ , Fkg:  $h^2 = 0,32$ ) etwas höher. Dechow und Norman (2007) schätzten unter anderem ähnliche Werte für Holsteins in amerikanischen Betrieben (Mkg:  $h^2 = 0,35$ , Pkg:  $h^2 = 0,31$ , Fkg:  $h^2 = 0,40$ ), Boettcher et al. (2003) für kanadische Herden (Mkg:  $h^2 = 0,37$ , Pkg:  $h^2 = 0,36$ , Fkg:  $h^2 = 0,39$ ), Yin und König (2018) für HF-Betriebe in Nordost-Deutschland (Mkg:  $h^2 = 0,22$  bis  $0,37$ ) oder König et al. (2005a) für ost- und westdeutsche HF-Herden (Pkg:  $h^2 = 0,29$  bis  $0,41$ ). Bei der Betrachtung der Milchinhaltstoffe (FPr, PPr) gibt es z.T. erhebliche Schwankungen. Strabel und Szwaczkowski (1997) gaben bspw. Werte von  $h^2 = 0,18$  (FPr) bzw.  $h^2 = 0,20$  (PPr) an, wohingegen die Werte von Boettcher et al. (2003) im Bereich von  $h^2 = 0,67$  bis  $h^2 = 0,70$  (FPr) bzw.  $h^2 = 0,61$  bis  $h^2 = 0,64$  (PPr) liegen. Yin und König (2018) ermittelten

Erblichkeiten zwischen  $h^2 = 0,36$  und  $h^2 = 0,41$  (FPr) bzw.  $h^2 = 0,35$  und  $h^2 = 0,41$  (PPr), welche mit den eigenen Werten ( $h^2 = 0,31$  bis  $h^2 = 0,33$  (FPR) bzw.  $h^2 = 0,36$  und  $h^2 = 0,40$  (PPr) vergleichbar sind. Die ermittelten Ratio-Werte von 0,48 (Mkg, BT, Testtag) und 0,62 (Fkg, Betrieb und Testmonat) sind vergleichbar mit denen von Strabel und Szwaczkowski (1999), welche Werte zwischen 0,41 und 0,58 angaben. Insgesamt identifizieren die Ratio-Werte eine höhere Anpassungsgüte bei allen Produktionsmerkmalen durch die Berücksichtigung des BT. Anders als erwartet reduziert sich nicht die Restvarianz (Ptak und Schaeffer, 1993; Swalve, 1995; Strabel und Szwaczkowski, 1999), sondern es kommt zu einer deutlichen Steigerung der additiv-genetischen Varianzen, die z.T. mehr als doppelt so hoch sind. Diese könnten auf einen breiteren Einsatz von Bullen innerhalb der BT hinweisen. Entsprechend haben mehr Bullen innerhalb eines BT Nachkommenleistungen, was in einer höheren Schätzgenauigkeit resultiert.

Die ermittelten Heritabilitäten für die Gesundheitsindikatoren (FEQ:  $h^2 = 0,22$  bis  $h^2 = 0,26$ ; SCS:  $h^2 = 0,13$  bis  $h^2 = 0,15$ ) befinden sich auf einem ähnlichen Niveau wie Buttchereit et al. (2011) für FEQ ( $h^2 = 0,30$ ) oder Yin und König (2018) bzw. Haile-Mariam et al. (2003) für SCS ( $h^2 = 0,08$  bis  $0,10$  bzw.  $h^2 = 0,14$ ) ermittelten. Die berechneten Ratio-Werte verändern sich durch eine geänderte Modellierung nur sehr geringfügig. Somit kann bei den Gesundheitsindikatoren nicht direkt von einer verbesserten Modellierung durch den BT gesprochen werden.

Im Allgemeinen weisen Fruchtbarkeitsmerkmale eine geringe Heritabilität auf (Haile-Mariam et al., 2003; Andersen-Ranberg et al., 2005; König et al., 2008b; Gernand und König, 2017). Dies spiegelt sich auch in den niedrigen Werten (EBE:  $h^2 = 0,03$  (Betrieb) bzw.  $h^2 = 0,04$  (BT), RAST:  $h^2 = 0,1$  (Betrieb) bzw.  $h^2 = 0,15$  (BT)) der vorliegenden Arbeit wider. König et al. (2008b) wiesen darauf hin, dass die RAST als Fruchtbarkeitsmerkmal vermutlich zuverlässiger ist als die Non-Return-Rate (vergleichbar zum EBE). Sie führten an, dass sich eine mangelnde Dokumentation der Besamungen, insbesondere beim Einsatz des Natursprungs, negativ auf die Schätzparameter auswirkt. Basierend auf der Befragung der Landwirt:innen zeigt sich, dass knapp die Hälfte der Betriebe dieser Untersuchung teilweise Natursprungbullen einsetzen, was die niedrige Heritabilität des EBE erklärt. Aus züchterischer Sicht sind vor allem Merkmale mit hohen Erblichkeiten interessant (König et al., 2008b). Entsprechend ist die RAST, welche 3,3-fach (Betrieb) bzw. 3,8-fach (BT) höhere Heritabilitäten gegenüber des EBE aufweisen, zu bevorzugen. König et al. (2008b) geben einen etwas niedrigeren Faktor von 2,6 zwischen RAST und Non-Return-Rate an. Allerdings ist zu beachten, dass die RAST stark von Managemententscheidungen, wie eine verlängerte freiwillige Wartezeit, beeinflusst werden

kann (Dekkers et al., 1998; Miller et al., 2007; Inchaisri et al., 2011). Pasman et al. (2006) schlugen alternativ das Kalbeintervall (von Kalbung bis zur erfolgreichen Besamung) unter Berücksichtigung der RAST und der Non-Return-Rate als besser geeignetes Fruchtbarkeitsmerkmal vor. Boettcher et al. (2003) schätzten für das Kalbeintervall jedoch lediglich Heritabilitäten von  $h^2 = 0,03$  bis  $h^2 = 0,05$ , allerdings ohne Berücksichtigung der RAST bzw. der Non-Return-Rate. Die eigens durchgeführten Berechnungen für die RAST mittels BT-Modellierung mit Erblichkeiten von  $h^2 = 0,15$ , zeigen durchaus Vorteile gegenüber anderen Modellierungen, bzw. können innerhalb kombinierter Fruchtbarkeitsmerkmale, wie von Pasman et al. (2006) vorgeschlagen, einen zusätzlichen Gewinn liefern. Zudem zeigen auch die ermittelten Ratio-Werte eine höhere Anpassungsgüte der Modellierungen mit BT.

Hinsichtlich der funktionalen Merkmale werden sowohl lineare als auch Schwellenwert-Modelle (= logistische Modelle) verwendet. König von Borstel et al. (2018) zeigten zwar, dass zwischen linearen und logistischen Modellen lediglich geringe Abweichungen genetischer Parameter bestehen, vorausgesetzt sei jedoch eine gleichmäßige Verteilung der binären Merkmale innerhalb der logistischen Modellierung. In der vorliegenden Arbeit zeigen sich innerhalb der linearen Modelle höhere Heritabilitäten, ähnliches beobachteten auch Aikins-Wilson et al. (2021). Hingegen generierten u.a. Heringstad et al. (2018) oder Boettcher et al. (1998) i.d.R. höhere Erblichkeiten mittels Schwellenwert-Modell. Dies steht im Einklang mit den vergleichenden Untersuchungen zwischen linearen Modellen und Schwellenwert-Modellen von Varona et al. (1999), die bei typischer binärer Datenstruktur eine Überlegenheit der Schwellenwert-Modelle und damit einhergehend auch höhere Heritabilitäten identifizierten, was auf der Theorie für die Analyse kategorialer Daten (Dempster und Lerner, 1950) beruht. Zum einen sei zu erwähnen, dass bei den eigenen Berechnungen keine annähernde Gleichverteilung der binär-definierten Merkmale für das Schwellenwert-Modell vorlagen, was König von Borstel et al. (2018) als Voraussetzung beschrieben. Analog formulierten Aikins-Wilson et al. (2021) die Transformation linearer Merkmale in eine binäre Struktur als problematisch und sprachen sich für Schwellenwert-Modelle aus, welche mehr als 2-Klassen zulassen, wobei sie gleichzeitig die gleichmäßige Verteilung auf die Klassen als kritisch betrachteten. Zum anderen sei auf die insgesamt sehr hohen Ratio-Werte der Schwellenwert-Modelle verwiesen, was Ausdruck einer geringen Anpassungsgüte der Modellierungen ist. Da die eigentliche Intention der Arbeit darin besteht einen Vergleich des Einflusses des Betriebseffektes bzw. des BT-Effektes auf die Modellierung zu analysieren, wird sowohl für die lineare Modellierung als auch das Schwellenwert-Modell derselbe Modelllaufbau gewählt und die entsprechend geringen Anpassungsgüten werden außer Acht gelassen. Insgesamt zeigt der BT-Effekt innerhalb der

Modellierung sowie die Verwendung des Testmonats gegenüber dem Betriebs-Effekt und Testtag höhere Erblichkeiten, entsprechend ist diese Variante zu bevorzugen. Anzumerken sei, dass jeweils nur eine einmalige Beurteilung durchgeführt wurde. Das kann insbesondere bei stark umweltbeeinflussten Merkmalen, wie der Sauberkeit, die Schätzgenauigkeit deutlich beeinflussen. Die Gruppierung von Betrieben zu BT und die Verwendung des Testmonats führen zu einer deutlich gesteigerten Beobachtungshäufigkeit innerhalb des BT, wodurch die höheren Heritabilitäten erklärt werden können.

Die eigens geschätzten Heritabilitäten für den BCS mit Werten bis zu  $h^2 = 0,09$  (Betrieb + Testmonat) sind denen in der Literatur beschriebenen deutlich unterlegen. So gaben Haas et al. (2007) Erblichkeiten von bis zu  $h^2 = 0,17$ , Banos et al. (2004) von bis zu  $h^2 = 0,22$ , Kadarmideen und Wegmann (2003) von bis zu  $h^2 = 0,24$ , Buttchereit et al. (2011) von bis zu  $h^2 = 0,34$  oder Berry et al. (2003) sogar bis zu  $h^2 = 0,58$  an. Ursächlich für die großen Unterschiede können unter anderem genannt werden - der Datenumfang, die Modellierung sowie die Häufigkeit der Beurteilung. So verwendeten Haas et al. (2007), Banos et al. (2004) sowie Kadarmideen und Wegmann (2003) eine einmalige Beurteilung innerhalb von Vatermodellen mit großen Datensätzen ( $n = 22.075$ ,  $n = 206.613$  bzw.  $n = 31.500$ ), wohingegen Buttchereit et al. (2011) und Berry et al. (2003) mehrmalige Beurteilungen (monatlich bzw. fünfmalig) innerhalb von Tiermodellen nutzten. Entsprechend können die eigenen geringen Heritabilitäten, welche basierend auf einer einmaligen Beurteilung mittels Tiermodell anhand eines relativ geringen Datenumfanges ( $n = 1.730$ ) geschätzt wurden, eingeordnet werden. Zudem erfolgte die Einschätzung des BCS in einer etwas abgewandelten Einteilung (vgl. Kapitel 3.1.1.4), was sich ebenfalls auf die absoluten Werte der Schätzung auswirken kann.

Hughes (2001) beschrieb die Hygiene der Tiere als ein weit verbreitetes Problem in vielen Milchviehbetrieben und indiziert im Umkehrschluss die Sauberkeit der Tiere als einen nützlichen Indikator des hygienischen Herdenumfelds. Verschmutzungen, speziell im Euterbereich gehen mit einer höheren bakteriellen Belastung einher (Schreiner und Ruegg, 2003; Munoz et al., 2008), dies steht wiederum im Zusammenhang mit einem erhöhten SCS und intramammären Infektionen (Ellis et al., 2007; Breen et al., 2009). Überwiegend wird die Sauberkeit der Tiere mit dem Management des Betriebes (Reinigung der Stallgänge, Gülle-Management, Überbelegung, Rangordnungskämpfe, Melkroutine, etc.) in Verbindung gebracht (Schreiner und Ruegg, 2003; Breen et al., 2009; Jaeger, 2018). Die durchgeführten genetisch-statistischen Berechnungen legen allerdings auch einen genetischen Zusammenhang nahe. Je nach Modellierungsvariante können Heritabilitäten von bis zu  $h^2 = 0,16$  ermittelt

werden, wodurch eine züchterische Bearbeitung tendenziell möglich wäre. Allerdings sei auch hier der recht geringe Datenumfang ( $n=1.730$ ) sowie die nur einmalige Beurteilung zu berücksichtigen. Denkbar wäre auch, dass die ermittelten Erblichkeiten der Sauberkeit des Euters eher auf die züchterische Bearbeitung von Exterieurmerkmalen wie der Euteraufhängung, Euterform, Eutertiefe, Zitzenlänge, Hinterbeinstellung, -winkelung etc., zurückzuführen sind. Pantelić et al. (2010) identifizierten für euterbezogene Merkmale Heritabilitäten bis zu  $h^2 = 0,26$  (Zitzenlänge). Innerhalb der nationalen ZWS werden vom VIT (2022) bspw. Erblichkeiten für die Euteraufhängung von  $h^2 = 0,16$ , für die Eutertiefe von  $h^2 = 0,33$ , für die Euterform von  $h^2 = 0,23$ , für die Zitzenlänge von  $h^2 = 0,33$ , für die Hinterbeinstellung von  $h^2 = 0,12$  bzw. die Hinterbeinwinkelung von  $h^2 = 0,17$  angegeben.

Für die Lahmheit als funktionales Merkmal werden innerhalb eines Reviews von Heringstad et al. (2018) Erblichkeiten zwischen  $h^2 = 0,02$  und  $h^2 = 0,16$  angegeben. König et al. (2005b) schätzten Erblichkeiten zwischen  $h^2 = 0,10$  und  $h^2 = 0,22$  innerhalb logistischer Modelle für verschiedene Erkrankungskomplexe, die mit einer Lahmheit einhergehen. Buttchereit et al. (2011) und Boettcher et al. (2003) berichteten für Erkrankungen, welche am Bein oder der Klaue lokalisiert sind, eine Heritabilität von  $h^2 = 0,15$  bzw.  $h^2 = 0,17$ . Innerhalb der eigenen linearen Modellierungen können etwas höhere Erblichkeiten bis zu  $h^2 = 0,34$  (BT + Testmonat) generiert werden. Hingegen liegen die innerhalb der logistischen Modellierung geschätzten Heritabilitäten nahe Null. Dies könnte auf den geringen Anteil an lahmen Tieren ( $< 10\%$  aller beurteilten Tiere) innerhalb des Datensatzes zurückgeführt werden, was im Kontrast zur Voraussetzung der Gleichverteilung binärer Merkmale steht (Aikins-Wilson et al., 2021; König von Borstel et al., 2018).

### Varianzkomponentenschätzung und Heritabilitäten - Schweinepopulation

Die berechneten Heritabilitäten der Schlachtkörper- und Fleischqualitätsmerkmale mittels Modell mit Betriebseffekt sind nahezu identisch mit den publizierten Werten von Biermann et al. (2014), aus deren Projekt „*Entwicklung eines ökonomisch ausgerichteten Zuchtprogramms für die bedrohte Schweinerasse Bunte Bentheimer*“, ein Großteil der hierfür verwendeten Schlachtdaten stammen. Geringfügige Unterschiede sind einer angepassten Datenaufbereitung sowie der möglichen Nutzung variierender Schätzkoeffizienten innerhalb des Programms DMU (Madsen und Jensen, 2013) geschuldet. Das Ziel der vorliegenden Arbeit besteht in der Optimierung der Schätzung durch die Verwendung einer BT-Modellierung gegenüber der klassischen Modellierung mittels Betriebseffekt. Insgesamt können überwiegend Steigerungen der ermittelten Heritabilitäten verzeichnet werden. So können bei den erfassten Schlachtqualitäten Zunahmen der Erblichkeiten bis zu  $11\%$  (Leitfähigkeit) bzw. bei den *in vivo*

erfassten Schlachtkörpermerkmalen von bis zu 17 % durch den BT-Effekt generiert werden. Hingegen kommt es beim intramuskulären Fettgehalt durch den BT-Effekt zu einer Reduzierung der Heritabilität von  $h^2 = 0,78$  (Betrieb) auf  $h^2 = 0,65$  (BT). Dodenhoff et al. (2019) ermittelten ebenfalls sehr hohe Heritabilitäten ( $h^2 = 0,77$ ) für den intramuskulären Fettgehalt, wohingegen Tusell et al. (2016) deutlich niedrigere Werte zwischen  $h^2 = 0,31$  (Single-Step-Modell) und  $h^2 = 0,40$  (pedigree-basiertes Modell) angaben. Haberland et al. (2014) und Knapp et al. (1997) berechneten ebenfalls niedrigere Erblichkeiten von  $h^2 = 0,60$  bzw.  $h^2 = 0,38$  bis  $h^2 = 0,67$ . Knapp et al. (1997) zeigten zudem einen deutlichen Einfluss der Rasse auf die ermittelten Heritabilitäten. So hat die Rasse Large White eine Erblichkeit für den intramuskulären Fettgehalt von  $h^2 = 0,38$ , Piétrain von  $h^2 = 0,42$  und die Landrasse von  $h^2 = 0,67$ . Entsprechend sollte der Rasseeffekt bei der Beurteilung immer berücksichtigt werden. Nichtsdestotrotz können die eigenen sehr hohen Heritabilitäten mittels Betriebseffekt ( $h^2 = 0,78$ ) vermutlich als eine Art Überschätzung und die Heritabilität mittels BT-Effekt ( $h^2 = 0,65$ ) als realistischerer Wert betrachtet werden. Dafür spricht auch die höhere Anpassungsgüte des BT-Modells.

Die berechneten Heritabilitäten ( $h^2 = 0,38$  (Betrieb) bzw.  $h^2 = 0,39$  (BT)) für das Merkmal Muskelfleischanteil sind vergleichbar mit denen in der Literatur (u.a. Haberland et al. (2014):  $h^2 = 0,34$ , Meuwissen et al. (2014):  $h^2 = 0,48$ , Tusell et al. (2016):  $h^2 = 0,46$ ). Auch für das Merkmal Rückenspeckdicke werden in der Literatur ähnliche Werte ( $h^2 = 0,48$  (Betrieb) bzw.  $h^2 = 0,50$  (BT)) beschrieben. So gibt Merks (1988) Erblichkeiten zwischen  $h^2 = 0,53$  und  $h^2 = 0,56$ , Long et al. (1990) von  $h^2 = 0,53$ , López-Serrano et al. (2000) von  $h^2 = 0,40$  bis  $h^2 = 0,41$ , Kanis et al. (2005) von  $h^2 = 0,45$  oder Holl et al. (2010) von  $h^2 = 0,56$  an. Für die *in vivo* mittels Ultraschall erfassten Merkmale (Rückenmuskel- und Rückenspeckdicke) sind die Heritabilitäten verglichen zu denselben Merkmalen am Schlachtkörper niedriger. Dies kann Biermann et al. (2014) zufolge auf eine höhere Varianz der Herdenumwelt bei der Merkmalerfassung am lebenden Tier, basierend auf einer größeren Anzahl lebend gemessener Vollgeschwister im Vergleich zur Anzahl gemessener geschlachteter Vollgeschwister zurückgeführt werden. Analog zu Biermann et al. (2014) und Lo et al. (1992) zeigen sich innerhalb bivariater Rechenläufe zwischen Merkmalen, die sowohl am lebenden Tier (*in vivo*) sowie am Schlachtkörper (*post mortem*) erfasst werden, hohe genetische Korrelationen von  $r_g = 0,99$  (Muskelfleischanteil) bzw.  $r_g = 0,98$  (Rückenspeckdicke) im Modell mittels Betriebseffekt und mittels BT-Effekt von  $r_g = 0,97$  (Muskelfleischanteil) bzw.  $r_g = 0,96$  (Rückenspeckdicke). Lo et al. (1992) schlussfolgern, dass basierend auf den hohen genetischen Korrelationen und Heritabilitäten eine züchterische Selektion auf Grundlage von

Ultraschallmessungen (*in vivo*) zu einer Verbesserung der Schlachtkörpermerkmale beitragen kann.

Auch die ermittelten Heritabilitäten für die Merkmale Tropfsaft (nach 24 h), Leitfähigkeit (nach 24 h), Scherkraft und Grillverlust stehen im Kontext der Literatur, zum Vergleich sei hier auf Arbeiten z.B. von Suzuki et al. (2005), Borchers et al. (2007), Haberland et al. (2014) oder Dodenhoff et al. (2019) verwiesen.

Für die funktionalen Merkmale wurden sowohl lineare als auch logistische Modellierungen verwendet. Analog zu den funktionalen Merkmalen in der Rinderpopulation zeigen die linearen Modellierungen höhere Heritabilitäten sowie geringere Ratio-Werte. Ursächlich hierfür ist die Notwendigkeit einer Gleichverteilung binär - definierter Merkmale innerhalb der logistischen Modellierung (König von Borstel et al., 2018; Aikins-Wilson et al., 2021), was in der vorliegenden Arbeit nicht gegeben ist. Insgesamt zeigt sich auch hier ein Vorteil durch die Verwendung des BT-Effektes gegenüber dem klassischen Betriebseffekt. Der Vergleich der ermittelten Heritabilitäten für die Merkmale Verhalten, Fundament und Exterieur gestaltet sich insofern schwierig, als dass für diese Merkmale keine einheitliche Definition besteht. So schätzten König von Borstel et al. (2018) basierend auf unterschiedlichen Verhaltenstests innerhalb verschiedener Lebensabschnitte Heritabilitäten (mit linearem Modell bzw. Schwellenwert-Modell) zwischen  $h^2 = 0,04$  und  $h^2 = 0,36$  bzw. zwischen  $h^2 = 0,00$  und  $h^2 = 0,12$ . Holl et al. (2010) schätzten Erblichkeiten von  $h^2 = 0,23$  für das Verhalten, welches in der 22. Lebenswoche während der Wiegung und Rückenspeckmessung anhand einer 5-stufigen Skala erfasst wurde. Kanis et al. (2005) bewerteten das Verhalten von Sauen während der Trächtigkeit ebenfalls anhand einer 5-stufigen Skala, allerdings mit einer abweichenden Merkmalsdefinition. Sie ermittelten Heritabilitäten von  $h^2 = 0,20$ . Verhaltens-, Fundaments- oder Exterieurmerkmale besitzen aktuell keine monetäre Bewertung, sollten aber im Hinblick auf eine gesellschaftlich akzeptierte Zucht weiterverfolgt werden (Kanis et al., 2005), insbesondere vor dem Hintergrund einer moderaten Erblichkeit, was Voraussetzung einer züchterischen Bearbeitung ist. Zudem könnte insbesondere in kommerziellen Herden eine verbesserte Handhabung, bedingt durch ruhigere Tiere, zu einer Verbesserung des Tierwohls, der Arbeitssicherheit und einer Verkürzung der Arbeitsroutine beitragen (Lindhorst et al., 2019).

Die ermittelten Heritabilitäten für die beiden Fruchtbarkeitsmerkmale (lebendgeborene bzw. abgesetzte Ferkel) sind in der Tendenz etwas höher als in der Literatur beschrieben. So ermittelten Holl und Robison (2003) innerhalb von zwei unterschiedlichen Selektionslinien für die Anzahl lebendgeborener Ferkel Erblichkeiten von  $h^2 = 0,01$  bis  $h^2 = 0,23$ . Long et al. (1990)

gaben Heritabilitäten von  $h^2 = 0,18$ , Kanis et al. (2005) von  $h^2 = 0,10$  und Engblom et al. (2009) von  $h^2 = 0,06$  (Landrasse) bis  $h^2 = 0,12$  (Yorkshire) an. Hanenberg et al. (2001) und Hamann et al. (2004) berechneten die Erblichkeiten differenziert nach der Wurfnummer (erster Wurf vs. restliche Wurfnummern) und konnten einen entsprechenden Einfluss zeigen. So ermittelten sie eine Heritabilität für den ersten Wurf von  $h^2 = 0,08$  (Hanenberg et al., 2001) bzw. von  $h^2 = 0,15$  (Hamann et al., 2004) und für die darauffolgenden Würfe von  $h^2 = 0,09$  bzw.  $h^2 = 0,11$ . Serenius und Stalder (2004) berechneten für das Merkmal abgesetzte Ferkel Erblichkeiten von  $h^2 = 0,06$ . Dodenhoff et al. (2019) ermittelten aus den Daten der Zuchtleistungsprüfung in den Ferkelerzeugerbetrieben der Fleischerzeugerringe des LKV Bayern Heritabilitäten von  $h^2 = 0,08$  (lebendgeborene Ferkel) und  $h^2 = 0,05$  (abgesetzte Ferkel). Anders als in den Auswertungen von Dodenhoff et al. (2019) zeigen die eigenen Berechnungen unter Berücksichtigung des Betriebseffektes für das Merkmal lebendgeborene Ferkel eine geringere Heritabilität  $h^2 = 0,19$  als für das Merkmal abgesetzte Ferkel  $h^2 = 0,21$ . Hingegen gab es bei der Verwendung des BT-Effektes keine Unterschiede zwischen beiden Merkmalen ( $h^2 = 0,23$ ). Die BB-Schweine werden häufig in Hobbyhaltungen bzw. innerhalb kleiner Betriebsstrukturen gehalten und haben einen „Liebhaber-Status“, entsprechend werden Geburten sowie die Aufzucht der Ferkel als etwas Besonderes betrachtet und intensiv beobachtet, wodurch Verluste, insbesondere von lebensschwachen Ferkeln vermieden werden können. Dies könnte als Ursache für die höheren Heritabilitäten im Merkmal abgesetzte Ferkel interpretiert werden. Verzerrungen bedingt durch Sonderbehandlungen werden auch von König und Simianer (2007) bei Bullenmüttern berichtet.

Insgesamt lässt sich auch innerhalb der Schweinepopulation erkennen, dass sich mithilfe des BT-Effektes die Anpassungsgüte der Modellierungen verbessert. Analog zur Rinderpopulation resultieren die geringeren Ratio-Werte nicht in der Reduktion der Restvarianz, sondern in einer Steigerung der additiv-genetischen Varianz. Speziell in der Schweinepopulation kann zudem eine Zunahme der permanenten Umweltvarianz beobachtet werden, dies kann vermutlich auf den höheren Anteil von Vollgeschwistern innerhalb einer Herdenumwelt zurückgeführt werden (Biermann et al., 2014). Die permanente Umweltvarianz für die funktionalen Merkmale liegt nahe Null, was in der geringen Anzahl von wiederholten Beobachtungen bzw. der ungünstigen Datenverteilung (keine Gleichverteilung der binären Merkmalsdefinition (König von Borstel et al. (2018), Aikins-Wilson et al. (2021))) begründet ist.

Bei dem Vergleich von Heritabilitäten ist grundsätzlich der Einfluss der Schätzverfahren (Schwellenwert-Modelle, Testtagsmodelle, Vatermodelle, Bi-/Multivariate Modelle, etc.), die Stratifizierung der Daten (u.a. Boettcher et al. (2003), König et al. (2005a), Dechow und

Norman (2007), Yin und König (2018)) sowie Merkmalsdefinition (z.B. Testtagsleistung vs. 305-d Leistung, Einteilung des BCS, etc.) zu berücksichtigen. Zudem sei darauf verwiesen, dass in dieser Arbeit für mehrere Merkmale z.T. identische Modellierungen verwendet werden und nicht merkmalspezifisch-individualisierte Modelle. Dies liegt darin begründet, dass das Hauptaugenmerk auf dem Einfluss einer angepassten Modellierung liegt, welche eine Veränderung der Schätzparameter bedingen können, und weniger auf den absoluten Werten der genetisch-statistischen Schätzungen.

### **5.5 Vergleich der Zuchtwertschätzung zwischen konventioneller und neukonzipierter Modellierung**

Parallel zur Schätzung der Varianzkomponenten und Heritabilitäten werden die in Kapitel 3.5 vorgestellten Modelle zur Berechnung der ZW und der ZW-Sicherheiten (Rinderpopulation) bzw. ZW-Genauigkeiten (Schweinepopulation) verwendet. Die offiziell publizierten Bullen- bzw. Eber-ZW basieren auf einer kontinuierlichen Anpassung an eine gleitende Basispopulation, als sogenannte Relativ-ZW (Swalve und Höver, 2003). Entsprechend sind für einen Vergleich von ZW die Natural-ZW zu bevorzugen. Hierbei ist der absolute Wert der ermittelten Natural-ZW weniger entscheidend, als vielmehr die Sicherheiten/Genauigkeiten der Natural-ZW, zur Interpretation des erwarteten Fehlers der Schätzung (VanRaden, 2001). Grundsätzlich ändern sich die ZW eines Tieres und deren Sicherheiten/Genauigkeiten je mehr Informationen über die Nachkommenschaft verfügbar werden (VanRaden, 2001). Aufgrund der Reproduktionsbiologie können männliche Tiere generell mehr Nachkommen generieren als weibliche Tiere, folglich weisen Väter i.d.R. ZW mit höheren Sicherheiten/Genauigkeiten auf als Mütter. VanRaden (2001) formuliert allgemein für Kühe eine Sicherheit von unter 60 %. Entsprechend werden in der vorliegenden Arbeit sowohl die ZW in der GP ermittelt als auch separat in der BP/EP. Erwartungsgemäß sind die Sicherheiten/Genauigkeiten der BP/EP denen der GP überlegen. Auch zeigen sich bei nahezu allen Merkmalen höhere Sicherheiten/Genauigkeiten, wenn innerhalb der Modelle der BT-Effekt anstelle des Betriebeffektes Verwendung findet. Analog zur Varianzkomponentenschätzung zeigt sich in der Rinderpopulation, dass es durch die Verwendung des Testmonats anstelle des Testtages lediglich zu marginalen Verbesserungen der Sicherheiten für ein Merkmal kommt. Somit scheint auch hier die Erklärung möglich zu sein, dass eine Maximierung der Besetzung der ZGG (BT + Testmonat) weniger entscheidend für die Optimierung der Sicherheiten ist (Grünhagen und Swalve, 1997), als vielmehr eine detaillierte Berücksichtigung der

Herdenumwelt (Kennedy und Trus, 1993) zum Zeitpunkt der Merkmalerfassung in Form des Testtages (Swalve, 2000; Emmerling, 2001).

### Vergleich der Zuchtwertschätzung zwischen konventioneller und neukonzipierter Modellierung - Rinderpopulation

Generell lässt sich feststellen, dass sich durch die BT-Modellierung alle ZW-Sicherheiten der Produktionsmerkmale, Gesundheitsindikatoren sowie Fruchtbarkeitsmerkmale verbessert haben. Insbesondere die Produktionsmerkmale Milch- und Proteinmenge weisen Steigerungen zwischen  $\Delta R^2 = 3,91\%$  (Mkg, GP, Testtag) und  $\Delta R^2 = 9,84\%$  (Pkg, BP, Testmonat) auf, wohingegen die Zunahme bei den Gesundheitsindikatoren und Fruchtbarkeitsmerkmalen etwas schwächer ausfiel, mit Steigerungen zwischen  $\Delta R^2 = 0,94\%$  (SCS, GP, Testtag) und  $\Delta R^2 = 4,84\%$  (RAST, BP, Testmonat). Neben den insgesamt höheren Sicherheiten durch die neukonzipierte Modellierung mittels BT-Effekt kann auch gezeigt werden, dass insbesondere, wenn Bullen noch wenige Nachkommeninformationen ( $\leq 15$  Töchter) besitzen, der Zuwachs der Sicherheiten besonders hoch ist (Mkg bis  $\Delta R^2 = 9,74\%$  (Testtag) bzw.  $\Delta R^2 = 11,19\%$  (Testmonat), SCS bis  $\Delta R^2 = 3,85\%$  (Testtag) bzw.  $\Delta R^2 = 5,16\%$  (Testmonat)).

Hinsichtlich der funktionalen Merkmale, als Indikatoren für das Tierwohlbefinden, führt die BT-Modellierung je nach Merkmal ebenfalls überwiegend zu einer Verbesserung der Sicherheiten der geschätzten ZW, allerdings weniger deutlich. Der größte Vorteil ergibt sich im linearen Modell für das Merkmal Sauberkeit des Euters. Durch die BT-Modellierung kann die Sicherheit der ZW im Mittel um  $\Delta R^2 = 2,32\%$  gesteigert werden, wohingegen die BT-Modellierung innerhalb eines Schwellenwertmodells für das Merkmal Lahmheit sogar zu einer Verringerung der Sicherheiten ( $\Delta R^2 = -0,22\%$ ) führt, wobei die geschätzten Sicherheiten insgesamt eher niedrig sind. Allerdings sei grundlegend bei funktionellen Merkmalen anzumerken, dass deren Heritabilitäten (BCS:  $h^2 = 0,04$  bis  $h^2 = 0,09$ ; Sauberkeit-Euter:  $h^2 = 0,00$  bis  $h^2 = 0,16$ ), wie bereits in Kapitel 5.4 diskutiert, generell sehr niedrig sind, was sich maßgeblich auf die Höhe der Sicherheiten auswirken kann (Buch et al., 2012; Calus et al., 2013a). Demzufolge wäre eine große Datenbasis notwendig, um entsprechend hohe Sicherheiten zu erzielen. Dennoch lässt sich in der Tendenz ein gewisser Vorteil der BT-Modellierung erkennen. Eine Weiterführung der Merkmalerfassung zur Erhöhung der Phänotypdaten wäre empfehlenswert, um finale Evaluierungen zur Modellgüte für diese funktionalen Merkmale durchzuführen bzw. um verlässliche Aussagen treffen zu können.

Die Steigerung der Sicherheit wirkt auf den ersten Blick eher marginal. Verglichen mit der Zunahme der Sicherheiten durch die genomische Selektion, mit einem Zuwachs je nach Merkmal zwischen  $\Delta R^2 = 2\%$  und  $\Delta R^2 = 20\%$  (Hayes et al., 2009) ist eine Zunahme der

Sicherheit zwischen ca.  $\Delta R^2 = 1\%$  und  $\Delta R^2 = 9\%$ , einzig durch die Berücksichtigung von BT und sonst identischem Datensatz, nicht zu vernachlässigen. Die genomische Selektion wird von Hayes et al. (2009) als die Methode beschrieben, welche der Milchwirtschaft den größten genetischen Gewinn der letzten 20 Jahre einbrachte. Innerhalb der genomischen Selektion konnten in den letzten Jahren durch eine Optimierung der Modellierung bzw. der Referenzpopulationen ähnliche Zuwächse der Sicherheiten erzielt werden, wie in der vorliegenden Arbeit, welche die optimierte Modellierung der pedigree-basierten ZWS im Fokus hat. Calus et al. (2013b) oder Lourenco et al. (2014) kombinierten Kuh- und Bullenreferenzpopulationen und konnten so Steigerungen zwischen  $\Delta R^2 = 1\%$  und  $\Delta R^2 = 9\%$  gegenüber der sonst genutzten BP erzielen. Lund et al. (2011) erzielten Sicherheitssteigerungen zwischen  $\Delta R^2 = 2\%$  und  $\Delta R^2 = 13\%$  für die Proteinmenge durch die gemeinsame Verwendung der Referenzpopulation aus Norwegen, Deutschland, Frankreich und den Niederlanden für die Rasse HF gegenüber der getrennten Nutzung der nationalen Referenzpopulationen. Daraus lässt sich ableiten, dass die hier generierten Steigerungen für eine pedigree-basierte Zucht durchaus relevant sind.

### Vergleich der Zuchtwertschätzung zwischen konventioneller und neukonzipierter Modellierung - Schweinepopulation

In der Schweinepopulation lässt sich ebenfalls feststellen, dass es bei allen Merkmalen (außer Exterieur) zu einer Erhöhung der Genauigkeiten durch die Verwendung des BT anstelle des Betriebes in den Schätzmodellen kommt. Hier sind merkmalsabhängig Steigerungen der Genauigkeiten von deutlich über  $\Delta R > 10\%$ , bis zu  $\Delta R = 39\%$  möglich. Auch in der Schweinezucht hat die genomische Selektion Einzug gehalten. In Relation zu Steigerungen, welche durch die genomischen Selektion generiert werden, verdeutlichen die berechneten Werte die Bedeutung der angepassten Modellierung der vorliegenden Arbeit. So ermittelten Forni et al. (2011) eine Steigerung der Genauigkeiten für das Merkmal Wurfgröße zwischen  $\Delta R = 6\%$  und  $\Delta R = 27\%$  der genomischen Selektion gegenüber der klassischen pedigree-basierten Schätzung. Guo et al. (2015) identifizierten für die Rassen Yorkshire und dänische Landrasse innerhalb verschiedener genomischer Modellierungsansätze für die Merkmale Wurfgröße, lebendgeborene Ferkel und Mortalität (vor dem 5. Lebenstag) Genauigkeitssteigerungen gegenüber der klassischen pedigree-basierten ZWS für genotypisierte Tiere von bis zu  $\Delta R = 11,8\%$  bzw. für nicht-genotypisierte Tiere von bis zu  $\Delta R = 2,4\%$ . Andersen-Ranberg und Grindflek (2014) beschrieben Steigerungen der Genauigkeiten zwischen  $\Delta R = 26\%$  und  $\Delta R = 67\%$  für Fruchtbarkeitsmerkmale (Wurfgröße, Totgeburten, Ferkelmortalität, Wurfgewicht, Streuung des Individualgewichts innerhalb des

Wurfs) bzw. für Produktionsmerkmale (Alter mit 40 kg Lebengewicht, Mastdauer und Futtermittelverbrauch zwischen 40 kg und 120 kg, Muskelfleischanteil, Ausschlagungsgrad) zwischen  $\Delta R = 8\%$  und  $34\%$  für die Linien Norsvin Landrasse und Norsvin Duroc. Akanno et al. (2014) zeigten anhand von simulierten Zuchtprogrammen innerhalb tropischer Entwicklungsländer Zunahmen der Genauigkeit von bis zu  $\Delta R = 85\%$  durch den Wechsel der pedigree-basierten Zuchtprogramme hin zur genomischen Selektion. Des Weiteren konnten sie den Einfluss der Heritabilität auf die Genauigkeit zeigen. So war der Anstieg bei Merkmalen mit niedriger Heritabilität (lebendgeborene Ferkel:  $h^2 = 0,08$ ) mit bis zu  $\Delta R = 72\%$  vergleichsweise höher als bei Merkmalen mit hoher Heritabilität (Rückenspeckdicke:  $h^2 = 0,63$ ) mit bis zu  $\Delta R = 46\%$ . Ebenfalls zeigten sie, dass der Effekt für Kreuzungstiere ( $\Delta R = 74\%$ ) höher ist, als bei Reinzuchtieren ( $\Delta R = 27\%$ ). Für eine detaillierte Beschreibung der genomischen ZWS innerhalb von Schweinepopulationen sei auf die Übersichtsarbeit von Samorè und Fontanesi (2016) verwiesen.

Die neukonzipierten Modellierungsansätze mittels BT-Effekt anstelle des klassischen Betriebseffektes haben zum einen gezeigt, dass Steigerungen bei nahezu allen untersuchten Merkmalen, sowohl in der Rinder- als auch der Schweinepopulation, möglich sind. Zum anderen kann innerhalb der Rinderpopulation auch gezeigt werden, dass zu einem früheren Zeitpunkt ZW mit höheren Sicherheiten geschätzt werden können. Somit erhalten die Landwirt:innen durch die genauere Schätzung von ZW ein verbessertes Zuchtwerkzeug für deren tägliche Selektionsentscheidungen.

### **5.6 Populationsstruktur**

#### Besetzung der Zeitfahrtengruppen

Nach Kennedy und Trus (1993) soll die ZGG eine möglichst große Bandbreite an Umweltbedingungen bei der Leistungserbringung abbilden. Demzufolge wird in der vorliegenden Arbeit der Betrieb bzw. der BT als kleinste räumliche Untergliederungseinheit gewählt. Da in der Rinderpopulation zudem wiederholte Leistungen erfasst wurden, der Einfluss des Betriebes bzw. des BT jedoch zeitlich nicht konstant ist (Emmerling, 2001), wird der Zeitpunkt (Testtag bzw. Testmonat) der Merkmalerfassung bei der Konstruktion der ZGG berücksichtigt. Die Formierung von ZGG in der Schweinepopulation bspw. aus Klassendurchschnitten der jeweiligen Merkmale bzw. der Kombination mit der Wurfnummer, der Wurfseason, etc. kann aufgrund dem Mangel an wiederholten Leistungen bzw. der Populationsstruktur nicht angewendet werden, da nicht gewährleistet ist, dass der überwiegende Teil der Betriebe entsprechende Beobachtungen in den jeweiligen Klassen aufweisen können.

Abhängig von der ZGG-Definition können ungünstige Herdenstrukturen zu einer mangelnden Anzahl an Beobachtungen innerhalb einzelner Herdenkontrolltage führen (Strabel und Szwaczkowski, 1999; Vasconcelos et al., 2008). Durch die Konstruktion der ZGG mittels BT + Testtag konnte zwar die Anzahl möglicher ZGG reduziert, die mittlere Beobachtungshäufigkeit pro ZGG-Klasse erhöht und gleichzeitig die Anzahl der schwach besetzten Klassen reduziert werden. Insgesamt war der Effekt des BT gegenüber dem Betrieb jedoch eher gering. Dies liegt darin begründet, dass die Wahrscheinlichkeit bei 30 Betrieben sehr gering ist, dass zwei Betriebe am selben Testtag beprobt werden und sich gleichzeitig im selben BT befinden. Entsprechend wird über den Testmonat der zeitliche Rahmen vergrößert, wodurch die mittleren Beobachtungen pro ZGG auf maximal 571,6 Beobachtungen in diesem Datensatz gesteigert werden konnten. Zudem wird in dieser Kombination die minimale Beobachtungshäufigkeit auf 6 Beobachtungen erhöht. Schmitz et al. (1991) gruppierten Kühe einer Herde mit ähnlichen Abkalbedaten, wobei der Abstand zwischen zwei Kalbungen sowie eine Mindestbeobachtungszahl pro ZGG als Clusterkriterien dienten. Anders als durch die eigenen Clusterungsstrategien konnten Schmitz et al. (1991) mit ihrem Ansatz das Problem der schwach besetzten ZGG nicht lösen.

Die deutliche Erhöhung der mittleren Beobachtungen pro ZGG durch den Kombinationseffekt BT + Testmonat führt lediglich zu einer geringfügigen Zunahme der Sicherheiten im Vergleich zum BT + Testtag (Pkg in BP:  $R^2 = 0,52$  vs.  $R^2 = 0,51$  bzw. SCS in GP:  $R^2 = 0,15$  vs.  $R^2 = 0,15$ ), wie bereits in Kapitel 5.5 beschrieben. Folglich scheint eine Maximierung der ZGG weniger entscheidend für die Erhöhung der Sicherheiten/Genauigkeiten zu sein (Grünhagen und Swalve, 1997), als eine detailliertere, zeitaktuelle Berücksichtigung der Herdenumwelt (Kennedy und Trus, 1993; Emmerling, 2001). So beschreibt auch Swalve (2000) den Hauptvorteil von Testtags-Modellen in der direkten Korrektur von fixen Effekten, speziell von denen, die sich im Zeitverlauf (innerhalb einer Laktation zwischen den Testtagen) verändern können. Tosh und Wilton (1994) weisen darauf hin, dass eine höhere Besetzung der ZGG zwar zu einer Erhöhung der Sicherheiten/Genauigkeiten führt, der Zugewinn aber mit steigender ( $> 5$  Tiere pro ZGG) Gruppengröße abnimmt.

### Effektive Töchterzahl

Die effektive Töchterzahl entspricht der Aufsummierung (für alle ZGG) des Verhältnisses von Töchtern eines Vatertieres mit Leistungsbeobachtungen zur Gesamtbeobachtungszahl innerhalb einer ZGG (van Vleck, 1987; Schmitz et al., 1991; Tosh und Wilton, 1994; van der Werf et al., 2010). Je höher der Wert eines Vatertieres ist, desto mehr informative Töchterleistungen besitzt dieser, was in einer genaueren Schätzung genetischer Parameter

resultiert. Hierbei ist zu erkennen, dass es durch die Verwendung von BT zu einem deutlichen Anstieg der durchschnittlichen effektiven Töchterzahl für die Bullen in der Rinderpopulation von 76,3 (Betrieb + Testtag sowie Betrieb + Testmonat) auf 168,3 (BT + Testtag) bzw. 172,4 (BT + Testmonat) kommt. Gleichfalls reduziert sich auch das Verhältnis von Bullen mit Töchterinformation zu Bullen ohne Töchterinformation je Betrieb bzw. BT von 1:18,6 (Betriebs-Modellierung) auf 1:2,6 (BT-Modellierung). Analog zeigt sich auch in der Schweinepopulation ein Anstieg der effektiven Töchterzahl von 11,1 (Betrieb) auf 21,8 (BT) sowie eine Reduktion des Verhältnisses von Ebern mit Töchterinformationen zu Ebern ohne Töchterinformation von 1:23,4 (Betrieb) auf 1:1,9 (BT). Entsprechend kann geschlussfolgert werden, dass die Gruppierung von ähnlich wirtschaftenden Betrieben zu BT die Anzahl der effektiven Töchter pro ZGG als auch eine gleichmäßigere Verteilung der effektiven Töchter auf die ZGG induziert. Insbesondere die gleichmäßige Verteilung sowie mindestens zwei Beobachtungen eines Vatertieres innerhalb einer ZGG werden von van der Werf et al. (2010) als entscheidend für eine effektive Schätzung genetischer Parameter benannt. Schmitz et al. (1991) beschrieben zudem den Hauptvorteil ihres Clusterungsansatzes als Flexibilität eine optimale Anzahl von Beobachtungen pro ZGG zu erhalten. Ein weiterer positiver Effekt auf die effektive Töchterzahl kann durch die Berücksichtigung der ZGG als zufälliger Effekt erzielt werden, jedoch weist van Vleck (1987) auf eine mögliche Verzerrung der genetischen Parameter hin. Bei der Verwendung der ZGG als fixer Effekt kann in ihren Modellierungen zwar keine Steigerung der effektiven Töchterzahl eines Vatertieres beobachtet werden, jedoch können Verzerrungen bedingt durch die Beziehungen zwischen ZGG und Vatertieren minimiert werden (van Vleck, 1987). Mit der in dieser Arbeit durchgeführten Strategie, Betriebe zu BT zusammenzufassen, kann ohne eine Anpassung der Modellierung (z.B. ZGG als zufälliger Effekt) eine Steigerung der effektiven Töchterzahl generiert werden. Somit kann bei einer Steigerung der effektiven Töchterzahl durch die BT-Modellierung mit einer Zunahme der Sicherheit/Genauigkeit genetischer Parameter gerechnet werden. Generell kann der negative Einfluss auf die Sicherheit/Genauigkeit geschätzter ZW, der sich durch die zunehmende Variation innerhalb der Vergleichsgruppen (bedingt durch die Gruppierung zu BT) ergibt, durch eine erhöhte Anzahl effektiver Töchterinformationen kompensiert werden (Schmitz et al., 1991).

### Aufbereitung des Pedigrees

Die Berechnung von Verwandtschafts- und Inzuchtkoeffizienten sowie Inzuchtdepressionen ist stark von der Vollständigkeit des Pedigrees abhängig (MacCluer et al., 1983; Miglior et al., 1992; König und Simianer, 2006). Nach Cassell et al. (2003) führen fehlende Pedigree-

Informationen tendenziell zur Unterschätzung von Inzuchtdepressionen, gleichzeitig betonen sie, dass das Fehlen naher Verwandteninformationen deutlich stärker wiegt als weiter entfernter. Analog zeigten Harder et al. (2005) anhand von Simulationsstudien, dass fehlende väterliche Verwandtschaftsinformation die Varianz der Zuchtwerte sowohl für Elitebullen als auch Testbullen verringert. Des Weiteren verwiesen Israel und Weller (2000) darauf, dass Fehler in der Abstammung die geschätzten ZW von Elitebullen verringerten und gleichzeitig die ZW von Bullen mit schlechter Platzierung innerhalb von Toplisten erhöhten.

In der vorliegenden Arbeit werden nur Tiere mit einer Pedigree-Vollständigkeit von mind. 90,0 % verwendet. Dies führt zu einem Anstieg der Vollständigkeit von 69,0 % auf 99,6 % bzw. von 2,7 auf 4,8 vollständige Generationen pro Tier in der Rinderpopulation und in der Schweinepopulation von 92,0 % auf 99,5 % bzw. von 4,2 auf 4,9 vollständige Generationen pro Tier. Die von Cassell et al. (2003) angegebenen Werte für HF in North Carolina von 97,7 % Pedigree-Vollständigkeit sowie fünf vollständige Generationen bei 83,0 % der Tiere sind vergleichbar mit den Werten der untersuchten Rinderpopulation. Biermann et al. (2012b) beschreiben für eine vergleichbare BB-Population eine Pedigree-Vollständigkeit über 6 Generationen von über 95 %, was sich mit den vorliegenden Werten deckt. Folglich kann in beiden Populationen von einer hohen Zuverlässigkeit bei der Erfassung von Stammdaten ausgegangen werden.

### Verwandtschaft, Inzucht und Inzuchtdepressionen - Rinder

Durch die Gruppierung in BT reduziert sich innerhalb des Rinderdatensatzes die durchschnittliche Verwandtschaft von  $R_{xy} = 10,7\%$  (gemittelt über alle Betriebe) auf  $R_{xy} = 6,1\%$  (gemittelt über alle BT). Insbesondere in den sehr kleinen Betrieben (5, 9, 13, 27), welche im BT2 vereinigt werden, reduziert sich der Inzuchtkoeffizient sowie die mittlere Verwandtschaft deutlich. So beträgt die mittlere Verwandtschaft in BT2  $R_{xy} = 5,7\%$ , wohingegen dieser in den Einzelbetrieben zwischen  $R_{xy} = 9,9\%$  und  $R_{xy} = 36,5\%$  liegt. Allgemein zeigen BT mit einer höheren Milchleistung (BT3 und BT4) auch eine höhere Verwandtschaft, was sich mit den Ergebnissen von Jaeger et al. (2018) deckt. Die bei Jaeger et al. (2018) angegebenen Verwandtschaften für DSN von  $R_{xy} = 7,6\%$  (Ostdeutschland:  $R_{xy} = 9,4\%$ , Westdeutschland:  $R_{xy} = 2,7\%$ ) bzw. für HF von  $R_{xy} = 2,7\%$ , bei Biedermann et al. (2005) für DSN von  $R_{xy} = 4,6\%$ , bei König und Simianer (2006) für HF von  $R_{xy} = 5,9\%$  oder bei Biedermann et al. (2004) für Vorderwälder-Rinder von  $R_{xy} = 3,4\%$  sind zum Teil deutlich geringer als die eigens ermittelten Verwandtschaftskoeffizienten. Wobei Biedermann et al. (2005) und Jaeger et al. (2018) innerhalb der DSN-Population einzelne Bullen („Bedo“, „Nero“, „Best“, „Solist“ oder „Renegat“) mit sehr viel höheren Verwandtschaften (z.T.

$R_{xy} > 13\%$ ) zu bestimmten Kuhgruppen identifizierten. Ähnliches konnten auch König und Simianer (2006) in der HF-Population zeigen, wo die Bullen „R.O.R.A. Elevation“, „Hannoverhill Starbuck“, „P.F. Arlinda Chief“ und „Carlin-M Ivanhoe Bell“ überdurchschnittlich hohe Verwandtschaftswerte (zwischen  $R_{xy} = 12,9\%$  und  $R_{xy} = 16,3\%$ ) aufwiesen. Darauf aufbauend können die hohen ermittelten durchschnittlichen Verwandtschaften gemittelt über die 30 charakterisierten Betriebe dahingehend interpretiert werden, dass innerhalb dieser Betriebe vermehrt Bullen mit engen verwandtschaftlichen Beziehungen eingesetzt werden. Jaeger et al. (2018) wiesen jedoch darauf hin, dass Vergleiche zwischen Populationen oder Rassen durch die unterschiedliche Tiefe der berücksichtigten Abstammungsdaten bzw. einer veränderten Rassedefinition (bei Biedermann et al. (2005): Fremdrassenanteil für DSN von 30 % möglich) problembehaftet sein können.

Durch die Gruppierung in BT reduziert sich innerhalb des Rinderdatensatzes der Inzuchtkoeffizient von  $F = 3,9\%$  auf  $F = 3,6\%$ . Im Vergleich zu König et al. (2002) und Swalve et al. (2003), welche für deutsche HF Inzuchtkoeffizienten bis zu  $F = 1,9\%$  angaben, liegen die in der vorliegenden Arbeit ermittelten Inzuchtwerte deutlich höher. Diese Unterschiede liegen in der Verwendung einer gemischten Population aus DSN und HF begründet. Da beide Rassen jedoch eine enge phylogenetische Beziehung (Biedermann et al., 2005) aufweisen und es im Hinblick auf die Rassecodierung ein gewisses Fehlerpotential gibt (Jaeger et al., 2018), ist die gemeinsame Betrachtung durchaus begründet. Jaeger et al. (2019), welche ebenfalls eine gemischte Population aus DSN und HF verwendeten, kamen zu vergleichbaren Werten. International betrachtet liegen die ermittelten Werte in einem ähnlichen Bereich. So gaben Kearney et al. (2004b) für britische HF Werte bis  $F = 3,1\%$  bzw. Wiggans et al. (1995) und Weigel (2001) für verschiedene amerikanische Rassen (Ayrshire, Brown Swiss, Guernsey, Holstein, Jersey, Milking Shorthorns) Werte zwischen  $F = 2,6\%$  und  $F = 6,0\%$  an. König und Simianer (2006) wiesen darauf hin, dass Inzuchtkoeffizienten über  $F = 4,0\%$  nicht zwangsläufig problematisch sein müssen, da die Werte von den verfügbaren vollständigen Generationen abhängen. Zudem wiesen sie darauf hin, dass Vergleiche zwischen Populationen oder Regionen wenig aussagekräftig sind. Weigel (2001) zeigte, dass sich die Inzuchtraten innerhalb kleiner Populationen (z.B. Guernsey) nicht wesentlich von denen in großen Populationen (z.B. HF) unterscheiden. Er folgerte, dass die Selektionsintensität der Haupteinflussfaktor auf den Inzuchtkoeffizienten darstellt. Des Weiteren sollte vielmehr ein Augenmerk auf die Zunahme der Inzucht pro Jahr oder Generation gelegt werden (König und Simianer, 2006). So führt ein steigender Inzuchtkoeffizient in den BT2 und BT4 zu einer Steigerung der täglichen Milchleistung um ca. 0,42 kg bzw. 0,38 kg pro 1 % Inzuchtsteigerung.

Jaeger et al. (2018) stellten für HF (vergleichbar mit BT4) einen etwas höheren Anstieg der Milchleistung von 0,58 kg pro 1 % Inzuchtzuwachs fest. Somit scheint die HF-Population keiner Inzuchtdepression bzgl. der Milchmenge zu unterliegen. BT2, als Repräsentant der kleinen DSN-Betriebe mit geringer Leistung, könnte eine kontrollierte Inzucht durch Verpaarung eng verwandter Tiere sogar nutzen, um die Milchleistung zu steigern. Dies ist aber scheinbar nur möglich aufgrund des geringen Leistungsniveaus in diesem BT. In den anderen beiden DSN-BT (BT1 und BT3) ist die Milchleistung mit zunehmenden Inzuchtkoeffizienten leicht rückläufig. So sinkt die Milchleistung um 0,02 kg (BT1) bzw. um 0,13 kg (BT3) je 1 % Inzuchtanstieg. Beide BT haben eine signifikant höhere Milchleistung als BT2. Jaeger et al. (2018) stellten für die Rasse DSN grundsätzlich einen negativen Effekt einer gesteigerten Inzucht auf die Milchleistung fest. Auch Thompson et al. (2000) zeigten negative Einflüsse einer Inzuchtsteigerung auf Milchleistungsmerkmale bei amerikanischen Jersey, welche ein ähnliches Leistungsniveau wie die hier untersuchten DSN aufwiesen.

Für das Merkmal SCS ist innerhalb der DSN-BT (BT1, BT2 und BT3) keine Inzuchtdepression zu verzeichnen. Lediglich in BT4, dem HF-BT, steigt der SCS um 0,38 je 1 % Inzuchtsteigerung an, ähnliches berichten auch Miglior et al. (1995) und Jaeger et al. (2018). Sørensen et al. (2006) argumentieren, dass sich eine Zunahme der Inzucht bei dänischen HF negativ auf die Mastitis-Resistenz und damit auf einen Anstieg der SCC auswirkt. Der Unterschied zwischen DSN (BT1, BT2 und BT3) und HF (BT4) liegt nach Jaeger et al. (2018) vor allem in den divergierenden Selektionsstrategien begründet. So legen sie dar, dass innerhalb der Rasse DSN nur eine begrenzte Anzahl Bullen mit guten Zellzahl-ZW verfügbar ist.

Generell gaben alle der charakterisierten Betriebe an, nur eine der beiden Rassen DSN oder HF zu halten (Ausnahme Betrieb 20). Bei der Berechnung der Inzuchtkoeffizienten differenziert nach Rasse und Geschlecht der einzelnen Geburtsjahrgänge innerhalb der BT, zeigen sich jedoch Abweichungen von den offiziellen Rassencodes, sodass in allen BT beide Rassen vorhanden sind, was sich mit den Untersuchungen von Jaeger et al. (2018) deckt. Vor allem im BT2 zeigen sich sowohl starke Schwankungen der Inzuchtkoeffizienten in den jeweiligen Geburtsjahrgängen, als auch die durchschnittlich höchsten Inzuchtraten mit bis zu  $F = 25,1\%$  (DSN-Kühe im Geburtsjahrgang 2012). Insgesamt werden in BT2 nur wenige Bullen (61 Bullen über 10 Jahre innerhalb von 5 Betrieben) und auch nicht aus jedem Jahrgang (keine Bullen aus den Jahrgängen 2006, 2008, 2010, 2012) eingesetzt. Zum Vergleich werden in BT3 (= Betrieb 2) in Summe 71 Bullen über 10 Jahre eingesetzt. In BT2 ist der Anteil an Natursprungbullen mit 77 % am höchsten. Dies lässt schlussfolgern, dass Bullen in BT2 länger eingesetzt werden und es seltener zu einer „Blutauffrischung“, z.B. durch den Einsatz weniger

eng verwandter KB-Bullen, kommt. Auch kommt es zum Austausch dieser Natursprungbullen in der eher kleinen Zuchtgemeinschaft, weswegen die hohen Inzuchtkoeffizienten durchaus nachvollziehbar erscheinen.

Insgesamt ist sowohl in der DSN-Kuh- als auch der DSN-Bullen-Population ein stetiger Anstieg der Inzucht im Jahresverlauf zu erkennen. Diese steht im Einklang mit den Untersuchungen von König und Simianer (2006) oder Jaeger et al. (2018). Retrospektiv betrachtet ist der verstärkte Einsatz einiger weniger ingezüchteter DSN-Bullen ursächlich hierfür anzuführen, was wiederum in einem parentalen Flaschenhalseffekt resultiert (Biedermann, 2004). Jaeger et al. (2018) benennen unter anderem „Jochem“, „Nimbus“ oder „Hermes“ als Bullen, welche mit teils sehr hohen Inzuchtkoeffizienten (25,8 %, 3,4 % bzw. 2,5 %) breit in der gesamten DSN-Population eingesetzt wurden.

Innerhalb der DSN-BT sinken die Inzuchtkoeffizienten der HF-Tiere kontinuierlich, was vermutlich auf eine konsequentere Zuchtarbeit (= Fokus auf DSN-Tiere) zurückzuführen ist. Der Inzuchtanstieg im Jahresverlauf in BT4 kann als eine zielgerichtete Ausnutzung der Inzucht zur Steigerung der Milchleistung (Abbildung 13) verstanden werden.

Zusammenfassend lässt sich sagen, dass in der weltweit dominierenden HF-Population inzuchtbedingte negative Effekte auf Leistungsmerkmale weniger stark wirken (aufgrund der Vielzahl potentieller Vererber), wohingegen in der kleinen DSN-Population Inzuchtsteigerungen mit einer höheren Wahrscheinlichkeit in einer Inzuchtdepression resultieren.

### Verwandschaft und Inzucht - Schwein

Innerhalb der schweinehaltenden Betriebe bzw. BT zeigen sich insgesamt hohe durchschnittliche Inzuchtraten von  $F = 11,9\%$  bzw.  $F = 12,6\%$  sowie eine durchschnittliche Verwandschaft von  $R_{xy} = 44,6\%$  bzw.  $R_{xy} = 29,8\%$ . Paixão et al. (2018) untersuchten in Portugal die ebenfalls als gefährdet eingestufte Population Bisaro und stellten ähnlich hohe Werte fest. Silió et al. (2013) beschreiben als Ursache hierfür einen drastischen Einbruch in der Populationsgröße (vgl. Abbildung 4), welche hohe Verwandtschaften als Folge haben. Die Verwandschaft innerhalb der BT-Modellierung ist mit  $R_{xy} = 29,8\%$  zwar deutlich niedriger als in der Betriebs-Modellierung ( $R_{xy} = 44,6\%$ ), dies darf aber nicht über die Tatsache hinwegtäuschen, dass die verwandtschaftlichen Beziehungen in der GP sehr hoch sind. Für die Weiterentwicklung der Rasse ist ein Kompromiss zwischen dem Gewinn an Zuchtfortschritt und der Streuung der verwandtschaftlichen Verhältnisse entscheidend (Biermann et al., 2012b).

### 5.7 Genotyp-Umwelt-Interaktion

Genotyp-Umwelt-Interaktionen (GUI) liegen vor, wenn verschiedene Genotypen nicht im gleichen Umfang von divergierenden Umwelten beeinflusst werden und daraus resultierend Leistungsdifferenzen auftreten können (Falconer, 1984). König et al. (2005a) benennen drei methodische Ansätze zur Identifikation von GUI: 1) Modelle, welche einen Interaktionsterm zwischen genetischen Einflüssen und Umwelteinflüssen enthalten, 2) genetische Korrelationen aus einem Mehrmerkmalsansatz, wobei dasselbe Merkmal innerhalb verschiedener Umwelten als unterschiedliche Merkmale definiert wird und 3) die Anwendung von Reaktionsnorm-Modellen (König et al., 2005a), wobei der Phänotyp als Funktion quantitativer Umwelteffekte beschrieben wird (Kolmodin et al., 2002). Zahlreiche Arbeiten haben sich bereits mit verschiedenen Ansätzen zu GUI beschäftigt, z.B. basierend auf verschiedenen Produktionsintensitäten (Pryce et al., 1999a; Weigel et al., 1999; Kearney et al., 2004a), unterschiedlichen Fütterungsrationen (Pryce et al., 1999b; Boelling et al., 2003; Millet et al., 2004), innerhalb verschiedener Länder (Chagunda et al., 1999; Zwald et al., 2003b) oder auch zwischen verschiedenen BT (Boelling et al., 2003; Millet et al., 2004; König et al., 2005a; Kelly et al., 2007; Brandt et al., 2010). Bisher basierten letztere jedoch auf einer eher groben Definition der BT, d.h. einer Unterscheidung nach Herdengröße (König et al., 2005a) bzw. zwischen den Produktionsrichtungen biologisch und konventionell (Boelling et al., 2003; Millet et al., 2004; Kelly et al., 2007; Brandt et al., 2010). Die in dieser Arbeit verwendeten BT beinhalten zahlreiche Einflussfaktoren, was detailliertere Aussagen zur Wirkung von GUI ermöglicht. Robertson (1959) definiert das Unterschreiten eines Grenzwertes von 0,8 für genetische Korrelationen eines Merkmals in verschiedenen Umwelten aus einem Mehrmerkmalsansatz als Hinweis auf GUI.

#### Vergleich der ermittelten GUI innerhalb der Rinderpopulation

Die in dieser Arbeit gebildeten BT zeigen für das Merkmal Mkg einen deutlichen Hinweis auf GUI. Dies kann dahingehend interpretiert werden, dass Nachkommen von Bullen ihr Leistungspotential nicht in jeder Umwelt (= Betriebstyp) vollständig entfalten können. BT3 und BT4 zeigen die geringsten Korrelationen (genetisch und phänotypisch) zueinander, wohingegen zwischen BT2 und BT4 überraschend hohe Korrelationen auftreten. Erwartungsgemäß sollte die Korrelation zwischen BT2 als DSN-BT und BT4 als HF-BT deutlich geringer ausfallen. Die von Jaeger et al. (2018) aufgezeigte Problematik falsch codierter DSN-Rinder insbesondere in den alten Bundesländern könnte hierfür als Ursache für die hohen Korrelationen betrachtet werden. BT3 liegt in den neuen Bundesländern und hat sich auf eine strikte DSN-Zucht fokussiert, wobei sie intensiv durch die Rinderproduktion Berlin-

Brandenburg GmbH (RBB) in ihren Zuchtentscheidungen beraten werden. Speziell durch die Arbeit der Rinderproduktion Berlin-Brandenburg GmbH (RBB), insbesondere in den neuen Bundesländern, kommt es zu weniger falschen Rassencodierungen bei den DSN bzw. wurden diese schon früh korrigiert (Jaeger et al., 2018). Entsprechend ist die geringe Korrelation zwischen BT3 (DSN-BT) und BT4 (HF-BT), trotz der recht ähnlichen spezialisierten Betriebsausrichtung auf Milchproduktion, nicht überraschend. Auch stellt der Betrieb hinter BT3 als großer DSN-Zuchtbetrieb zahlreiche Bullen und Zuchttiere für andere DSN-Betriebe zur Verfügung, was die moderaten Korrelationen zu BT1 und BT2 erklärt. Die generell geringen phänotypischen Korrelationen zwischen den BT sind auf die unterschiedlichen Produktionslevel und Betriebsausrichtungen zurückzuführen.

### Vergleich der ermittelten GUI innerhalb der Schweinepopulation

Analog zur Rinderpopulation zeigen sich auch für die Merkmale lebendgeborene bzw. abgesetzte Ferkel innerhalb der Schweinepopulation zwischen den drei BT deutliche GUI. Die geringsten genetischen Korrelationen treten zwischen BT1 und BT3 bei beiden Merkmalen auf. Innerhalb des BT3 geben die wenigsten Betriebe an züchterisch aktiv zu sein, was als Ursache der geringen Korrelationen gesehen werden könnte. Lediglich zwischen BT2 und BT3 im Merkmal abgesetzte Ferkel gibt die genetische Korrelation ( $r_g = 0,82 \pm 2,46$ ) keinen Hinweis auf GUI, wobei in dem Fall auf den sehr hohen Standardfehler verwiesen werden muss. Generell sind die Standardfehler innerhalb der Schweinepopulation hoch, was auf den geringen Anteil an Vaternieren mit Nachkommen in verschiedenen Betriebstypen zurückzuführen ist. Dieser geringere Anteil ist bedingt durch den hohen Anteil an Natursprungebern innerhalb solcher kleiner Populationen (Biermann et al., 2012b). Brandt et al. (2010) untersuchten GUI zwischen ökologischen und konventionellen Produktionssystemen und verwiesen auf die Notwendigkeit einer Anpassung von Zuchtzielen innerhalb verschiedener Produktionssysteme. Die gezeigten GUI zwischen den verschiedenen BT der eigenen Arbeit unterstützen diese Aussage. Zwar zeigten Brandt et al. (2010) die Überlegenheit moderner Kreuzungsrassen innerhalb ökologischer Produktionssysteme, allerdings verwiesen sie auch darauf, dass spezialisierte Marketingkonzepte (Nischenmärkte) die Wahl der Rasse mit beeinflussten.

Aufgrund der niedrigen genetischen Korrelationen zwischen den BT kann davon ausgegangen werden, dass die Nachkommen der Vaterniere ihr Leistungspotential nicht in jeder Umwelt (= Betriebstyp) vollständig entfalten können. Die Arbeiten u.a. von Millet et al. (2004), König et al. (2005a) und Brandt et al. (2010) zum Einfluss der Bewirtschaftungsweise (biologisch vs. konventionell), der Fütterung, der Herdengröße bzw. der Genetik auf Leistungsparameter sowie die Meta-Analyse von Douglas et al. (2015) zum Einfluss von Tier- und Managementfaktoren

auf die Effizienz europäischer Schweinemastbetriebe, bestätigen diese Annahme. Die ermittelten GUI der vorliegenden Arbeit lassen demzufolge den Schluss zu, dass der Einfluss entsprechender BT bei der Auswahl der Genetiken durchaus Beachtung finden sollte.

### 5.8 Rangvergleich

Der Vergleich von Selektionslisten (Toplisten) beruht auf der Annahme, dass es unter bestimmten Voraussetzungen zu einer veränderten Platzierung von Vatertieren basierend auf deren geschätzten ZW kommen kann. König et al. (2007) verwendeten diesen Umstand zur Bewertung von Zuchtprogrammen verschiedener Zuchtorganisationen in Deutschland. Hierfür identifizierten sie den Anteil der Bullen, die eine Zuchtorganisation unter den Top-100 Vererbern platzieren konnte. Sie kamen zu dem Schluss, dass insbesondere die nationalen Zuchtprogramme erfolgreich sind, welche eine systematische KB praktizieren. Windig et al. (2015) nutzten die Analysen von Toplisten zur Abschätzung der Qualität genetisch hornloser Bullen gegenüber behorneten Vererbern. Dafür ermittelten sie unter den niederländischen Topvererbern (Top-100) Durchschnitts-ZW für verschiedene Merkmale (Produktions-, Langlebigkeits-, Eutergesundheits- und Exterieurmerkmale) getrennt nach deren Hornstatus (hornlos-homozygot, hornlos-heterozygot und behornt). Sie konnten zeigen, dass hornlose Bullen den behorneten Topvererbern zwar unterlegen sind, dieser Unterschied sich jedoch verringert. Entsprechend schlussfolgerten sie, dass die Zucht hornloser Tiere mit hoher genetischer Leistung zukünftig realistische Perspektiven bietet, insbesondere unter Anwendung der genomischen Selektion. Sie verwiesen allerdings auch auf den Umstand hoher Verwandtschaftsgrade und Inzuchtkoeffizienten hornloser Bullen, welche bei der Zucht berücksichtigt werden müssen. Yang et al. (2004) und Jamrozik et al. (2007) verglichen mittels Toplisten den Effekt der Eliminierung von Ausreißern innerhalb der Testtags-Gemelke kanadischer Jersey-Rinder anhand der klassischen BLUP-ZW.

Aufgrund der kontinuierlichen Anpassung der Relativ-ZW an eine gleitende Basispopulation (Swalve und Höver, 2003) ist der Vergleich der Natural-ZW zu bevorzugen. Basierend auf den Ergebnissen der Mehrmerkmalsmodelle zur Feststellung etwaiger GUI wurden Selektionslisten (Top-10) für die jeweiligen BT erstellt und die Vatertiere entsprechend ihrer Natural-ZW-Ränge in den jeweiligen BT verglichen. Analog zu Yang et al. (2004) wurde eine Mindestnachkommenzahl je Vatertier (Bulle: mind. 70 Nachkommen, Eber: mind. 50 Nachkommen) definiert. Yang et al. (2004) und Jamrozik et al. (2007) beschrieben nur geringfügige Abweichungen der Rangierung innerhalb ihrer Selektionslisten (Top-100) bedingt durch deren veränderte Modellierungen. Demgegenüber stehen die zum Teil erheblichen

Rangunterschiede zwischen den ermittelten BT der vorliegenden Arbeit sowohl in der Rinder- als auch der Schweinepopulation. So schwanken die Platzierungen der Top-10 Bullen zwischen der besten und schlechtesten Platzierung eines Tieres innerhalb der 4 BT zwischen 2 und 10 Plätzen und in der Schweinepopulation (3 BT) sogar zwischen 9 und 20 Plätzen. Anzumerken sei jedoch, dass die ZW, insbesondere in BT, welche keine bzw. wenige Nachkommen eines Vattertieres aufweisen, nur geringe Sicherheiten/Genauigkeiten aufweisen. Eine Ausweitung dieses Ansatzes auf weitere Betriebe könnte diesem Umstand entgegenwirken.

Die identifizierten Rangunterschiede können als Indiz für die Notwendigkeit einer BT-individuellen ZWS insbesondere in kleinen Populationen und kleinen Betriebsstrukturen verstanden werden. So wäre es vorstellbar auf Basis der entwickelten Methodik für jedes Vattertier innerhalb der gebildeten BT einen ZW auszuweisen, sodass Landwirt:innen anhand der BT-Beschreibung den eigenen Betrieb einem BT zuordnen und so die optimale Genetik für den eigenen Betrieb selektieren können.

### **6. Schlussfolgerungen**

Damit Tiere innerhalb eines Betriebes eine optimale Leistung hinsichtlich Produktions- und Fruchtbarkeitsparametern sowie Gesundheits- und Tierwohlintikatoren zeigen können, ist eine genaue Selektion der passenden Genetik für den jeweiligen Betrieb entscheidend. Die Berücksichtigung des Betriebstyps innerhalb genetisch-statistischer Modellierungen ermöglicht es sowohl in kleinen Populationen (DSN und BB) als auch großen Populationen (HF), dass Zuchtwerte einerseits besser (höhere Sicherheiten/Genauigkeiten) sowie zeitiger (bei wenig verfügbaren Nachkommeninformationen) geschätzt werden können, was ein entscheidender Vorteil bei Selektionsentscheidungen ist. Andererseits zeigen die deutlichen Ausprägungen von Genotyp-Umwelt-Interaktionen sowie die Rangierungsunterschiede von Bullen bzw. Ebern innerhalb der Betriebstypen, dass eine Betriebstypen-individuelle Zuchtwertschätzung, vor allem in kleinen Populationen/Betriebsstrukturen, einen Vorteil mit sich bringen kann. Mit der hier entwickelten Methodik wäre es vorstellbar zukünftig für jeden Bullen/Eber innerhalb der gebildeten Betriebstypen einen eigenen Zuchtwert auszuweisen, wodurch Landwirt:innen in der Lage wären entsprechend der Betriebstypen-Beschreibung den eigenen Betrieb einzuordnen und so die optimale Genetik für den eigenen Betrieb zu selektieren.

**7. Literaturverzeichnis**

- Abeyiyi, O.A.; Adeola, A.T.; Osinowo, O.A.; Brown, D. und NG'ambi, J.W. (2018): Effects of feeding hydroponics maize fodder on performance and nutrient digestibility of weaned pigs. *Applied Ecology and Environmental Research* 16 (3), S. 2415–2422. DOI: 10.15666/aeer/1603\_24152422.
- Aikins-Wilson, S.; Bohlouli, M. und König, S. (2021): Maternal and direct genetic parameters for tail length, tail lesions, and growth traits in pigs. *Journal of Animal Science* 99 (1). DOI: 10.1093/jas/skaa398.
- Akanno, E.C.; Schenkel, F.S.; Sargolzaei, M.; Friendship, R.M. und Robinson, J.A.B. (2014): Persistency of accuracy of genomic breeding values for different simulated pig breeding programs in developing countries. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 131 (5), S. 367–378. DOI: 10.1111/jbg.12085.
- Ali, A.A.K. und Shook, E.G. (1980): An Optimum Transformation for Somatic Cell Concentration in Milk. *Journal of Dairy Science* (63), S. 487–490.
- Andersen-Ranberg, I.M. und Grindflek, E. (2014): Implementation of genomic selection in Norsvin genetic program; genetic gain in production and maternal traits in Norsvin Landrace. *Proceedings of the World Congress on Genetics Applied to Livestock Production Genetic Improvement Programs: Selection using molecular information (Posters)*, S. 508.
- Andersen-Ranberg, I.M.; Klemetsdal, G.; Heringstad, B. und Steine, T. (2005): Heritabilities, Genetic Correlations, and Genetic Change for Female Fertility and Protein Yield in Norwegian Dairy Cattle. *Journal of Dairy Science* (88), S. 348–355.
- Bagheri, M.; Miraie-Ashtiani, R.; Moradi-Shahrbabak, M.; Nejati-Javaremi, A.; Pakdel, A.; Borstel, U.U. von et al. (2013): Selective genotyping and logistic regression analyses to identify favorable SNP-genotypes for clinical mastitis and production traits in Holstein dairy cattle. *Livestock Science* 151 (2-3), S. 140–151. DOI: 10.1016/j.livsci.2012.11.018.
- Banos, G.; Brotherstone, S. und Coffey, M.P. (2004): Evaluation of Body Condition Score Measured Throughout Lactation as an Indicator of Fertility in Dairy Cattle. *Journal of Dairy Science* 87 (8), S. 2669–2676. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(04)73393-7.
- Barkema, H.W.; Keyserlingk, M.A.G. von; Kastelic, J.P.; Lam, T.J.G.M.; Luby, C.; Roy, J.-P. et al. (2015): Invited review: Changes in the dairy industry affecting dairy cattle health and welfare. *Journal of Dairy Science* 98 (11), S. 7426–7445. DOI: 10.3168/jds.2015-9377.
- Barkema, H.W.; van der Ploeg, J.D.; Schukken, Y.H.; Lam, T.J.G.M.; Benedictus, G. und Brand, A. (1999): Management Style and Its Association with Bulk Milk Somatic Cell Count and Incidence Rate of Clinical Mastitis. *Journal of Dairy Science* 82, S. 1655–1663.
- Barker, J. (1994): A global protocol for determining genetic distances among domestic livestock breeds. In: C. Smith (Hg.): *Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Guelph, Ontario, Canada, 7.-12. August 1994. University of Guelph, Dept. of Animal & Poultry Science, S. 501–508.
- Berends, H.; Gerrits, W.J.J.; France, J.; Ellis, J.L.; van Zijderveld, S.M. und Dijkstra, J. (2014): Evaluation of the SF6 tracer technique for estimating methane emission rates with reference to dairy cows using a mechanistic model. *Journal of Theoretical Biology* 353, S. 1–8. DOI: 10.1016/j.jtbi.2014.02.040.
- Berry, D.P.; Buckley, F.; Dillon, P.; Evans, R.D.; Rath, M. und Veerkamp, R.F. (2003): Genetic Relationships among Body Condition Score, Body Weight, Milk Yield, and Fertility in

- Dairy Cows. *Journal of Dairy Science* 86 (6), S. 2193–2204. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(03)73809-0.
- Berry, D.P.; Friggens, N.C.; Lucy, M. und Roche, J.R. (2016): Milk Production and Fertility in Cattle. *Annual Review of Animal Biosciences* 4, S. 269–290. DOI: 10.1146/annurev-animal-021815-111406.
- Biedermann, G. (2004): Zuchtplanung für die Erhaltung des Alten Schwarzbunten Niederungsrindes. Bundesprogramm ökologischer Landbau und andere Formen nachhaltiger Landwirtschaft. Online verfügbar unter [https://service.ble.de/ptdb/index2.php?detail\\_id=84928&site\\_key=141](https://service.ble.de/ptdb/index2.php?detail_id=84928&site_key=141).
- Biedermann, G.; Ott, B.; Rübesam, K. und Maus, F. (2004): Genetische Analyse der Population des Vorderwälder Rindes. *Archives Animal Breeding* 47 (2), S. 141–153. DOI: 10.5194/aab-47-141-2004.
- Biedermann, G.; Poppinga, O. und Weitemeyer, I. (2005): Die genetische Struktur der Population des Schwarzbunten Niederungsrindes. *Züchtungskunde* (77), S. 3–14.
- Biermann, A.; Pimentel, E.C.G.; Tietze, M. und König, S. (2012a): Maximizing fertility and mini-mizing genetic relationship in the endangered breed 'Bunte Bentheimer'. Proc. of the 63rd Annual Meeting of the European Production of Animal Science. Bratislava, Slovakia, 27.08.2012.
- Biermann, A.D.M. (2015): Entwicklung eines ökonomisch ausgerichteten Zuchtprogramms für die bedrohte Schweinerasse "Bunte Bentheimer". Dissertation. Universität Kassel, Kassel. Fachbereich Ökologische Agrarwissenschaften, Fachgebiet Tierzucht.
- Biermann, A.D.M.; Pimentel, E.C.G.; Tietze, M.; Pinent, T. und König, S. (2012b): Implementation of genetic evaluation and mating designs for the endangered local pig breed 'Bunte Bentheimer'. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 131 (1), S. 36–45. DOI: 10.1111/jbg.12041.
- Biermann, A.D.M.; Yin, T.; König von Borstel, U.U.; Rübesam, K.; Kuhn, B. und König, S. (2014): From phenotyping towards breeding strategies: using in vivo indicator traits and genetic markers to improve meat quality in an endangered pig breed. *Animal* 9 (6), S. 919–927. DOI: 10.1017/S1751731115000166.
- Blanco-Penedo, I.; Ouweltjes, W.; Ofner-Schröck, E.; Brügemann, K. und Emanuelson, U. (2020): Symposium review: Animal welfare in free-walk systems in Europe. *Journal of Dairy Science* 103 (6), S. 5773–5782. DOI: 10.3168/jds.2019-17315.
- Blanco-Penedo, I.; Sjöström, K.; Jones, P.; Krieger, M.; Duval, J.; van Soest, F. et al. (2019): Structural characteristics of organic dairy farms in four European countries and their association with the implementation of animal health plans. *Agricultural Systems* 173, S. 244–253. DOI: 10.1016/j.agsy.2019.03.008.
- BLE (Hg.) (2019): Einheimische Nutztierassen in Deutschland und Rote Liste gefährdeter Nutztierassen 2019. Informations- und Koordinationszentrum für Biologische Vielfalt (IBV). Bonn. Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE).
- Boadi, D.; Benchaar, C.; Chiquette, J. und Massé, D. (2004): Mitigation strategies to reduce enteric methane emissions from dairy cows: Update review. *Canadian Journal of Animal Science* (84), S. 319–335.
- Boelling, D.; Groen, A.; Sørensen, P.; Madsen, P. und Jensen, J. (2003): Genetic improvement of livestock for organic farming systems. *Livestock Production Science* 80 (1-2), S. 79–88. DOI: 10.1016/S0301-6226(02)00323-8.

- Boettcher, P.J.; Dekkers, J.; Warnick, L.D. und Wells, S.J. (1998): Genetic Analysis of Clinical Lameness in Dairy Cattle. *Journal of Dairy Science* 81 (4), S. 1148–1156. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(98)75677-2.
- Boettcher, P.J.; Fatehi, J. und Schutz, M.M. (2003): Genotype × Environment Interactions in Conventional versus Pasture-Based Dairies in Canada. *Journal of Dairy Science* 86 (1), S. 383–389. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(03)73617-0.
- Böhm, M. und Krämer, C. (2020): Neue und innovative Formen der Direktvermarktung landwirtschaftlicher Produkte - Analyse und Erarbeitung von Handlungsempfehlungen.
- Boichard, D. (1990): Estimation of the economic value of conception rate in dairy cattle. *Livestock Production Science* 24 (3), S. 187–204. DOI: 10.1016/0301-6226(90)90001-M.
- Borchers, N.; Otto, G. und Kalm, E. (2007): Genetic relationship of drip loss to further meat quality traits in purebred Piétraains. *Archives Animal Breeding* 50 (1), S. 84–91. DOI: 10.5194/aab-50-84-2007.
- Bracholdt, S. (2009): Bewertung von Clusterverfahren. Diplomarbeit. Hochschule Mittweida, University of Applied Sciences, Mittweida. Fachbereich Mathematik/Physik/Informatik.
- Brade, W. und Brade, E. (2013): Zuchtgeschichte der Deutschen Holsteinrinder. *Berichte über Landwirtschaft, Zeitschrift für Agrarpolitik und Landwirtschaft* (Band 91 Ausgabe 2).
- Brade, W.; Stamer, E. und Thaller, G. (2009): Genetische Trends in der Niedersächsischen Edelschwein-Population. *Züchtungskunde* 81 (3), S. 155–164.
- Brähmig, J. (2011): Einfluss der Wechselkreuzung von Deutschen Holsteins und Deutschem Fleckvieh auf Milchleistung und Milchqualität in einem automatischen Melksystem. Inaugural-Dissertation. Ludwig-Maximilians-Universität, München. Veterinärwissenschaftlichen Department der Tierärztlichen Fakultät. Online verfügbar unter <https://core.ac.uk/download/pdf/11032817.pdf>.
- Brandt, H. (2019): Zukünftige Entwicklung der Leistungsprüfung. In: Deutsche Gesellschaft für Züchtungskunde e.V. (DGfZ) (Hg.): 11. Schweine-Workshop- "Neue Herausforderungen für die Schweinezucht". Diskussion zwischen Wissenschaft und Praxis. Uelzen, 20.-21.02.2019 (DGfZ-Schriftenreihe, Heft 77), S. 29–31.
- Brandt, H.; Werner, D.N.; Baulain, U.; Brade, W. und Weissmann, F. (2010): Genotype-environment interactions for growth and carcass traits in different pig breeds kept under conventional and organic production systems. *Animal* 4 (4), S. 535–544. DOI: 10.1017/S1751731109991509.
- Breen, J.E.; Green, M.J. und Bradley, A.J. (2009): Quarter and cow risk factors associated with the occurrence of clinical mastitis in dairy cows in the United Kingdom. *Journal of Dairy Science* 92 (6), S. 2551–2561. DOI: 10.3168/jds.2008-1369.
- Brida, J.G.; Fasone, V.; Scuderi, R. und Zapata-Aguirre, S. (2014): ClustOfVar and the segmentation of cruise passengers from mixed data: Some managerial implications. *Knowledge-Based Systems* 70, S. 128–136. DOI: 10.1016/j.knosys.2014.06.016.
- Brotzman, R.L.; Cook, N.B.; Nordlund, K.; Bennett, T.B.; Gomez Rivas, A. und Döpfer, D. (2015): Cluster analysis of Dairy Herd Improvement data to discover trends in performance characteristics in large Upper Midwest dairy herds. *Journal of Dairy Science* 98 (5), S. 3059–3070. DOI: 10.3168/jds.2014-8369.
- Brown, C. (2012): dummies: Create dummy/indicator variables flexibly and efficiently. Version 1.5.6: CRAN.R-project. Online verfügbar unter <https://CRAN.R-project.org/package=dummies>.

- Bruckmaier, R.M. und Hammon, H. (2015): Laktation. In: Wolfgang von Engelhardt, Gerhard Breves, Martin Diener und Gotthold Gäbel (Hg.): Physiologie der Haustiere. 5., vollständig überarbeitete Auflage. Stuttgart: Enke, S. 607–625.
- Brüssow, K.P. und Wähner, M. (2008): Biologische Potentiale in der Sauenfruchtbarkeit. *Züchtungskunde* 80 (5), S. 370–377.
- Buch, L.H.; Kargo, M.; Berg, P.; Lassen, J. und Sørensen, A.C. (2012): The value of cows in reference populations for genomic selection of new functional traits. *Animal* 6 (6), S. 880–886. DOI: 10.1017/S1751731111002205.
- Bühler, R. und Zimmer, C. (2007): Nachhaltige Schweinezucht mittels angepasster BLUP Zuchtwertschätzung am Beispiel des Schwäbisch-Hällischen Schweins. In: Sabine Zikeli, W. Claupein, S. Dabbert, B. Kaufmann, T. Müller und A. Valle Zárate (Hg.): Zwischen Tradition und Globalisierung. Beiträge zur 9. Wissenschaftstagung Ökologischer Landbau, Universität Hohenheim, 20. - 23.03.2007, Bd. 1. Berlin: Köster, S. 477–480.
- Bundesanstalt für Geowissenschaften und Rohstoffe (BGR) (2020): Geoviewer. Hg. v. Bundesanstalt für Geowissenschaften und Rohstoffe (BGR). Arbeitsbereich Geodatenmanagement. Online verfügbar unter [https://geoviewer.bgr.de/mapapps4/resources/apps/geoviewer/index.html?lang=de&tab=boden&cover=boden\\_1000-5000&layers=boden\\_buek5000\\_container,boden\\_bgl5000\\_ags,-boden\\_buek1000\\_container,-boden\\_buek5000\\_ags](https://geoviewer.bgr.de/mapapps4/resources/apps/geoviewer/index.html?lang=de&tab=boden&cover=boden_1000-5000&layers=boden_buek5000_container,boden_bgl5000_ags,-boden_buek1000_container,-boden_buek5000_ags).
- Bundesverband Rind und Schwein e.V. (BRS) (2021): Holstein Zuchtwertschätzung. Online verfügbar unter <https://www.rind-schwein.de/brs-rind/zuchtwertschaetzung-2.html>.
- Bundesverband Rind und Schwein e.V. (BRS) (2022): erzeugerringINFO - Ferkelproduktion. Felddaten - Ferkelproduktion (Wirtschaftsjahr 2020/2021). Online verfügbar unter <https://erzeugerring.info/db/Menu/Auswertungen/Ferkelproduktion.php#>.
- Buttchereit, N.; Stamer, E.; Junge, W. und Thaller, G. (2010): Evaluation of five lactation curve models fitted for fat:protein ratio of milk and daily energy balance. *Journal of Dairy Science* 93 (4), S. 1702–1712. DOI: 10.3168/jds.2009-2198.
- Buttchereit, N.; Stamer, E.; Junge, W. und Thaller, G. (2011): Genetic parameters for energy balance, fat /protein ratio, body condition score and disease traits in German Holstein cows. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 129 (4), S. 280–288. DOI: 10.1111/j.1439-0388.2011.00976.x.
- Calus, M.P.L.; Haas, Y. de; Pszczola, M. und Veerkamp, R.F. (2013a): Predicted accuracy of and response to genomic selection for new traits in dairy cattle. *Animal* 7 (2), S. 183–191. DOI: 10.1017/S1751731112001450.
- Calus, M.P.L.; Haas, Y. de und Veerkamp, R.F. (2013b): Combining cow and bull reference populations to increase accuracy of genomic prediction and genome-wide association studies. *Journal of Dairy Science* 96 (10), S. 6703–6715. DOI: 10.3168/jds.2012-6013.
- Canario, L.; Bidanel, J.-P. und Rydhmer, L. (2014): Genetic trends in maternal and neonatal behaviors and their association with perinatal survival in French Large White swine. *Frontiers in genetics* 5, S. 410. DOI: 10.3389/fgene.2014.00410.
- Candrak, J.; Kadlecik, O. und Schaeffer, L.R. (1997): The use of test-day model for Slovak cattle populations. Book of Abstracts No. 3: 56. 48th Annual Meeting of the European Association for Animal Production. Vienna, Wageningen Pers, Austria, 1997.

- Carabano, M.J.; Moreno, A.; Lopez-Romero, P. und Diaz, C. (2004): Comparing alternative definitions of the contemporary group effect in Avilena Negra Iberica beef cattle using classical and Bayesian criteria. *Journal of Animal Science* (82), S. 3447–3457.
- Cassell, B.G.; Adamec, V. und Pearson, R.E. (2003): Effect of Incomplete Pedigrees on Estimates of Inbreeding and Inbreeding Depression for Days to First Service and Summit Milk Yield in Holsteins and Jerseys. *Journal of Dairy Science* 86 (9), S. 2967–2976. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(03)73894-6.
- Chagunda, M.G.; Bruns, E.W.; King, J.M. und Wollny, Clemens B., A. (1999): Genotype by environment interaction for milk yield of Canadian Holstein Friesian on large scale dairy farms in Malawi. Session: Sustainable Technology Development in Animal Agriculture. Deutscher Tropentag in Berlin. Berlin, 1999.
- Chavent, M.; Kuentz, V.; Labenne, A.; Liquet, B. und Saracco, J. (2017a): PCAmixdata: Multivariate Analysis of Mixed Data. Version 3.1.: CRAN.R-project. Online verfügbar unter <https://CRAN.R-project.org/package=PCAmixdata>.
- Chavent, M.; Kuentz, V.; Liquet, B. und Saracco, J. (2017b): ClustOfVar: Clustering of Variables. Version 1.1.: CRAN.R-project. Online verfügbar unter <https://CRAN.R-project.org/package=ClustOfVar>.
- Chavent, M.; Kuentz, V.; Liquet, B. und Saracco, L. (2012): ClustOfVar: An R Package for the Clustering of Variables. *Journal of Statistical Software*.
- Clark, L.B.; González, E.; Henry, A.L. und Sher, A.A. (2020): A Solution to Treat Mixed-Type Human Datasets from Socio-Ecological Systems. *Journal of Environmental Geography* 13 (3-4), S. 51–60. DOI: 10.2478/jengeo-2020-0012.
- Colleau, J.-J. (2002): An indirect approach to the extensive calculation of relationship coefficients. *Genetics Selection Evolution* 34 (4), S. 409–421. DOI: 10.1186/1297-9686-34-4-409.
- Curley, K.O.; Neuendorff, D.A.; Lewis, A.W.; Cleere, J.J.; Welsh, T.H. und Randel, R.D. (2008): Functional characteristics of the bovine hypothalamic-pituitary-adrenal axis vary with temperament. *Hormones and behavior* 53 (1), S. 20–27. DOI: 10.1016/j.yhbeh.2007.08.005.
- Darwash, A.O.; Lamming, G.E. und Woolliams, J.A. (1997): Estimation of Genetic Variation in the Interval from Calving to Postpartum Ovulation of Dairy Cows. *Journal of Dairy Science* 80 (6), S. 1227–1234. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(97)76051-X.
- Dechow, C.D. und Norman, H.D. (2007): Within-Herd Heritability Estimated with Daughter–Parent Regression for Yield and Somatic Cell Score. *Journal of Dairy Science* 90 (1), S. 482–492. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(07)72650-4.
- Dekkers, J.; Hag, J.H. ten und Weersink, A. (1998): Economic aspects of persistency of lactation in dairy cattle. *Livestock Production Science* 53 (3), S. 237–252. DOI: 10.1016/S0301-6226(97)00124-3.
- Dekkers, J.C.M. (2012): Application of genomics tools to animal breeding. *Current Genomics* 13 (3), S. 207–212. DOI: 10.2174/138920212800543057.
- Dekkers, J.C.M. und Hospital, F. (2002): The use of molecular genetics in the improvement of agricultural populations. *Nature Reviews Genetics* 3 (1), S. 22–32. DOI: 10.1038/nrg701.
- Dempster, E.R. und Lerner, I.M. (1950): Heritability of Threshold Characters. *Genetics* 35 (2), S. 212–236. DOI: 10.1093/genetics/35.2.212.

- Dippel, S.; Dolezal, M.; Brenninkmeyer, C.; Brinkmann, J.; March, S.; Knierim, U. und Winckler, C. (2009): Risk factors for lameness in freestall-housed dairy cows across two breeds, farming systems, and countries. *Journal of Dairy Science* 92 (11), S. 5476–5486. DOI: 10.3168/jds.2009-2288.
- Dodenhoff, J.; Sinz, E.; Helmreich, S. und Obermaier, S. (2019): Neue Merkmale in der Schweinezucht und neue Wege in der Datenerfassung. In: Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) (Hg.): Schweinehaltung - neue Herausforderungen meistern! LfL-Jahrestagung 2019 Schweinefachtagung. Ergolding. Institut für Landtechnik und Tierhaltung, S. 19–39.
- Doherr, M.G.; Roesch, M.; Schaeren, W.; Schallibaum, M. und Blum, J.W. (2007): Risk factors associated with subclinical mastitis in dairy cows on Swiss organic and conventional production system farms. *Veterinari Medicina* (52), S. 487–495.
- Dougherty, R.W. und Cook, H.M. (1962): Routes of eructated gas expulsion in cattle—a quantitative study. *American Journal of Veterinary Research* 23, S. 997–1000.
- Douglas, S.L.; Szyzka, O.; Stoddart, K.; Edwards, S.A. und Kyriazakis, I. (2015): Animal and management factors influencing grower and finisher pig performance and efficiency in European systems: a meta-analysis. *Animal* 9 (7), S. 1210–1220. DOI: 10.1017/S1751731115000269.
- Eckert, M.; Bell, M.; Potterton, S.; Craigon, J.; Saunders, N.; Wilcox, R. et al. (2018): Effect of Feeding System on Enteric Methane Emissions from Individual Dairy Cows on Commercial Farms. *Land* 7 (1), S. 26. DOI: 10.3390/land7010026.
- Eckhardt, J.-D. (2021): LGRBwissen. Glossar. Regierungspräsidium Freiburg, Landesamt für Geologie, Rohstoffe und Bergbau. Online verfügbar unter <https://lgrbwissen.lgrb-bw.de/glossar/leitbodenassoziation>.
- Egger-Danner, C.; Cole, J.B.; Pryce, J.E.; Gengler, N.; Heringstad, B.; Bradley, A. und Stock, F.K. (2015): Invited review: overview of new traits and phenotyping strategies in dairy cattle with a focus on functional traits. *Animal* 9 (2), S. 191–207. DOI: 10.1017/S1751731114002614.
- Elle, O. (2005): Einführung in die multivariate Statistik für Feldorithologen: Hauptkomponentenanalyse, Diskriminanzanalyse und Clusteranalyse. *Vogelwarte* 43, S. 19–38.
- Ellis, K.A.; Innocent, G.T.; Mihm, M.; Cripps, P.; McLean, W.G.; Howard, C.V. und Grove-White, D. (2007): Dairy cow cleanliness and milk quality on organic and conventional farms in the UK. *Journal of Dairy Research* 74 (3), S. 302–310. DOI: 10.1017/S002202990700249X.
- Emmerling, R. (2001): Optimierung der Zuchtwertschätzung für Milchleistungsmerkmale unter besonderer Berücksichtigung der Umwelteinflüsse in einem Testtagsmodell. Dissertation. Technischen Universität München, München. Professur für Biometrische Methoden in der Tierzucht.
- Engblom, L.; Lundeheim, N.; Del Schneider, M.P.; Dalin, A.-M. und Andersson, K. (2009): Genetics of crossbred sow longevity. *Animal* 3 (6), S. 783–790. DOI: 10.1017/S175173110900411X.
- Falconer, Douglas S. (1984): Einführung in die quantitative Genetik. Introduction to quantitative genetics <dt.>. Stuttgart: Ulmer (UTB Fuer Wissenschaft: UNI-Taschenbuecher, 1334).

- Falconer, Douglas S.; Mackay, Trudy (2009): Introduction to quantitative genetics. 4. ed., [16. print.]. Harlow: Pearson Prentice Hall.
- FAO (Hg.) (2007): The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture. Unter Mitarbeit von Dafydd Pilling und Barbara Rischkowsky. Rome: Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture, Food and Agriculture Organization of the United Nations.
- FAO (Hg.) (2015): The second report on the state of the world's animal genetic resources for food and agriculture. Unter Mitarbeit von B. D. Scherf und Dafydd Pilling. Rome: Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture, Food and Agriculture Organization of the United Nations (Assessments / FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture, 2015).
- Ferguson, J.D.; Azzaro, G. und Licitra, G. (2006): Body Condition Assessment Using Digital Images. *Journal of Dairy Science* 89 (10), S. 3833–3841. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(06)72425-0.
- Fernández, J.; Meuwissen, T.H.E.; Toro, M.A. und Mäki-Tanila, A. (2011): Management of genetic diversity in small farm animal populations. *Animal* 5 (11), S. 1684–1698. DOI: 10.1017/S1751731111000930.
- Fletting, R. (2010): Methodische Ansätze zur unscharfen Mustererkennung bei Deformationsmessergebnissen. Dissertation. Technischen Universität Braunschweig, Braunschweig. Institut für Geodäsie und Photogrammetrie.
- Flower, F.C. und Weary, D.M. (2006): Effect of Hoof Pathologies on Subjective Assessments of Dairy Cow Gait. *Journal of Dairy Science* 89 (1), S. 139–146. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(06)72077-X.
- Forkman, B.; Boissy, A.; Meunier-Salaün, M.-C.; Canali, E. und Jones, R.B. (2007): A critical review of fear tests used on cattle, pigs, sheep, poultry and horses. *Physiology & Behavior* 92 (3), S. 340–374. DOI: 10.1016/j.physbeh.2007.03.016.
- Forni, S.; Aguilar, I. und Misztal, I. (2011): Different genomic relationship matrices for single-step analysis using phenotypic, pedigree and genomic information. *Genetics Selection Evolution* 43, S. 1. DOI: 10.1186/1297-9686-43-1.
- Fortin, A.; Robertson, W.M. und Tong, A.K.W. (2005): The eating quality of Canadian pork and its relationship with intramuscular fat. *Meat science* 69 (2), S. 297–305. DOI: 10.1016/j.meatsci.2004.07.011.
- Franz, A.; Deimel, I. und Spiller, A. (2012): Concerns about animal welfare: a cluster analysis of German pig farmers. *British Food Journal* 114 (10), S. 1445–1462. DOI: 10.1108/00070701211263019.
- Freeman, G.H. und Halton, J.H. (1951): Note on an Exact Treatment of Contingency, Goodness of Fit and Other Problems of Significance. *Biometrika* 38 (1/2), S. 141. DOI: 10.2307/2332323.
- Frieden, L. (2013): Züchterische Möglichkeiten zur Reduktion von geschlechtsbedingten Geruchsabweichungen am Schlachtkörper von männlichen, unkastrierten Mastschweinen. Inaugural - Dissertation. Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität zu Bonn, Bonn. Institut für Tierwissenschaften, Abteilung Tierzucht und Tierhaltung.
- Galama, P.J.; Ouweltjes, W.; Endres, M.I.; Sprecher, J.R.; Leso, L.; Kuipers, A. und Klopčič, M. (2020): Symposium review: Future of housing for dairy cattle. *Journal of Dairy Science* 103 (6), S. 5759–5772. DOI: 10.3168/jds.2019-17214.

- Galili, T. (2015): dendextend: an R package for visualizing, adjusting and comparing trees of hierarchical clustering. *Bioinformatics* 31 (22), S. 3718–3720. DOI: 10.1093/bioinformatics/btv428.
- Garnsworthy, P.C.; Difford, G.F.; Bell, M.J.; Bayat, A.R.; Huhtanen, P.; Kuhla, B. et al. (2019): Comparison of Methods to Measure Methane for Use in Genetic Evaluation of Dairy Cattle. *Animals* 9 (10), S. 837. DOI: 10.3390/ani9100837.
- Garrick, D.J. (2010): An animal breeding approach to the estimation of genetic and environmental trends from field populations. *Journal of Animal Science* 88 (13 Suppl), E3-E10. DOI: 10.2527/jas.2009-2329.
- Gehrke, L.J.; Capitan, A.; Scheper, C.; König, S.; Upadhyay, M.; Heidrich, K. et al. (2020): Are scurs in heterozygous polled (Pp) cattle a complex quantitative trait? *Genetics Selection Evolution* 52 (1), S. 6. DOI: 10.1186/s12711-020-0525-z.
- Geishausser, T.D.; Leslie, K.E.; Duffield, T.F. und Edge, V.L. (1998): An evaluation of protein/fat ratio in first DHI test milk for prediction of subsequent displaced abomasum in dairy cows. *Canadian Journal of Veterinary Research* 62 (2), S. 144–147.
- Gerber, Pierre J.; Steinfeld, Henning; Henderson, Benjamin; Mottet, Anne; Opio, Carolyn; Dijkman, J. et al. (2013): Tackling climate change through livestock. A global assessment of emissions and mitigation opportunities. Rome: FAO. Online verfügbar unter <http://www.fao.org/docrep/018/i3437e/i3437e.pdf>.
- Gernand, E. und König, S. (2017): Genetic relationships among female fertility disorders, female fertility traits and productivity of Holstein dairy cows in the early lactation period. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 134 (5), S. 353–363. DOI: 10.1111/jbg.12274.
- Gernand, E.; Rehbein, P.; Borstel, U.U. von und König, S. (2012): Incidences of and genetic parameters for mastitis, claw disorders, and common health traits recorded in dairy cattle contract herds. *Journal of Dairy Science* 95 (4), S. 2144–2156. DOI: 10.3168/jds.2011-4812.
- Gernand, E.; Waßmuth, R.; Borstel, U.U. von und König, S. (2007): Heterogeneity of variance components for production traits in large-scale dairy farms. *Livestock Science* 112 (1-2), S. 78–89. DOI: 10.1016/j.livsci.2007.01.157.
- Gieseke, D.; Lambertz, C. und Gauly, M. (2018): Relationship between herd size and measures of animal welfare on dairy cattle farms with freestall housing in Germany. *Journal of Dairy Science* 101 (8), S. 7397–7411. DOI: 10.3168/jds.2017-14232.
- Glazier, A.M.; Nadeau, J.H. und Aitman, T.J. (2002): Finding genes that underlie complex traits. *Science* 298 (5602), S. 2345–2349. DOI: 10.1126/science.1076641.
- Gorgulu, O. (2010): Classification of Dairy Cattle in Terms of Some Milk Yield Characteristics Using By Fuzzy Clustering. *Journal of Animal and Veterinary Advances* 9 (14), S. 1947–1951. DOI: 10.3923/javaa.2010.1947.1951.
- Gottardo, F.; Nalon, E.; Contiero, B.; Normando, S.; Dalvit, P. und Cozzi, G. (2011): The dehorning of dairy calves: practices and opinions of 639 farmers. *Journal of Dairy Science* 94 (11), S. 5724–5734. DOI: 10.3168/jds.2011-4443.
- Gourdine, J.L.; Sørensen, A.C. und Rydhmer, L. (2012): There is room for selection in a small local pig breed when using optimum contribution selection: a simulation study. *Journal of Animal Science* 90 (1), S. 76–84. DOI: 10.2527/jas.2011-3898.
- Gower, J.C. (1971): A General Coefficient of Similarity and Some of Its Properties. *Biometrics* 27 (4), S. 857. DOI: 10.2307/2528823.

- Grandinson, K.; Rydhmer, L.; Strandberg, E. und Thodberg, K. (2003): Genetic analysis of on-farm tests of maternal behaviour in sows. *Livestock Production Science* 83 (2-3), S. 141–151. DOI: 10.1016/S0301-6226(03)00095-2.
- Grieve, D.G.; Korver, S.; Rijpkema, Y.S. und Hof, G. (1986): Relationship between milk composition and some nutritional parameters in early lactation. *Livestock Production Science* 14 (3), S. 239–254. DOI: 10.1016/0301-6226(86)90083-7.
- Groen, A.F.; Steine, T.; Colleau, J.-J.; Pedersen, JørnM Pribyl, Josef und Reinsch, N. (1997): Economic values in dairy cattle breeding, with special reference to functional traits. Report of an EAAP-working group. *Livestock Production Science* 49 (1), S. 1–21. DOI: 10.1016/s0301-6226(97)00041-9.
- Grünhagen, E. und Swalve, H.H. (1997): Effect of Cell Size in Test Day Models. *Interbull Bulletin* (16), S. 66–70.
- Guinguina, A.; Yan, T.; Lund, P.; Bayat, A.R.; Hellwing, A.L.F. und Huhtanen, P. (2020): Between-cow variation in the components of feed efficiency. *Journal of Dairy Science* 103 (9), S. 7968–7982. DOI: 10.3168/jds.2020-18257.
- Guiomar, N.; Godinho, S.; Pinto-Correia, T.; Almeida, M.; Bartolini, F.; Bezák, P. et al. (2018): Typology and distribution of small farms in Europe: Towards a better picture. *Land Use Policy* 75, S. 784–798. DOI: 10.1016/j.landusepol.2018.04.012.
- Guo, X.; Christensen, O.F.; Ostersen, T.; Wang, Y.; Lund, M.S. und Su, G. (2015): Improving genetic evaluation of litter size and piglet mortality for both genotyped and nongenotyped individuals using a single-step method. *Journal of Animal Science* 93 (2), S. 503–512. DOI: 10.2527/jas.2014-8331.
- Haas, Y. de; Janss, L.L. und Kadarmideen, H.N. (2007): Genetic correlations between body condition scores and fertility in dairy cattle using bivariate random regression models. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 124 (5), S. 277–285. DOI: 10.1111/j.1439-0388.2007.00675.x.
- Haberland, A.M.; Luther, H.; Hofer, A.; Tholen, E.; Simianer, H.; Lind, B. und Baes, C. (2014): Efficiency of different selection strategies against boar taint in pigs. *Animal* 8 (1), S. 11–19. DOI: 10.1017/S1751731113001857.
- Hagmüller, W. (2006): Chirurgische Ferkelkastration - gibt es Alternativen? Nutztierschutztagung Raumberg-Gumpenstein. Institut für Biologische Landwirtschaft und Biodiversität. Höhere Bundeslehr- und Forschungsanstalt für Landwirtschaft Raumberg-Gumpenstein. A-8952 Irdning, 16.11.2006. Online verfügbar unter [https://raumberg-gumpenstein.at/jdownloads/Tagungen/Nutztierschutztagung/Nutztierschutztagung\\_2006/3\\_n\\_2006\\_hagmueller.pdf](https://raumberg-gumpenstein.at/jdownloads/Tagungen/Nutztierschutztagung/Nutztierschutztagung_2006/3_n_2006_hagmueller.pdf).
- Haile-Mariam, M.; Bowman, P.J. und Goddard, M.E. (2003): Genetic and environmental relationship among calving interval, survival, persistency of milk yield and somatic cell count in dairy cattle. *Livestock Production Science* 80 (3), S. 189–200. DOI: 10.1016/S0301-6226(02)00188-4.
- Halkidi, M.; Batistakis, Y. und Vazirgiannis, M. (2002a): Cluster validity methods. *ACM SIGMOD Record* 31 (2), S. 40–45. DOI: 10.1145/565117.565124.
- Halkidi, M.; Batistakis, Y. und Vazirgiannis, M. (2002b): Clustering validity checking methods. *ACM SIGMOD Record* 31 (3), S. 19–27. DOI: 10.1145/601858.601862.
- Hamann, H.; Steinheuer, R. und Distl, O. (2004): Estimation of genetic parameters for litter size as a sow and boar trait in German herdbook Landrace and Pietrain swine. *Livestock Production Science* 85 (2-3), S. 201–207. DOI: 10.1016/S0301-6226(03)00135-0.

- Hanenberg, E.H.A.T.; Knol, E.F. und Merks, J.W.M. (2001): Estimates of genetic parameters for reproduction traits at different parities in Dutch Landrace pigs. *Livestock Production Science* 69 (2), S. 179–186. DOI: 10.1016/S0301-6226(00)00258-X.
- Harder, B.; Bennewitz, J.; Reinsch, N.; Mayer, M. und Kalm, E. (2005): Effect of missing sire information on genetic evaluation. *Archives Animal Breeding* 48 (3), S. 219–232. DOI: 10.5194/aab-48-219-2005.
- Harder, B.; Junge, W.; Bennewitz, J. und Kalm, E. (2004): Investigations on breeding plans for organic dairy cattle. *Archives Animal Breeding* 47 (2), S. 129–139. DOI: 10.5194/aab-47-129-2004.
- Harper, L.A.; Denmead, O.T.; Freney, J.R. und Byers, F.M. (1999): Direct Measurements of Methane Emissions from Grazing and Feedlot Cattle. *Journal of Animal Science* (77), S. 1392–1401.
- Hartwig, S. und Bennewitz, J. (2014): Züchterische Aspekte zur Konsolidierung und Weiterentwicklung lokaler Rinderpopulationen. *Züchtungskunde* 86 (1), S. 19–24. Online verfügbar unter [https://www.zuechtungskunde.de/artikel.dll/hartwig-and-bennewitz\\_NjA5MDIxNQ.PDF?UID=7921E92B6B9E218EB89EA40F50618E2D2C84A6C6DE](https://www.zuechtungskunde.de/artikel.dll/hartwig-and-bennewitz_NjA5MDIxNQ.PDF?UID=7921E92B6B9E218EB89EA40F50618E2D2C84A6C6DE).
- Hayes, B.J.; Bowman, P.J.; Chamberlain, A.J. und Goddard, M.E. (2009): Invited review: Genomic selection in dairy cattle: progress and challenges. *Journal of Dairy Science* 92 (2), S. 433–443. DOI: 10.3168/jds.2008-1646.
- Heinrich, A.; Duffield, T.F.; Lissimore, K.D.; Squires, E.J. und Millman, S.T. (2009): The impact of meloxicam on postsurgical stress associated with cautery dehorning. *Journal of Dairy Science* 92 (2), S. 540–547. DOI: 10.3168/jds.2008-1424.
- Henderson, C.R. (1975): Best Linear Unbiased Estimation and Prediction under a Selection Model. *Biometrics* 31 (2), S. 423. DOI: 10.2307/2529430.
- Heringstad, B.; Egger-Danner, C.; Charfeddine, N.; Pryce, J.E.; Stock, K.F.; Kofler, J. et al. (2018): Invited review: Genetics and claw health: Opportunities to enhance claw health by genetic selection. *Journal of Dairy Science* 101 (6), S. 4801–4821. DOI: 10.3168/jds.2017-13531.
- Hermesch, S.; Luxford, B.G. und Graser, H.-U. (2000): Genetic parameters for lean meat yield, meat quality, reproduction and feed efficiency traits for Australian pigs. *Livestock Production Science* 65 (3), S. 261–270. DOI: 10.1016/S0301-6226(00)00152-4.
- Herold, J.; Brügemann, K. und König, S. (2021): Herd clustering strategies and corresponding genetic evaluations based on social-ecological characteristics for a local endangered cattle breed. *Archives Animal Breeding* 64 (1), S. 187–198. DOI: 10.5194/aab-64-187-2021.
- Heuer, C.; Schukken, Y.H. und Dobbelaar, P. (1999): Postpartum Body Condition Score and Results from the First Test Day Milk as Predictors of Disease, Fertility, Yield, and Culling in Commercial Dairy Herds. *Journal of Dairy Science* 82 (2), S. 295–304. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(99)75236-7.
- Hoa, V.-B.; Seo, H.-W.; Seong, P.-N.; Cho, S.-H.; Kang, S.-M.; Kim, Y.-S. et al. (2021): Backfat thickness as a primary index reflecting the yield and overall acceptance of pork meat. *Animal science journal* 92 (1), e13515. DOI: 10.1111/asj.13515.
- Hohmann, L.G.; Yin, T.; Schweizer, H.; Giambra, I.J.; König, S. und Scholz, A.M. (2020): Comparative Effects of Milk Containing A1 versus A2  $\beta$ -Casein on Health, Growth and  $\beta$ -Casomorphin-7 Level in Plasma of Neonatal Dairy Calves. *Animals* 11 (1), S. 55. DOI: 10.3390/ani11010055.

- Holl, J.W. und Robison, O.W. (2003): Results from nine generations of selection for increased litter size in swine. *Journal of Animal Science* 81 (3), S. 624–629. DOI: 10.2527/2003.813624x.
- Holl, J.W.; Rohrer, G.A. und Brown-Brandl, T.M. (2010): Estimates of genetic parameters among scale activity scores, growth, and fatness in pigs. *Journal of Animal Science* 88 (2), S. 455–459. DOI: 10.2527/jas.2008-1559.
- Hughes, J. (2001): A system for assessing cow cleanliness. *In Practice* 23 (9), S. 517–524. DOI: 10.1136/inpract.23.9.517.
- ICAR (2017): Guidelines for Dairy Cattle Milk Recording. Section 2 - Cattle Milk Recording. *The Global Standard for Livestock Data*. Online verfügbar unter <https://www.icar.org/Guidelines/02-Overview-Cattle-Milk-Recording.pdf>.
- ICAR (2020a): Guidelines for Health, Female Fertility, Udder Health, Claw Health Traits, and Lameness in Bovine. Section 7 - Bovine Functional Traits. *The Global Standard for Livestock Data*. Online verfügbar unter <https://www.icar.org/Guidelines/07-Bovine-Functional-Traits.pdf>.
- ICAR (2020b): Guidelines for Milk Analysis. Section 12 - Milk Analysis. *The Global Standard for Livestock Data*. Online verfügbar unter <https://www.icar.org/Guidelines/12-Milk-Analysis.pdf>.
- Inchaisri, C.; Hogeveen, H.; Vos, P.L.A.M.; van der Weijden, G.C. und Jorritsma, R. (2010): Effect of milk yield characteristics, breed, and parity on success of the first insemination in Dutch dairy cows. *Journal of Dairy Science* 93 (11), S. 5179–5187. DOI: 10.3168/jds.2010-3234.
- Inchaisri, C.; Jorritsma, R.; Vos, P.L.A.M.; van der Weijden, G.C. und Hogeveen, H. (2011): Analysis of the economically optimal voluntary waiting period for first insemination. *Journal of Dairy Science* 94 (8), S. 3811–3823. DOI: 10.3168/jds.2010-3790.
- Israel, C. und Weller, J.I. (2000): Effect of Misidentification on Genetic Gain and Estimation of Breeding Value in Dairy Cattle Populations. *Journal of Dairy Science* 83 (1), S. 181–187. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(00)74869-7.
- Ito, K.; Keyserlingk, M.A.G. von; LeBlanc, S.J. und Weary, D.M. (2010): Lying behavior as an indicator of lameness in dairy cows. *Journal of Dairy Science* 93 (8), S. 3553–3560. DOI: 10.3168/jds.2009-2951.
- Ivemeyer, S.; Brinkmann, J.; March, S.; Simantke, C.; Winckler, C. und Knierim, U. (2017): Major organic dairy farm types in Germany and their farm, herd, and management characteristics. *Organic Agriculture* 8 (3), S. 231–247. DOI: 10.1007/s13165-017-0189-3.
- Ivemeyer, S.; Knierim, U. und Waiblinger, S. (2011): Effect of human-animal relationship and management on udder health in Swiss dairy herds. *Journal of Dairy Science* 94 (12), S. 5890–5902. DOI: 10.3168/jds.2010-4048.
- Ivemeyer, S.; Simantke, C.; Knierim, U.; Spengler Neff, A. und Bieber, A. (2019): Gesundheits- und Produktionsmerkmale von Anglerkühen alter Zuchtichtung und Holsteinkühen auf extensiv wirtschaftenden Biomilchviehbetrieben. 15. Wissenschaftstagung Ökologischer Landbau. Kassel, 05.03.2019.
- Jaeger, M. (2018): Phenotypic, Quantitative Genetic and Genomic Characterization of the German Black and White dual-purpose Cattle Breed. Inaugural-Dissertation. Justus-Liebig-Universität Giessen, Giessen. Institut für Tierzucht und Haustiergenetik.

- Jaeger, M.; Brügemann, K.; Naderi, S.; Brandt, H. und König, S. (2019): Variance heterogeneity and genotype by environment interactions in native Black and White dual-purpose cattle for different herd allocation schemes. *Animal* 13 (10), S. 2146–2155. DOI: 10.1017/S1751731119000144.
- Jaeger, M.; Scheper, C.; König, S. und Brügemann, K. (2018): Studien zur Inzucht und Verwandtschaft beim „Deutschen Schwarzbunten Niederungsgrind“ (DSN) auf Basis eigens berechneter Rasseanteile. *Züchtungskunde* 90 (4), S. 262–279.
- Jamrozik, J.; Fatehi, J. und Schaeffer, L.R. (2007): Application of robust procedures for estimation of breeding values in multiple-trait random regression test-day model. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 124 (1), S. 3–11. DOI: 10.1111/j.1439-0388.2007.00633.x.
- Jamrozik, J. und Schaeffer, L.R. (1997): Estimates of Genetic Parameters for a Test Day Model with Random Regressions for Yield Traits of First Lactation Holsteins. *Journal of Dairy Science* 80 (4), S. 762–770. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(97)75996-4.
- Johnson, A.K.; Morrow-Tesch, J.L. und McGlone, J.J. (2001): Behavior and performance of lactating sows and piglets reared indoors or outdoors. *Journal of Animal Science* 79 (10), S. 2571–2579. DOI: 10.2527/2001.79102571x.
- Jonas, E.; Phasara, C.; Tholen, E.; Jüngst, H. und Schellander, K. (2009): Molekulargenetische Analyse der Fundamentstabilität beim Schwein als Beitrag zur Verbesserung der Robustheit. *Schriftenreihe des Lehr- und Forschungsschwerpunktes USL* 159, 2009, S. 1–49. Online verfügbar unter [https://bonndoc.ulb.uni-bonn.de/xmlui/bitstream/handle/20.500.11811/1254/USL\\_Forschungsbericht\\_159.pdf?sequence=1&isAllowed=y](https://bonndoc.ulb.uni-bonn.de/xmlui/bitstream/handle/20.500.11811/1254/USL_Forschungsbericht_159.pdf?sequence=1&isAllowed=y).
- Jonker, Arjan; Waghorn, Garry C. (Hg.) (2020): Guideline for estimating methane emissions from individual ruminants using: GreenFeed, ‘sniffers’, hand-held laser detector and portable accumulation chambers. New Zealand Agricultural Greenhouse Gas Research Centre. New Zealand. Online verfügbar unter <https://globalresearchalliance.org/publication-library/?doctype=223&research-group=212>.
- Kadarmideen, H.N. und Wegmann, S. (2003): Genetic Parameters for Body Condition Score and its Relationship with Type and Production Traits in Swiss Holsteins. *Journal of Dairy Science* 86 (11), S. 3685–3693. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(03)73974-5.
- Kanis, E.; Greef, K.H. de; Hiemstra, A. und van Arendonk, J.A.M. (2005): Breeding for societally important traits in pigs. *Journal of Animal Science* (83), S. 948–957.
- Kanitz, W.; Brüssow, K.-P.; Bugislaus, A.-E.; Kühn, C.; Matthes, W. und Wangler, A. (2008): Verbesserung funktionaler Merkmale: Eine Herausforderung zur vertieften Phänotypisierung. Improvement of functional traits: A challenge for a profound characterisation of phenotypes. *Archiv für Tierzucht* 51 (Sonderheft), S. 83–97.
- Kassambara, A. und Mundt, F. (2017): factoextra: Extract and Visualize the Results of Multivariate Data Analyses. Version 1.0.7.: CRAN.R-project. Online verfügbar unter <https://CRAN.R-project.org/package=factoextra>.
- Kaufman, Leonard; Rousseeuw, Peter J. (1990): Finding Groups in Data. Hoboken, NJ, USA: John Wiley & Sons, Inc.
- Kearney, J.F.; Schutz, M.M.; Boettcher, P.J. und Weigel, K.A. (2004a): Genotype × Environment Interaction for Grazing Versus Confinement. I. Production Traits. *Journal of Dairy Science* 87 (2), S. 501–509. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(04)73189-6.

- Kearney, J.F.; Wall, E.; Villanueva, B. und Coffey, M.P. (2004b): Inbreeding Trends and Application of Optimized Selection in the UK Holstein Population. *Journal of Dairy Science* 87 (10), S. 3503–3509. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(04)73485-2.
- Kelly, H.R.C.; Browning, H.M.; Day, J.E.L.; Martins, A.; Pearce, G.P.; Stopes, C. und Edwards, S.A. (2007): Effect of breed type, housing and feeding system on performance of growing pigs managed under organic conditions. *Journal of the Science of Food and Agriculture* 87 (15), S. 2794–2800. DOI: 10.1002/jsfa.3060.
- Kennedy, B.W. und Trus, D. (1993): Considerations on genetic connectedness between management units under an animal model. *Journal of Animal Science* 71 (9), S. 2341–2352. DOI: 10.2527/1993.7192341x.
- Kessel, S.; Stroehl, M.; Meyer, H.H.D.; Hiss, S.; Sauerwein, H.; Schwarz, F.J. und Bruckmaier, R.M. (2008): Individual variability in physiological adaptation to metabolic stress during early lactation in dairy cows kept under equal conditions. *Journal of Animal Science* 86 (11), S. 2903–2912. DOI: 10.2527/jas.2008-1016.
- Klein, S. (2019): Entwicklung eines Zuchtkonzeptes zur Produktion von Jungsauen zur Eigenremontierung und zum Verkauf in ökologischen Landbau. Inaugural-Dissertation. Justus-Liebig-Universität Giessen, Giessen. Institut für Tierzucht und Haustiergenetik.
- Klein, S.-L.; Scheper, C.; May, K. und König, S. (2020): Genetic and nongenetic profiling of milk  $\beta$ -hydroxybutyrate and acetone and their associations with ketosis in Holstein cows. *Journal of Dairy Science* 103 (11), S. 10332–10346. DOI: 10.3168/jds.2020-18339.
- Knapp, J.R.; Laur, G.L.; Vadas, P.A.; Weiss, W.P. und Tricarico, J.M. (2014): Invited review: Enteric methane in dairy cattle production: quantifying the opportunities and impact of reducing emissions. *Journal of Dairy Science* 97 (6), S. 3231–3261. DOI: 10.3168/jds.2013-7234.
- Knapp, P.; Willam, A. und Sölkner, J. (1997): Genetic parameters for lean meat content and meat quality traits in different pig breeds. *Livestock Production Science* 52 (1), S. 69–73. DOI: 10.1016/S0301-6226(97)00120-6.
- Köbrich, C.; Rehman, T. und Khan, M. (2003): Typification of farming systems for constructing representative farm models: two illustrations of the application of multi-variate analyses in Chile and Pakistan. *Agricultural Systems* 76 (1), S. 141–157. DOI: 10.1016/S0308-521X(02)00013-6.
- Kohl, S. und Herold, P. (2017): Problemanalyse zur Implementierung der Selektion nach optimierten Genbeiträgen in kleinen Populationen. *Züchtungskunde* (89), S. 345–358.
- Kohl, S.; Wellmann, R. und Herold, P. (2020): Advanced optimum contribution selection as a tool to improve regional cattle breeds: a feasibility study for Vorderwald cattle. *Animal* 14 (1), S. 1–12. DOI: 10.1017/S1751731119001484.
- Kolk gen. Sundag, C.; Wrede, J. und Distl, O. (2006): Analyse der Populationsstruktur des Bunten Bentheimer Schweins. *Archiv für Tierzucht* 49, S. 447–461.
- Kolmodin, R.; Strandberg, E.; Madsen, P.; Jensen, J. und Jorjani, H. (2002): Genotype by Environment Interaction in Nordic Dairy Cattle Studied Using Reaction Norms. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A - Animal Science* 52 (1), S. 11–24. DOI: 10.1080/09064700252806380.
- König, S.; Brügemann, K.; Simianer, H. und Swalve, H.H. (2008a): Testherden in Zuchtprogrammen für Milchrinder 2. Mitteilung: Strategien zur Findung von Testherden. *Züchtungskunde* 80 (2), S. 114–126.

- König, S.; Chang, Y.M.; Borstel, U.U. von; Gianola, D. und Simianer, H. (2008b): Genetic and phenotypic relationships among milk urea nitrogen, fertility, and milk yield in holstein cows. *Journal of Dairy Science* 91 (11), S. 4372–4382. DOI: 10.3168/jds.2008-1236.
- König, S.; Dietl, G.; Raeder, I. und Swalve, H.H. (2005a): Genetic Relationships for Dairy Performance Between Large-Scale and Small-Scale Farm Conditions. *Journal of Dairy Science* 88 (11), S. 4087–4096. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(05)73093-9.
- König, S.; Lessner, S. und Simianer, H. (2007): Application of controlling instruments for improvements in cow sire selection. *Journal of Dairy Science* 90 (4), S. 1967–1980. DOI: 10.3168/jds.2006-473.
- König, S.; Sharifi, A.R.; Wentrot, H.; Landmann, D.; Eise, M. und Simianer, H. (2005b): Genetic Parameters of Claw and Foot Disorders Estimated with Logistic Models. *Journal of Dairy Science* 88 (9), S. 3316–3325. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(05)73015-0.
- König, S. und Simianer, H. (2006): Approaches to the management of inbreeding and relationship in the German Holstein dairy cattle population. *Livestock Science* 103 (1-2), S. 40–53. DOI: 10.1016/j.livsci.2005.12.009.
- König, S. und Simianer, H. (2007): Genomische Selektion – Grundlagen und Perspektiven in der Michrinderzucht. *Züchtungskunde* 80 (1), S. 50–60.
- König, S.; Simianer, H. und Swalve, H.H. (2002): Genetic relationships between dairy performance under large-scale farm and family farm conditions estimated from different groups of common sires. 7th World Congress on Genetics. Montpellier, 2002.
- König von Borstel, U.; Tönepöhl, B.; Appel, A.K.; Voß, B.; Brandt, H.; Naderi, S. und Gauly, M. (2018): Suitability of traits related to aggression and handleability for integration into pig breeding programmes: Genetic parameters and comparison between Gaussian and binary trait specifications. *PloS one* 13 (12), e0204211. DOI: 10.1371/journal.pone.0204211.
- Kuentz-Simonet, V.; Labenne, A. und Rambonilaza, T. (2017): Using ClustOfVar to Construct Quality of Life Indicators for Vulnerability Assessment Municipality Trajectories in Southwest France from 1999 to 2009. *Social Indicators Research* 131 (3), S. 973–997. DOI: 10.1007/s11205-016-1288-3.
- Kuentz-Simonet, V.; Lyser, S.; Candau, J. und Deuffic, P. (2015): ClustOfVar-based approach for unsupervised learning: Reading of synthetic variables with sociological data. *Electronic Journal of Applied Statistical Analysis* Vol 08, Issue 02, S. 170–197. DOI: 10.1285/I20705948V8N2P170.
- Lengerken, G. von und Wicke, M. (2006): Schweinezüchtung. In: Gerhard von Lengerken, Franz Ellendorf und Jürgen von Lengerken (Hg.): Tierzucht. Stuttgart: Ulmer (Landwirtschaftliches Lehrbuch), S. 294–316.
- Lima, F.S.; Risco, C.A.; Thatcher, M.J.; Benzaquen, M.E.; Archbald, L.F.; Santos, J.E.P. und Thatcher, W.W. (2009): Comparison of reproductive performance in lactating dairy cows bred by natural service or timed artificial insemination. *Journal of Dairy Science* 92 (11), S. 5456–5466. DOI: 10.3168/jds.2009-2197.
- Lindhorst, A.H.; Henne, H.; Simianer, H. und Sharifi, A.R. (2019): Genetische Analysen von Verhaltensmerkmalen. In: Deutsche Gesellschaft für Züchtungskunde e.V. (DGfZ) (Hg.): 11. Schweine-Workshop- "Neue Herausforderungen für die Schweinezucht". Diskussion zwischen Wissenschaft und Praxis. Uelzen, 20.-21.02.2019 (DGfZ-Schriftenreihe, Heft 77), S. 51–59.

- Liu, Y.; Li, Z.; Xiong, H.; Gao, X. und Wu, J. (2010): Understanding of Internal Clustering Validation Measures. In: Geoffrey I. Webb (Hg.): IEEE 10th International Conference on Data Mining (ICDM), 2010. 13 - 17 Dec. 2010, Sydney, Australia ; proceedings. 2010 IEEE 10th International Conference on Data Mining (ICDM). Sydney, Australia, 13.12.2010 - 17.12.2010. Institute of Electrical and Electronics Engineers; IEEE Computer Society. Piscataway, NJ: IEEE, S. 911–916.
- Lo, L.L.; McLaren, D.G.; McKeith, F.K.; Fernando, R.L. und Novakofski, J. (1992): Genetic analyses of growth, real-time ultrasound, carcass, and pork quality traits in Duroc and Landrace pigs: II. Heritabilities and correlations. *Journal of Animal Science* 70 (8), S. 2387–2396. DOI: 10.2527/1992.7082387x.
- Löf, E.; Gustafsson, H. und Emanuelson, U. (2012): Evaluation of two dairy herd reproductive performance indicators that are adjusted for voluntary waiting period. *Acta Veterinaria Scandinavica* (54), S. 1–11.
- Long, J.A. (2008): Reproductive biotechnology and gene mapping: tools for conserving rare breeds of livestock. *Reproduction in Domestic Animals* 43 Suppl 2, S. 83–88. DOI: 10.1111/j.1439-0531.2008.01146.x.
- Long, T.E.; Johnson, R.K. und Keele, J.W. (1990): Effects of errors in pedigree on three methods of estimating breeding value for litter size, backfat and average daily gain in swine. *Journal of Animal Science* 68 (12), S. 4069–4078. DOI: 10.2527/1990.68124069x.
- López-Serrano, M.; Reinsch, N.; Looft, H. und Kalm, E. (2000): Genetic correlations of growth, backfat thickness and exterior with stayability in large white and landrace sows. *Livestock Production Science* 64 (2-3), S. 121–131. DOI: 10.1016/S0301-6226(99)00169-4.
- Lourenco, D.A.L.; Misztal, I.; Tsuruta, S.; Aguilar, I.; Lawlor, T.J.; Forni, S. und Weller, J.J. (2014): Are evaluations on young genotyped animals benefiting from the past generations? *Journal of Dairy Science* 97 (6), S. 3930–3942. DOI: 10.3168/jds.2013-7769.
- Lovett, D.K.; Stack, L.J.; Lovell, S.; Callan, J.; Flynn, B.; Hawkins, M. und O'Mara, F.P. (2005): Manipulating Enteric Methane Emissions and Animal Performance of Late-Lactation Dairy Cows Through Concentrate Supplementation at Pasture. *Journal of Dairy Science* 88 (8), S. 2836–2842. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(05)72964-7.
- LPP; LIFE Network; IUCN–WISP und FAO (2010): Adding value to livestock diversity – Marketing to promote local breeds and improve livelihoods. *FAO Animal Production and Health Paper* No. 168, S. 1–158. Online verfügbar unter <https://www.fao.org/3/i1283e/i1283e.pdf>.
- Lund, M.S.; Roos, A.P.W. de; Vries, A.G. de; Druet, T.; Ducrocq, V.; Fritz, S. et al. (2011): A common reference population from four European Holstein populations increases reliability of genomic predictions. *Genetics Selection Evolution* 43, S. 43. DOI: 10.1186/1297-9686-43-43.
- Lush, J.L.; Holbert, J.C. und Willham, O.S. (1936): Genetic History of the Holstein-Friesian Cattle in the United States. *Journal of Heredity* 27 (2), S. 61–72. DOI: 10.1093/oxfordjournals.jhered.a104174.
- MacCluer, J.W.; Boyce, A.J.; Dyke, B.; Weitkamp, L.R.; Pfenning, D.W. und Parsons, C.J. (1983): Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *Journal of Heredity* 74 (6), S. 394–399. DOI: 10.1093/oxfordjournals.jhered.a109824.
- Madsen, P. und Jensen, J. (2013): DMU: A Package for Analysing Multivariate Mixed Models. Online verfügbar unter [http://dmu.agrsci.dk/DMU/Doc/Current/dmuv6\\_guide.5.2.pdf](http://dmu.agrsci.dk/DMU/Doc/Current/dmuv6_guide.5.2.pdf).

- Maechler, M.; Rousseeuw, P.J.; Struyf, A.; Hubert, M. und Hornik, K. (2018): cluster: Cluster Analysis Basics and Extensions. Version 2.1.0.: CRAN.R-project.
- Maione, C.; Nelson, D.R. und Barbosa, R.M. (2019): Research on social data by means of cluster analysis. *Applied Computing and Informatics* 15 (2), S. 153–162. DOI: 10.1016/j.aci.2018.02.003.
- Martins, J.M.; Fialho, R.; Albuquerque, A.; Neves, J.; Freitas, A.; Nunes, J.T. und Charneca, R. (2020): Growth, blood, carcass and meat quality traits from local pig breeds and their crosses. *Animal* 14 (3), S. 636–647. DOI: 10.1017/s1751731119002222.
- Mäurer, Herwig; Münch, Frank; Oxe, Wolfgang; Rex, Manfred (Hg.) (2020): Datenblätter tierische Erzeugung in Sachsen-Anhalt. Teilbericht Schein- Berichtsjahr 2019. Landesanstalt für Landwirtschaft und Gartenbau Sachsen-Anhalt (LLG) (2020).
- May, K.; Weimann, C.; Scheper, C.; Strube, C. und König, S. (2019): Allele substitution and dominance effects of CD166/ALCAM gene polymorphisms for endoparasite resistance and test-day traits in a small cattle population using logistic regression analyses. *Mammalian Genome* 30 (9-10), S. 301–317. DOI: 10.1007/s00335-019-09818-z.
- Merkel, A. (2020): Klimadaten für Städte weltweit. Climate-Data.org. Hg. v. AM Online Projects. Online verfügbar unter <https://de.climate-data.org/>.
- Merks, J. (1988): Genotype  $\times$  environment interactions in pig breeding programmes. IV. Sire  $\times$  herd interaction in on-farm test results. *Livestock Production Science* 20 (4), S. 325–336. DOI: 10.1016/0301-6226(88)90027-9.
- Merks, J.W.M.; Mathur, P.K. und Knol, E.F. (2012): New phenotypes for new breeding goals in pigs. *Animal* 6 (4), S. 535–543. DOI: 10.1017/S1751731111002266.
- Meuwissen, T.H. (1997): Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *Journal of Animal Science* 75 (4), S. 934–940. DOI: 10.2527/1997.754934x.
- Meuwissen, T.H. und Sonesson, A.K. (1998): Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding: overlapping generations. *Journal of Animal Science* 76 (10), S. 2575–2583. DOI: 10.2527/1998.76102575x.
- Meuwissen, T.H.E.; Odegard, J.; Andersen-Ranberg, I. und Grindflek, E. (2014): On the distance of genetic relationships and the accuracy of genomic prediction in pig breeding. *Genetics Selection Evolution* 46, S. 49. DOI: 10.1186/1297-9686-46-49.
- Miglior, F.; Burnside, E.B. und Dekkers, J.C.M. (1995): Nonadditive Genetic Effects and Inbreeding Depression for Somatic Cell Counts of Holstein Cattle. *Journal of Dairy Science* 78 (5), S. 1168–1173. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(95)76734-0.
- Miglior, F.; Szkotnicki, B. und Burnside, E.B. (1992): Analysis of Levels of Inbreeding and Inbreeding Depression in Jersey Cattle. *Journal of Dairy Science* 75 (4), S. 1112–1118. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(92)77856-4.
- Miller, R.H.; Norman, H.D.; Kuhn, M.T.; Clay, J.S. und Hutchison, J.L. (2007): Voluntary Waiting Period and Adoption of Synchronized Breeding in Dairy Herd Improvement Herds. *Journal of Dairy Science* 90 (3), S. 1594–1606. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(07)71645-4.
- Millet, S.; Hesta, M.; Seynaeve, M.; Ongenaes, E.; Smet, S. de; Debraekeleer, J. und Janssens, G. (2004): Performance, meat and carcass traits of fattening pigs with organic versus conventional housing and nutrition. *Livestock Production Science* 87 (2-3), S. 109–119. DOI: 10.1016/j.livprodsci.2003.10.001.

- Milligan, B.N.; Dewey, C.E. und Grau, A.F. de (2002): Neonatal-piglet weight variation and its relation to pre-weaning mortality and weight gain on commercial farms. *Preventive Veterinary Medicine* 56 (2), S. 119–127. DOI: 10.1016/S0167-5877(02)00157-5.
- Moeller, S.J.; Miller, R.K.; Edwards, K.K.; Zerby, H.N.; Logan, K.E.; Aldredge, T.L. et al. (2010): Consumer perceptions of pork eating quality as affected by pork quality attributes and end-point cooked temperature. *Meat science* 84 (1), S. 14–22. DOI: 10.1016/j.meatsci.2009.06.023.
- Mörlein, D.; Link, G.; Werner, C. und Wicke, M. (2007): Suitability of three commercially produced pig breeds in Germany for a meat quality program with emphasis on drip loss and eating quality. *Meat science* 77 (4), S. 504–511. DOI: 10.1016/j.meatsci.2007.04.030.
- Mrode, Raphael A. (2014): Linear models for the prediction of animal breeding values. 3rd ed. Wallingford: CABI.
- Mügge, Bernhard; Lutz, W. E.; Südbeck, H.; Zelfel, S. (1999): Deutsche Holsteins. Die Geschichte einer Zucht. Stuttgart: Ulmer.
- Müller-Lindenlauf, M.; Deittert, C. und Köpke, U. (2010): Assessment of environmental effects, animal welfare and milk quality among organic dairy farms. *Livestock Science* 128 (1-3), S. 140–148. DOI: 10.1016/j.livsci.2009.11.013.
- Münch, F.; Scheuer, H. und Mäurer, H. (2017a): Rasse Leicoma – Chancen für die alternative Schweinehaltung (II). Hg. v. Landesanstalt für Landwirtschaft und Gartenbau Sachsen-Anhalt (LLG). Online verfügbar unter <https://llg.sachsen-anhalt.de/themen/tierhaltung-und-tierzucht/schweine/untersuchungsergebnisse/>.
- Münch, F.; Scheuer, H. und Riesenbeck, A. (2017b): Rasse Leicoma – Chancen für die alternative Schweinehaltung (I). Hg. v. Landesanstalt für Landwirtschaft und Gartenbau Sachsen-Anhalt (LLG). Online verfügbar unter <https://llg.sachsen-anhalt.de/themen/tierhaltung-und-tierzucht/schweine/untersuchungsergebnisse/>.
- Munoz, M.A.; Bennett, G.J.; Ahlström, C.; Griffiths, H.M.; Schukken, Y.H. und Zadoks, R.N. (2008): Cleanliness scores as indicator of Klebsiella exposure in dairy cows. *Journal of Dairy Science* 91 (10), S. 3908–3916. DOI: 10.3168/jds.2008-1090.
- Murtagh, F. und Legendre, P. (2014): Ward’s Hierarchical Agglomerative Clustering Method: Which Algorithms Implement Ward’s Criterion? *Journal of Classification* 31 (3), S. 274–295. DOI: 10.1007/s00357-014-9161-z.
- Neuenschwander, T.F.-O.; Miglior, F.; Jamrozik, J.; Berke, O.; Kelton, D.F. und Schaeffer, L.R. (2012): Genetic parameters for producer-recorded health data in Canadian Holstein cattle. *Animal* 6 (4), S. 571–578. DOI: 10.1017/S1751731111002059.
- Neuner, S.J. (2009): Untersuchungen zur Optimierung von markerunterstützten Zuchtwertschätzverfahren in der Rinderzucht. Dissertation. Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Kiel. Institut für Tierzucht und Tierhaltung.
- Olschewsky, A. und Hinrichs, D. (2021): An Overview of the Use of Genotyping Techniques for Assessing Genetic Diversity in Local Farm Animal Breeds. *Animals* 11 (7). DOI: 10.3390/ani11072016.
- Osorio-Avalos, J.; Menéndez-Buxadera, A.; Serradilla, J.M. und Molina, A. (2015): Use of descriptors to define clusters of herds under similar environmental conditions to improve the level of connection among contemporary groups of mutton type merino sheep under an extensive production system. *Livestock Science* 176, S. 54–60. DOI: 10.1016/j.livsci.2015.03.029.

- Ostertagová, E.; Ostertag, O. und Kováč, J. (2014): Methodology and Application of the Kruskal-Wallis Test. *Applied Mechanics and Materials* 611, S. 115–120. DOI: 10.4028/www.scientific.net/AMM.611.115.
- Paixão, G.; Esteves, A.; Payan-Carreira, R. und Carolino, N. (2018): Demographic structure and genetic diversity of the endangered Bísaro pig: Evolution and current status. *Czech Journal of Animal Science* 63 (No. 11), S. 452–461. DOI: 10.17221/113/2018-CJAS.
- Pantelić, V.; Samolovac, L.; Aleksić, S.; Trivunović, S.; Petrović, M.M.; Ostojić-Andrić, D. und Novaković, Ž. (2010): Heritability of type traits in first calving Black and White cows. *Archives Animal Breeding* 53 (5), S. 545–554. DOI: 10.5194/aab-53-545-2010.
- Pasman, E.; Jaitner, J.; Reinhardt, F. und Rensing, S. (2006): Development of a new evaluation for sire and cow fertility. *Interbull Bulletin* 34, S. 34–37.
- Pavoine, S.; Vallet, J.; Dufour, A.-B.; Gachet, S. und Daniel, H. (2009): On the challenge of treating various types of variables: application for improving the measurement of functional diversity. *Oikos* 118 (3), S. 391–402. DOI: 10.1111/j.1600-0706.2009.16668.x.
- Peltoniemi, O.; Björkman, S.; Oropeza-Moe, M. und Oliviero, C. (2019): Developments of reproductive management and biotechnology in the pig. *Animal Reproduction* 16 (3), S. 524–538. DOI: 10.21451/1984-3143-AR2019-0055.
- Petig, M.; Zimmer, C.; Bühler, R. und Batorek-Lukac, N. (2019): Chapter 20: Schwäbisch-Hällisches Pig. In: Marjeta Čandek-Potokar und Rosa Nieto (Hg.): European Local Pig Breeds - Diversity and Performance. A study of project TREASURE: BoD – Books on Demand, S. 257–266.
- Pryce, J.E.; Nielsen, B.L.; Veerkamp, R.F. und Simm, G. (1999a): Genotype and feeding system effects and interactions for health and fertility traits in dairy cattle. *Livestock Production Science* 57 (3), S. 193–201. DOI: 10.1016/S0301-6226(98)00180-8.
- Pryce, J.E.; Royal, M.D.; Garnsworthy, P.C. und Mao, I.L. (2004): Fertility in the high-producing dairy cow. *Livestock Production Science* 86 (1-3), S. 125–135. DOI: 10.1016/S0301-6226(03)00145-3.
- Pryce, J.E.; Simm, G.; Veerkamp, R.F. und Oldham, J.D. (1999b): Genotype by nutrition interactions from Langhill dairy cows in three lactations. *Proceedings of the British Society of Animal Science* 1999, S. 200. DOI: 10.1017/S1752756200003550.
- Ptak, E. und Schaeffer, L.R. (1993): Use of test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows. *Livestock Production Science* 34 (1-2), S. 23–34. DOI: 10.1016/0301-6226(93)90033-E.
- R Core Team (2018): R: A language and environment for statistical computing. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing. Online verfügbar unter <https://www.R-project.org/>.
- Rahmann, G.; Nieberg, H.; Drengemann, S.; Fenneker, A.; March, S. und Zurek, C. (2010): Bundesweite repräsentative Erhebung und Analyse der verbreiteten Produktionsverfahren, der realisierten Vermarktungswege und der wirtschaftlichen sowie sozialen Lage ökologisch wirtschaftender Betriebe und Aufbau eines bundesweiten Praxis-Forschungs-Netzes. Hg. v. Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL) (Landbauforschung, Sonderheft 276).
- Reents, R.; Jamrozik, J.; Schaeffer, L.R. und Dekkers, J.C.M. (1995): Estimation of Genetic Parameters for Test Day Records of Somatic Cell Score. *Journal of Dairy Science* 78, S. 2847–2857. Online verfügbar unter

<https://www.journalofdairyscience.org/action/showPdf?pii=S0022-0302%2895%2976915-6>.

- Reichenbach, M.; Pinto, A.; König, S.; Bhatta, R. und Schlecht, E. (2021): Dairy production in an urbanizing environment-Typology and linkages in the megacity of Bengaluru, India. *PLoS one* 16 (8), e0255791. DOI: 10.1371/journal.pone.0255791.
- Reiner, G. (2006): Genetische Aspekte der Fruchtbarkeit beim Schwein. *Tierärztliche Praxis Ausgabe G: Großtiere / Nutztiere* 34 (03), S. 171–178. DOI: 10.1055/s-0037-1621066.
- Reist, M.; Erdin, D.; Euw, D. von; Tschuemperlin, K.; Leuenberger, H.; Chilliard, Y. et al. (2002): Estimation of Energy Balance at the Individual and Herd Level Using Blood and Milk Traits in High-Yielding Dairy Cows. *Journal of Dairy Science* 85 (12), S. 3314–3327. DOI: 10.3168/jds.s0022-0302(02)74420-2.
- Ricci, P.; Chagunda, M.G.G.; Rooke, J.; M Houdijk, J.G.; Duthie, C.-A.; Hyslop, J. et al. (2014): Evaluation of the laser methane detector to estimate methane emissions from ewes and steers. *Journal of Animal Science* 92 (11), S. 5239–5250. DOI: 10.2527/jas.2014-7676.
- Riveiro, J.A.; Mantecón, A.R.; Álvarez, C.J. und Lavín, P. (2013): A typological characterization of dairy Assaf breed sheep farms at NW of Spain based on structural factor. *Agricultural Systems* 120, S. 27–37. DOI: 10.1016/j.agsy.2013.05.004.
- Robertson, A. (1959): The Sampling Variance of the Genetic Correlation Coefficient. *Biometrics* 15 (3), S. 469. DOI: 10.2307/2527750.
- Rousseeuw, P.J. (1987): Silhouettes: A graphical aid to the interpretation and validation of cluster analysis. *Journal of Computational and Applied Mathematics* (20), S. 53–65.
- Ruspini, E.H. (1969): A new approach to clustering. *Information and Control* 15, S. 22–32.
- Ryu, Y.C.; Choi, Y.M.; Lee, S.H.; Shin, H.G.; Choe, J.H.; Kim, J.M. et al. (2008): Comparing the histochemical characteristics and meat quality traits of different pig breeds. *Meat science* 80 (2), S. 363–369. DOI: 10.1016/j.meatsci.2007.12.020.
- Salasya, B. und Stoorvogel, J. (2010): Fuzzy classification for farm household characterization. *Outlook on Agriculture* 39 (1), S. 57–63. DOI: 10.5367/000000010791169961.
- Sambras, Hans Hinrich (2016): Farbatlas Nutztierassen. 263 Rassen in Wort und Bild. 8. Auflage. Stuttgart: Ulmer. Online verfügbar unter <http://www.ulmer.de/artikel.dll/Webshop?RC=Book2Look&ISBN=978-3-8001-1296-8>.
- Samorè, A.B. und Fontanesi, L. (2016): Genomic selection in pigs: state of the art and perspectives. *Italian Journal of Animal Science* 15 (2), S. 211–232. DOI: 10.1080/1828051X.2016.1172034.
- Savoia, S.; Brugiapaglia, A.; Pauciullo, A.; Di Stasio, L.; Schiavon, S.; Bittante, G. und Albera, A. (2019): Characterisation of beef production systems and their effects on carcass and meat quality traits of Piemontese young bulls. *Meat science* 153, S. 75–85. DOI: 10.1016/j.meatsci.2019.03.010.
- Schaeffer, L.R. und Dekkers, J.C.M. (1994): Random regressions in animal models for test-day production in dairy cattle. In: C. Smith (Hg.): Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Guelph, Ontario, Canada, 7.-12. August 1994. University of Guelph, Dept. of Animal & Poultry Science, S. 443–446.
- Scheper, C.; Emmerling, R.; Götz, K.-U. und König, S. (2021): A variance component estimation approach to infer associations between Mendelian polledness and quantitative

- production and female fertility traits in German Simmental cattle. *Genetics Selection Evolution* 53 (1), S. 60. DOI: 10.1186/s12711-021-00652-z.
- Schmitz, F.; Everett, R.W. und Quaas, R.L. (1991): Herd-Year-Season Clustering. *Journal of Dairy Science* 74 (2), S. 629–636. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(91)78210-6.
- Schöpke, K. und Swalve, H.H. (2016): Review: Opportunities and challenges for small populations of dairy cattle in the era of genomics. *Animal* 10 (6). DOI: 10.1017/S1751731116000410.
- Schreiner, D.A. und Ruegg, P.L. (2003): Relationship Between Udder and Leg Hygiene Scores and Subclinical Mastitis. *Journal of Dairy Science* 86 (11), S. 3460–3465. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(03)73950-2.
- Schröder, U.J. und Staufenbiel, R. (2006): Invited Review: Methods to Determine Body Fat Reserves in the Dairy Cow with Special Regard to Ultrasonographic Measurement of Backfat Thickness. *Journal of Dairy Science* 89 (1), S. 1–14. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(06)72064-1.
- Schulze, W. (1956): Zum Erzeugungsziel des deutschen Fleischschweine. *German Journal of Agricultural Economics* 5, 1956 (7), S. 198–204. Online verfügbar unter [https://ageconsearch.umn.edu/record/294890/files/jahrgang\\_1956\\_heft\\_07\\_artikel\\_33\\_schulze.pdf](https://ageconsearch.umn.edu/record/294890/files/jahrgang_1956_heft_07_artikel_33_schulze.pdf).
- Serenius, T. und Stalder, K.J. (2004): Genetics of length of productive life and lifetime prolificacy in the Finnish Landrace and Large White pig populations. *Journal of Animal Science* 82 (11), S. 3111–3117. DOI: 10.2527/2004.82113111x.
- Shabalina, T.; Yin, T. und König, S. (2020): Influence of common health disorders on the length of productive life and stayability in German Holstein cows. *Journal of Dairy Science* 103 (1), S. 583–596. DOI: 10.3168/jds.2019-16985.
- Shook, E.G.; Kirk, R.L.B.; Welcome, F.L.; Schukken, Y.H. und Ruegg, P.L. (2017): Relationship between intramammary infection prevalence and somatic cell score in commercial dairy herds. *Journal of Dairy Science* 100 (12), S. 9691–9701. DOI: 10.3168/jds.2017-12810.
- Silió, L.; Rodríguez, M.C.; Fernández, A.I.; Barragán, C.; Benítez, R. und Óvilo, C. (2013): Measuring inbreeding and inbreeding depression on pig growth from pedigree or SNP-derived metrics. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 130 (5), S. 349–360. DOI: 10.1111/jbg.12031.
- Simensen, E.; Østerås, O.; Bøe, K.E.; Kielland, C.; Ruud, L.E. und Naess, G. (2010): Housing system and herd size interactions in Norwegian dairy herds; associations with performance and disease incidence. *Acta Veterinaria Scandinavica* 52, S. 14. DOI: 10.1186/1751-0147-52-14.
- Sørensen, A.C.; Madsen, P.; Sørensen, M.K. und Berg, P. (2006): Udder Health Shows Inbreeding Depression in Danish Holsteins. *Journal of Dairy Science* 89 (10), S. 4077–4082. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(06)72452-3.
- Sørensen, M.K.; Voergaard, J.; Pedersen, L.D.; Berg, P. und Sørensen, A.C. (2011): Genetic gain in dairy cattle populations is increased using sexed semen in commercial herds. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 128 (4), S. 267–275. DOI: 10.1111/j.1439-0388.2011.00924.x.
- Sorge, U.S.; Moon, R.; Wolff, L.J.; Michels, L.; Schroth, S.; Kelton, D.F. und Heins, B. (2016): Management practices on organic and conventional dairy herds in Minnesota. *Journal of Dairy Science* 99 (4), S. 3183–3192. DOI: 10.3168/jds.2015-10193.

- Spötter, A. und Distl, O. (2006): Genetic approaches to the improvement of fertility traits in the pig. *Veterinary Journal* 172 (2), S. 234–247. DOI: 10.1016/j.tvjl.2005.11.013.
- Sprecher, D.J.; Hostetler, D.E. und Kaneene, J.B. (1997): A lameness scoring system that uses posture and gait to predict dairy cattle reproductive performance. *Theriogenology* 47 (6), S. 1179–1187. DOI: 10.1016/S0093-691X(97)00098-8.
- Statistisches Bundesamt (2021): Stallhaltung, Weidehaltung 2020. Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) (723). Online verfügbar unter <https://www.bmel-statistik.de/landwirtschaft/tierhaltung/rinderhaltung>.
- Stock, F.K.; Cole, J.B.; Pryce, J.E.; Gengler, N.; Bradley, A.; Andrews, L. und Egger-Danner, C. (2012): Survey on the recording and use of functional traits in dairy management and breeding. 38th Conference of the International Committee for Animal Recording (ICAR). Conference of the International. Cork, Irland, 28.05.2012.
- Strabel, T. und Szwaczkowski, T. (1997): Additive genetic and permanent environmental variance components for test day milk traits in Black-White cattle. *Livestock Production Science* 48 (2), S. 91–98. DOI: 10.1016/S0301-6226(97)00005-5.
- Strabel, T. und Szwaczkowski, T. (1999): The use of test day models with small size of contemporary groups. *Journal of Animal Breeding and Genetics* (116), S. 379–386.
- Strabel, T.; Szyda, J.; Ptak, E. und Jamrozik, J. (2005): Comparison of Random Regression Test-Day Models for Polish Black and White Cattle. *Journal of Dairy Science* 88 (10), S. 3688–3699. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(05)73055-1.
- Struyf, A.; Hubert, M. und Rousseeuw, P.J. (1996): Clustering in an Object-Oriented Environment. *Journal of Statistical Software* 1 (4). DOI: 10.18637/jss.v001.i04.
- Sundrum, A. (2001): Organic livestock farming. *Livestock Production Science* 67 (3), S. 207–215. DOI: 10.1016/S0301-6226(00)00188-3.
- Sundrum, A.; Goebel, A.; Bochicchio, D.; Bonde, M.; Bourgoïn, A.; Cartaud, G. et al. (2010): Health status in organic pig herds in Europe. In: Sylvie D'Allaire und Robert Friendship (Hg.): Proceedings of the 21st International Pig Veterinary Society (IPVS) Congress. Vancouver, Canada: IPVS, S. 277.
- Suzuki, K.; Irie, M.; Kadowaki, H.; Shibata, T.; Kumagai, M. und Nishida, A. (2005): Genetic parameter estimates of meat quality traits in Duroc pigs selected for average daily gain, longissimus muscle area, backfat thickness, and intramuscular fat content. *Journal of Animal Science* 83 (9), S. 2058–2065. DOI: 10.2527/2005.8392058x.
- Swalve, H.H. (1995): The Effect of Test Day Models on the Estimation of Genetic Parameters and Breeding Values for Dairy Yield Traits. *Journal of Dairy Science* 78 (4), S. 929–938. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(95)76708-X.
- Swalve, H.H. (2000): Theoretical Basis and Computational Methods for Different Test-Day Genetic Evaluation Methods. *Journal of Dairy Science* 83 (5), S. 1115–1124.
- Swalve, H.H. (2002): Aktuelle Aspekte der Rinder- und Pferdezücht. *Archiv für Tierzucht* 45 (Sonderheft), S. 5–19. Online verfügbar unter <https://aab.copernicus.org/articles/AAB-Sonderheft-2002.pdf>.
- Swalve, H.H. (2003): Neue Ansätze in der züchterischen Bearbeitung funktionaler Merkmale. *Archiv für Tierzucht* 46 (Sonderheft), 2003, S. 63–71.
- Swalve, H.H. (2013): Globale Tendenzen in der Rinder- und Schweinezücht. In: Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) (Hg.): Tiere züchten - High Tech und

- Verantwortung. Schriftenreihe der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft. Tierzuchtsymposium. Freising-Weihenstephan, S. 17–31.
- Swalve, H.H. und Höver, K. (2003): Untersuchungen an den Ergebnissen der Zuchtwertschätzung von Holstein Bullen und Kühen in Deutschland. *Archives Animal Breeding* 46 (2), S. 113–126. DOI: 10.5194/aab-46-113-2003.
- Swalve, H.H.; Rosner, F. und Wemheuer, W. (2003): Inbreeding in the German Holstein cow population. In: Y. van der Honing (Hg.): Book of Abstracts of the 54th Annual Meeting of the European Association for Animal Production, Vol. 9. Rome, Italy: Wageningen Academic publishers, S. 17.
- TGRDEU (2021a): Fachdatenbank für Tier Genetische Ressourcen::Genetik Detaildarstellung. Online verfügbar unter [https://tgrdeu.genres.de/nutztiere/suche-nutztiere/genetik-detaildarstellung/?tx\\_sttgrdeu\\_nutztier%5Bg\\_id%5D=654&tx\\_sttgrdeu\\_nutztier%5Baction%5D=genetikDetail&tx\\_sttgrdeu\\_nutztier%5Bcontroller%5D=Nutztier&cHash=961248c5168bd52ab4538b0d7506f9e8](https://tgrdeu.genres.de/nutztiere/suche-nutztiere/genetik-detaildarstellung/?tx_sttgrdeu_nutztier%5Bg_id%5D=654&tx_sttgrdeu_nutztier%5Baction%5D=genetikDetail&tx_sttgrdeu_nutztier%5Bcontroller%5D=Nutztier&cHash=961248c5168bd52ab4538b0d7506f9e8).
- TGRDEU (2021b): Fachdatenbank für Tier Genetische Ressourcen::Liste Tierarten. Online verfügbar unter <https://tgrdeu.genres.de/nutztiere/liste-tierarten/>.
- Thompson, J.R.; Everett, R.W. und Wolfe, C.W. (2000): Effects of Inbreeding on Production and Survival in Jerseys. *Journal of Dairy Science* 83 (9), S. 2131–2138. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(00)75096-X.
- Tiezzi, F.; Maltecca, C.; Cecchinato, A.; Penasa, M. und Bittante, G. (2012): Genetic parameters for fertility of dairy heifers and cows at different parities and relationships with production traits in first lactation. *Journal of Dairy Science* 95 (12), S. 7355–7362. DOI: 10.3168/jds.2012-5775.
- Tönepöhl, B. (2012): Untersuchungen zur Erfassung und Genetik von Verhaltensmerkmalen beim Schwein unter Praxisbedingungen. Dissertation. Georg-August-Universität Göttingen, Göttingen. Nutztierwissenschaften, Abteilung Produktionssysteme der Nutztiere. Online verfügbar unter [https://ediss.uni-goettingen.de/bitstream/handle/11858/00-1735-0000-0001-BAD8-7/Dissertation\\_Bj%c3%b6rn%20T%c3%b6nep%c3%b6hl.pdf?sequence=1](https://ediss.uni-goettingen.de/bitstream/handle/11858/00-1735-0000-0001-BAD8-7/Dissertation_Bj%c3%b6rn%20T%c3%b6nep%c3%b6hl.pdf?sequence=1).
- Tosh, J.J. und Wilton, J.W. (1994): Effects of data structure on variance of prediction error and accuracy of genetic evaluation. *Journal of Animal Science* 72 (10), S. 2568–2577. DOI: 10.2527/1994.72102568x.
- Tremblay, M.; Hess, J.P.; Christenson, B.M.; McIntyre, K.K.; Smink, B.; van der Kamp, A.J. et al. (2016): Customized recommendations for production management clusters of North American automatic milking systems. *Journal of Dairy Science* 99 (7), S. 5671–5680. DOI: 10.3168/jds.2015-10153.
- Tusell, L.; Gilbert, H.; Riquet, J.; Mercat, M.-J.; Legarra, A. und Larzul, C. (2016): Pedigree and genomic evaluation of pigs using a terminal-cross model. *Genetics Selection Evolution* 48, S. 32. DOI: 10.1186/s12711-016-0211-3.
- van Bebber, J.; Reinsch, N.; Junge, W. und Kalm, E. (1997): Accounting for herd, year and season effects in genetic evaluations of dairy cattle: a review. *Livestock Production Science* 51 (1-3), S. 191–203. DOI: 10.1016/S0301-6226(97)00058-4.
- van der Werf, J.H.J.; Kinghorn, B.P. und Banks, R.G. (2010): Design and role of an information nucleus in sheep breeding programs. *Animal Production Science* 50 (12), S. 998. DOI: 10.1071/AN10151.

- van Oeckel, M.; Warnants, N. und Boucqué, C. (1999): Pork tenderness estimation by taste panel, Warner–Bratzler shear force and on-line methods. *Meat science* 53 (4), S. 259–267. DOI: 10.1016/S0309-1740(99)00067-4.
- van Vleck, L.D. (1987): Contemporary Groups for Genetic Evaluations. *Journal of Dairy Science* 70 (11), S. 2456–2464. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(87)80309-0.
- VanRaden, P.M. (2001): Methods to Combine Estimated Breeding Values Obtained from Separate Sources. *Journal of Dairy Science* 84, E47-E55. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(01)70196-8.
- Varona, L.; Misztal, I. und Bertrand, J.K. (1999): Threshold-linear versus linear-linear analysis of birth weight and calving ease using an animal model: II. Comparison of models. *Journal of Animal Science* 77 (8), S. 2003–2007. DOI: 10.2527/1999.7782003x.
- Vasconcelos, J.; Santos, F.; Bagnato, A. und Carvalheira, J. (2008): Effects of Clustering Herds with Small-Sized Contemporary Groups in Dairy Cattle Genetic Evaluations. *Journal of Dairy Science* 91 (1), S. 377–384. DOI: 10.3168/jds.2007-0202.
- Vasconcelos, J.; Santos, F.; Barroso, R.; Martins, A.; Ferreira, A. und Carvalheira, J. (2006): Effects of clustering dairy herds for genetic evaluations using different descriptors to define similarities between production environments. 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Belo Horizonte, MG, Brasil, 13.08.2006.
- Visscher, P.M. und Goddard, M.E. (1993): Fixed and Random Contemporary Groups. *Journal of Dairy Science* (76), S. 1444–1454.
- VIT (2022): Beschreibung der Zuchtwertschätzung für alle Schätzmerkmale bei den Milchrinderrassen für die vit mit der Zuchtwertschätzung beauftragt ist. Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. Online verfügbar unter [https://www.vit.de/fileadmin/DE/Zuchtwertschaetzung/Zws\\_Bes\\_deu.pdf](https://www.vit.de/fileadmin/DE/Zuchtwertschaetzung/Zws_Bes_deu.pdf).
- Vries, A.G. de (1989): A model to estimate economic values of traits in pig breeding. *Livestock Production Science* 21 (1), S. 49–66. DOI: 10.1016/0301-6226(89)90020-1.
- Wähner, M. (2012): Zucht- und Produktionsziele in der Schweinezucht. In: Steffen Hoy (Hg.): Schweinezucht und Ferkelerzeugung. Stuttgart: Verlag Eugen Ulmer, S. 17–59.
- Wallenbeck, A.; Rousing, T.; Sørensen, J.T.; Bieber, A.; Spengler Neff, A.; Fuerst-Waltl, B. et al. (2018): Characteristics of organic dairy major farm types in seven European countries. *Organic Agriculture* 98 (1–3), S. 7426. DOI: 10.1007/s13165-018-0227-9.
- Waltner, S.S.; McNamara, J.P. und Hillers, J.K. (1993): Relationships of Body Condition Score to Production Variables in High Producing Holstein Dairy Cattle. *Journal of Dairy Science* 76 (11), S. 3410–3419. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(93)77679-1.
- Ward, J.H. (1963): Hierarchical Grouping to Optimize an Objective Function. *Journal of the American Statistical Association* 58 (301), S. 236. DOI: 10.2307/2282967.
- Warnick, L.D.; Janssen, D.; Guard, C.L. und Gröhn, Y.T. (2001): The Effect of Lameness on Milk Production in Dairy Cows. *Journal of Dairy Science* 84 (9), S. 1988–1997. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(01)74642-5.
- Weaver, A.D. (1984): Economic importance of digital diseases in cattle. 223-225 Pages / The Bovine Practitioner, No. 19 (1984 November). *Bovine Practitioner*, S. 223–225. DOI: 10.21423/bovine-vol1984no19p223-225.
- Weigel, K.A. (2001): Controlling Inbreeding in Modern Breeding Programs. *Journal of Dairy Science* 84, E177-E184. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(01)70213-5.

- Weigel, K.A.; Kriegl, T. und Pohlman, A.L. (1999): Genetic Analysis of Dairy Cattle Production Traits in a Management Intensive Rotational Grazing Environment. *Journal of Dairy Science* 82 (1), S. 191–195. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(99)75223-9.
- Weigel, K.A. und Lin, S.W. (2002): Controlling Inbreeding by Constraining the Average Relationship Between Parents of Young Bulls Entering AI Progeny Test Programs. *Journal of Dairy Science* 85 (9), S. 2376–2383. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(02)74318-X.
- Weigel, K.A. und Rekaya, R. (1999): A Multiple-Trait Herd Cluster Model for International Dairy Sire Evaluation. *Journal of Dairy Science* 83 (4), S. 815–821. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(00)74944-7.
- Welfare Quality® (2009): Welfare Quality® assessment protocol for cattle. Welfare Quality® Consortium. Lelystad, Netherlands. Online verfügbar unter [http://www.welfarequalitynetwork.net/media/1017/cattle\\_protocol\\_without\\_veal\\_calves.pdf](http://www.welfarequalitynetwork.net/media/1017/cattle_protocol_without_veal_calves.pdf).
- Werner, D.; Baldinger, L.; Bussemas, R.; Büttner, S.; Weissmann, F.; Ciulu, M. et al. (2021): Early Immunocastration of Pigs: From Farming to Meat Quality. *Animals* 11 (2), S. 298. DOI: 10.3390/ani11020298.
- Whay, H.R.; Main, D.C.J.; Green, L.E. und Webster, A.J.F. (2003): Assessment of the welfare of dairy cattle using animal-based measurements: direct observations and investigation of farm records. *Veterinary Record* 153 (7), S. 197–202. DOI: 10.1136/vr.153.7.197.
- Wickham, Hadley (2016): ggplot2. Elegant Graphics for Data Analysis. 2nd ed. 2016. Cham: Springer International Publishing; Imprint: Springer (Use R!).
- Wiggans, G.R.; VanRaden, P.M. und Zuurbier, J. (1995): Calculation and Use of Inbreeding Coefficients for Genetic Evaluation of United States Dairy Cattle. *Journal of Dairy Science* 78 (7), S. 1584–1590. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(95)76782-0.
- Willam, Alfons; Simianer, Henner (2011): Tierzucht. Grundwissen Bachelor. Stuttgart: Ulmer (UTB, 3526). Online verfügbar unter <http://www.utb-studi-e-book.de/9783838535265>.
- Willke, H. (2006): Züchtung, Biotechnik und Molekulargenetik. Grundlagen der Züchtung. In: Gerhard von Lengerken, Franz Ellendorf und Jürgen von Lengerken (Hg.): Tierzucht. Stuttgart: Ulmer (Landwirtschaftliches Lehrbuch), S. 74–102.
- Winckler, C. und Willen, S. (2001): The Reliability and Repeatability of a Lameness Scoring System for Use as an Indicator of Welfare in Dairy Cattle. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A - Animal Science* 51 (sup030), S. 103–107. DOI: 10.1080/090647001316923162.
- Windig, J.J.; Hoving-Bolink, R.A. und Veerkamp, R.F. (2015): Breeding for polledness in Holstein cattle. *Livestock Science* 179, S. 96–101. DOI: 10.1016/j.livsci.2015.05.021.
- Wissenschaftliche Dienste (Hg.) (2018): Art. 20a GG und die betäubungslose Ferkelkastration. WD 5 – 3000 – 137/18. Fachbereich: WD 5: Wirtschaft und Verkehr, Ernährung, Landwirtschaft und. Online verfügbar unter <https://www.bundestag.de/resource/blob/579496/16a35572cf3968e86ef62d422a4cede5/wd-5-137-18-pdf-data.pdf>.
- Wright, S. und McPhee, H.-C. (1925): An approximate method of calculating coefficients of inbreeding and relationship. *Journal of Agricultural Research* 31 (No. 4), S. 377–383. Online verfügbar unter <https://naldc.nal.usda.gov/download/IND43966972/PDF>.
- Yang, R.; Schaeffer, L.R. und Jamrozik, J. (2004): Robust estimation of breeding values in a random regression test-day model. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 121 (4), S. 221–228. DOI: 10.1111/j.1439-0388.2004.00461.x.

- Yin, T. und König, S. (2018): Heritabilities and genetic correlations in the same traits across different strata of herds created according to continuous genomic, genetic, and phenotypic descriptors. *Journal of Dairy Science* 101 (3), S. 2171–2186. DOI: 10.3168/jds.2017-13575.
- Yin, T. und König, S. (2019): Genome-wide associations and detection of potential candidate genes for direct genetic and maternal genetic effects influencing dairy cattle body weight at different ages. *Genetics Selection Evolution* 51 (1), S. 4. DOI: 10.1186/s12711-018-0444-4.
- Zhao, Y.; Nan, X.; Yang, L.; Zheng, S.; Jiang, L. und Xiong, B. (2020): A Review of Enteric Methane Emission Measurement Techniques in Ruminants. *Animals* 10 (6), S. 1004. DOI: 10.3390/ani10061004.
- Zwald, N.R.; Weigel, K.A.; Chang, Y.M.; Welper, R.D. und Clay, J.S. (2004): Genetic Selection for Health Traits Using Producer-Recorded Data. I. Incidence Rates, Heritability Estimates, and Sire Breeding Values. *Journal of Dairy Science* 87 (12), S. 4287–4294. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(04)73573-0.
- Zwald, N.R.; Weigel, K.A.; Fikse, W.F. und Rekaya, R. (2003a): Application of a Multiple-Trait Herd Cluster Model for Genetic Evaluation of Dairy Sires from Seventeen Countries. *Journal of Dairy Science* 86 (1), S. 376–382. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(03)73616-9.
- Zwald, N.R.; Weigel, K.A.; Fikse, W.F. und Rekaya, R. (2003b): Identification of Factors That Cause Genotype by Environment Interaction Between Herds of Holstein Cattle in Seventeen Countries. *Journal of Dairy Science* 86 (3), S. 1009–1018. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(03)73684-4.

## 8. Anhang

## Anhang I Fragebogen Rind

Anhang Tabelle 1: Stichwortartige Fragestellungen und Antwortmöglichkeiten des zur Charakterisierung verwendeten Fragebogens innerhalb der rinderhaltenden Betriebe.

Themengebiet	Stichwortartige Fragestellung	Antwortmöglichkeit
<i>Allgemeine Charakterisierung</i>		
Betriebs- charakterisierung	Betriebsstandort/ Betriebsschlüssel Betriebsform	Offene Frage  1. Familienbetrieb 2. GbR 3. GmbH 4. Genossenschaft 5. Lehr- und Versuchsgut
	Betriebsart	1. konventionell 2. EU-Öko-Verordnung 3. Bioland 4. Naturland 5. Biokreis 6. Demeter 7. Sonstige: ....
	Betriebstyp	1. Milchvieh+ Futterbau (hauptsächlich) 2. Milchvieh+ Marktfrucht 3. Milchvieh+ Biogas 4. Milchvieh+ andere Tierart (welche?)
	Haupteinnahmequelle	1. Milch 2. Mast (Rind) 3. Andere Tierart 4. Marktfrucht 5. Biogas

Anhang Tabelle 1 (Fortsetzung I): Stichwortartige Fragestellungen und Antwortmöglichkeiten des zur Charakterisierung verwendeten Fragebogens innerhalb der rinderhaltenden Betriebe.

<b>Themengebiet</b>	<b>Stichwortartige Fragestellung</b>	<b>Antwortmöglichkeit</b>	
<i><u>Allgemeine Charakterisierung</u></i>			
Natürliche Gegebenheiten des Betriebes	Höhenlage (nach Merkel, 2020)	[m über NN]	
	Mittlere Jahrestemperatur (nach Merkel, 2020)	[°C]	
	Mittlere jährliche Niederschlagsmenge (nach Merkel, 2020)	[mm]	
	Bodenzahl	Von ... bis ...	
	Bodenart	Offene Frage	
	Gelände	Hanglage: ... %	
		Ebene: ... %	
<i><u>Charakterisierung der Rinder</u></i>			
Rinderhaltung	Stallform	1. Boxenlaufstall	
		2. Zwei-Raum-Laufstall	
		3. Kompostierungsstall	
		4. Anbindehaltung	
		5. Boxenlaufstall mit Laufhof	
		6. Zwei-Raum-Laufstall mit Laufhof	
		7. Sonstige: ...	
	Stallart	1. Kaltstall	
		2. Warmstall	
		3. Mischform	
Stallbodengestaltung	1. Vollspaltenboden		
	2. Planbefestigter Boden		
	3. Mit Gummi-Auflage		
	4. Einstreu		
Liegeboxen-Typ	1. Hochboxen		
	2. Tiefboxen		
	3. Hoch-Tief-Boxen		
Liegeboxen-Auflage	1. Gummimatte		
	2. Strohbett		
	3. Mistmatratze (Pferdemist)		
	4. Mistmatratze (Rindermist)		
Liegeboxen-Einstreu	1. Stroh		
	2. Stroh+ Kalk		
	3. Kalk		

Anhang Tabelle 1 (Fortsetzung II): Stichwortartige Fragestellungen und Antwortmöglichkeiten des zur Charakterisierung verwendeten Fragebogens innerhalb der rinderhaltenden Betriebe.

<b>Themengebiet</b>	<b>Stichwortartige Fragestellung</b>	<b>Antwortmöglichkeit</b>
<i>Charakterisierung der Rinder</i>		
Rinderhaltung	Liegeboxen-Abmessung	Boxen wurden ausgemessen
	Anzahl Liegeplätze	[Anzahl]
	Anzahl Fressplätze	[Anzahl]
	Überbelegung	1. Ja 2. Nein 3. Selten
	Tierwohlaspekte	1. Kuhbürsten 2. Weidegang 3. Laufhof 4. Ventilatoren
Weide- management	Weidenutzung	1. Ja 2. Nein
	Art der Weidenutzung	1. Portionsweide 2. Standweide 3. Kurzrasenweide
	Dauer der Weidenutzung (jährlich)	[Tagen]
	Tägliche Weidezeit	[Stunden]
Gesundheits- management	Herdenmanagement- Software	1. Ja (Welche?) 2. Nein
	Gesundheitsdaten- erfassung	1. Behandlungsbuch 2. elektronisch 3. elektronische Hilfsprogramme zur Früherkennung 4. Teilnahme am Gesundheitsprojekt mit Internetdatenbank
	Mutterschutzimpfung	1. Ja 2. Nein
	Art der Mutterschutzimpfung	Offene Frage
	Klauenpflege	1. Betriebsklauenpfleger 2. externer Klauenpfleger 3. Betriebs- + externer Klauenpfleger
	Häufigkeit der Klauenpflege	1. Keine 2. Bei Bedarf 3. 1x jährl. 4. 2x jährl. 5. 3x jährl.

Anhang Tabelle 1 (Fortsetzung III): Stichwortartige Fragestellungen und Antwortmöglichkeiten des zur Charakterisierung verwendeten Fragebogens innerhalb der rinderhaltenden Betriebe.

<b>Themengebiet</b>	<b>Stichwortartige Fragestellung</b>	<b>Antwortmöglichkeit</b>
Gesundheitsmanagement	Zellzahlenniveau (Herdendurchschnitt)	[Zellen/ml]
	Häufigste Abgangsursache	Offene Frage
	2. häufigste Abgangsursache	Offene Frage
	Anteil von Labmagenverlagerungen	[%]
	Anteil von Ketose	[%]
	Anteil von Azidose	[%]
	Anteil von Dermatitis Digitalis	[%]
	Anteil von Sohlengeschwüre	[%]
	Anteil von akute Mastitis	[%]
	Fütterung - Milchvieh	Leistungsgruppen
Einteilung der Leistungsgruppen		Offene Frage
Futtermittel als		1. Teil-Misch-Ration 2. Totale-Misch-Ration 3. TMR ohne Kraftfutter
Rationsgestaltung		1. Maisbetont 2. Grasbetont 3. 50:50 Gras-Mais 4. Rohfaserbetont
Grundfutter-Milchleistung		
Kraftfuttermittelgabe		[Ø kg]
Energiegehalt der Ration		
Proteingehalt der Ration		
Besonderheiten der Ration		Offene Frage
Futtermittelhäufigkeit		[Anzahl]
Futtermittelnachschieben	[Anzahl]	
Fütterung - Trockensteher	Futtermittel als	1. Teil-Misch-Ration 2. Totale-Misch-Ration 3. TMR ohne Kraftfutter
	Rationsgestaltung	1. Maisbetont 2. Grasbetont 3. 50:50 Gras-Mais 4. Rohfaserbetont
	Kraftfuttermittelgabe	[Ø kg]
	Energiegehalt der Ration	
	Proteingehalt der Ration	

Anhang Tabelle 1 (Fortsetzung IV): Stichwortartige Fragestellungen und Antwortmöglichkeiten des zur Charakterisierung verwendeten Fragebogens innerhalb der rinderhaltenden Betriebe.

<b>Themengebiet</b>	<b>Stichwortartige Fragestellung</b>	<b>Antwortmöglichkeit</b>
Fütterung - Trockensteher	Besonderheiten der Ration	Offene Frage
	z.B. Futterharnstoff	
	Futternachschieben	[Anzahl]
	Futternachschieben	[Anzahl]
	Transitgruppe	1. Ja 2. Nein
Transit-Fütterung		1. Nein 2. Ja, bei den Trockensteher 3. Ja, in der Transitgruppe 4. Ja, bei den Laktierenden
	Trockenstehdauer	[Tage]
	Art des Trockenstellens	1. Ohne Medikamente/Versiegler 2. Interner Versiegler 3. Externer Versiegler 4. Antibiotische Medikamente 5. Homöopathische Medikamente
	Milchprobe vor Trockenstellen	1. Ja 2. Nein 3. Bei Bedarf 4. Vor antibiotischen Trockenstellen 5. Vor Versiegeln
	Ort der Abkalbung	1. In der Herde 2. Abkalbe-/Krankenbox 3. Einzelabkalbebox (separate Krankenbox 4. Gruppenabkalbebox (bis 3 Kühe) 5. Trockenstehergruppe (> 3 Kühe)
Reinigung der Abkalbebox	1. Keine (> 5 Kühe pro Box ohne „Reinigung“) 2. Rein-Raus-Prinzip 3. Drüberstreuen	
Milchfieber-Prophylaxe	1. Keine 2. Ja, alle 3. Ja, ab der 3. Laktation	
Art der Milchfieber-Prophylaxe	1. Glukose-Fütterung 2. Glukose-Infusion 3. Calcium-Bolus 4. Sonstige: ...	

Anhang Tabelle 1 (Fortsetzung V): Stichwortartige Fragestellungen und Antwortmöglichkeiten des zur Charakterisierung verwendeten Fragebogens innerhalb der rinderhaltenden Betriebe.

<b>Themengebiet</b>	<b>Stichwortartige Fragestellung</b>	<b>Antwortmöglichkeit</b>
Kälberaufzucht	Art der Tränke	1. Vollmilch 2. Milchaustauscher mit pfl. Protein 3. Milchaustauscher mit tier. Protein
	Tränkeregime	1. 1x tägl. (Sauertränke) 2. 2x tägl. 3. 3x tägl.
	Tränkemenge pro Mahlzeit (Durchschnitt der Tränkeperiode)	Offene Frage
	Kalberverluste (Totgeboren+ Tod innerhalb von <3 d p.p.)	[%]
Färsenaufzucht	Färsenaufzucht	1. Selbstständig 2. Extern
	Gruppengröße	[Anzahl]
	Impfungen	Offene Frage
	Färseneingliederung	1. Nein 2. Eine Woche vor geplanten Abkalbetermin 3. Mehr als eine Woche vorher
	Stallform	1. Boxenlaufstall 2. Zwei-Raum-Laufstall 3. Kompostierungsstall 4. Anbindehaltung 5. Boxenlaufstall mit Laufhof 6. Zwei-Raum-Laufstall mit Laufhof 7. Sonstige: ...
	Stallart	1. Kaltstall 2. Warmstall 3. Mischform
	Stallbodengestaltung	1. Vollspaltenboden 2. Planbefestigter Boden 3. Mit Gummi-Auflage 4. Einstreu
	Liegeboxen-Typ	1. Hochboxen 2. Tiefboxen 3. Hoch-Tief-Boxen

Anhang Tabelle 1 (Fortsetzung VI): Stichwortartige Fragestellungen und Antwortmöglichkeiten des zur Charakterisierung verwendeten Fragebogens innerhalb der rinderhaltenden Betriebe.

<b>Themengebiet</b>	<b>Stichwortartige Fragestellung</b>	<b>Antwortmöglichkeit</b>
Färsenaufzucht	Liegeboxen-Einstreu	1. Stroh 2. Stroh+ Kalk 3. Kalk
Fruchtbarkeits- /Zucht- management	Besamungen - Milchkühe	1. Natursprung 2. Eigenbestandsbesamer 3. Besamung durch den Tierarzt 4. Besamungstechniker 5. Sonstige: ...
	Fruchtbarkeitskontrolle	1. Rein visuelle Kontrolle 2. Suchbulle 3. Technische Unterstützungssysteme
	Technische Unterstützungssysteme	1. Ja (Welches?) 2. Nein
	Visuelle Fruchtbarkeitskontrolle - Häufigkeit	1. Keine 2. 1x tägl. 3. 2x tägl. 4. 3x tägl. 5. Nicht extra, bei jeden Stallbesuch [Summierte Häufigkeit in min pro Tag]
	Visuelle Fruchtbarkeitskontrolle - Dauer Zuchtplanung	1. Selbstständig 2. Zuchtberater 3. Sonstige: ...
	(Haupt-)Zuchtziel	1. Milchleistung 2. Nutzungsdauer 3. Exterieur 4. Eutergesundheit 5. Kalbeeigenschaften 6. Kälbervitalität 7. Melkbarkeit 8. Temperament 9. Gesundheitsmerkmale 10. Somatische Zellen 11. Milchproteinvarianten (A1/A2-Milch) 12. Lebenstageleistung 13. Sonstige: ...
	(Neben-)Zuchtziel	Siehe (Haupt-)Zuchtziel

Anhang Tabelle 1 (Fortsetzung VII): Stichwortartige Fragestellungen und Antwortmöglichkeiten des zur Charakterisierung verwendeten Fragebogens innerhalb der rinderhaltenden Betriebe.

<b>Themengebiet</b>	<b>Stichwortartige Fragestellung</b>	<b>Antwortmöglichkeit</b>
	Besamungsindex	Offene Frage
	Non-Return-Rate (56 oder 90)	Offene Frage
	Zwischenkalbezeit	Offene Frage
Tagesrhythmik	Melkzeit	1. Konstant 2. Abweichend
	Fütterungszeit	1. Konstant 2. Abweichend
	Einhaltung der Tagesrhythmik	1. Wie es in Arbeitsablauf passt 2. Ja, sehr genau 3. Ja, mit seltenen Ausnahmen (Ernte)
<i>Soziologische Charakterisierung</i>		
Personalstruktur des Betriebes	Betriebsleiter/in	[Anzahl in Arbeitskraft]
	Ehepartner	[Anzahl in Arbeitskraft]
	Weitere Familienarbeitskräfte	[Anzahl in Arbeitskraft]
	Vollzeitarbeitskraft	[Anzahl in Arbeitskraft]
	Vollzeitarbeitskraft (im Rinderbereich)	[Anzahl in Arbeitskraft]
	Teilzeitarbeitskraft	[Anzahl in Arbeitskraft]
	Auszubildende/Praktikanten	[Anzahl in Arbeitskraft]
	Sonstige	[Anzahl in Arbeitskraft]
	Saisonarbeitskraft	[Anzahl in Arbeitskraft]
	Sonstige	[Anzahl in Arbeitskraft]
	Arbeitskräfte insgesamt	[Anzahl in Arbeitskraft]
Hauptverantwortlicher Herdenmanager/innen	Alter	[Jahre]
	Familienstand	1. Ledig 2. Verheiratet 3. Geschieden 4. Eingetragene Lebenspartnerschaft
	Kinder	[Anzahl]
	Alter der Kinder	[Jahre]
	Bildungsstand	1. Hauptschulabschluss 2. Realschulabschluss 3. Fachabitur 4. Abitur 5. Berufsausbildung 6. Hochschulstudium 7. Sonstige: ...

Anhang Tabelle 1 (Fortsetzung VIII): Stichwortartige Fragestellungen und Antwortmöglichkeiten des zur Charakterisierung verwendeten Fragebogens innerhalb der rinderhaltenden Betriebe.

<b>Themengebiet</b>	<b>Stichwortartige Fragestellung</b>	<b>Antwortmöglichkeit</b>
Hauptverantwortlicher Herdenmanager/innen	Ausbildung	1. Quereinsteiger vorheriger Beruf im grünen Sektor 2. Quereinsteiger vorheriger Beruf nicht im grünen Sektor 3. Landwirtschaftliche Ausbildung 4. Techniker Ausbildung 5. Meister Ausbildung 6. Studium der Agrarwissenschaft 7. Sonstige: ...
	Jahre in der Landwirtschaft	[Jahre]
	Jahre im Betrieb	[Jahre]
	Optimierung der Herdenbetreuung	1. Nutzung von Fachmedien (z.B. Zeitschriften) 2. Regelmäßiger Austausch mit Kollegen 3. Regelmäßiger Austausch mit Fachberatern 4. Regelmäßige Teilnahme an Fort- und Weiterbildungen 5. Regelmäßige Teilnahme an einem Arbeitskreis 6. Sonstige: ...
	Teilnahme an Fort- und Weiterbildungen (jährlich)	[Häufigkeit]
	Stellvertretender Herdenmanager/innen	1. Ja 2. Nein
Stellvertretender Herdenmanager/innen	Analog Hauptverantwortlicher Herdenmanager/innen	Analog Hauptverantwortlicher Herdenmanager/innen

**Anhang II Fragebogen Schwein**

Anhang Tabelle 2: Stichwortartige Fragestellungen und Antwortmöglichkeiten des zur Charakterisierung verwendeten Fragebogens innerhalb der schweinehaltenden Betriebe.

<b>Themengebiet</b>	<b>Stichwortartige Fragestellung</b>	<b>Antwortmöglichkeit</b>
Betriebs- charakterisierung	Betriebsstandort/ Betriebschlüssel Betriebsform	Offene Frage  1. Familienbetrieb 2. GbR 3. GmbH 4. Genossenschaft
	Betriebsart	1. Konventionell 2. EU-Öko-Verordnung 3. Bioland 4. Naturland 5. Biokreis 6. Demeter 7. Sonstige: ....
Natürliche Gegebenheiten des Betriebes	Höhenlage (nach Merkel, 2020)	[m über NN]
	Mittlere Jahrestemperatur (nach Merkel, 2020)	[°C]
	Mittlere jährliche Niederschlagsmenge (nach Merkel, 2020)	[mm]
	Bodenzahl	Von ... bis ...
	Bodenart	Offene Frage
	Leitbodenassoziation	Definition nach Eckhardt (2021)
	Nutzbare Feldkapazität (nach Bundesanstalt für Geowissenschaften und Rohstoffe (BGR), 2020)	1. Sehr gering 2. Gering 3. Mittel 4. Hoch 5. Sehr hoch 6. Äußerst hoch
	Ackerbauliches Potential (nach Bundesanstalt für Geowissenschaften und Rohstoffe (BGR), 2020)	1. Äußerst gering 2. Sehr gering 3. Gering 4. Mittel 5. Hoch

Anhang Tabelle 2 (Fortsetzung): Stichwortartige Fragestellungen und Antwortmöglichkeiten des zur Charakterisierung verwendeten Fragebogens innerhalb der schweinehaltenden Betriebe.

<b>Themengebiet</b>	<b>Stichwortartige Fragestellung</b>	<b>Antwortmöglichkeit</b>	
Vermarktungspotentiale	Internetauftritt	1. Ja 2. Nein	
	Zuchtbestrebungen	1. Ja 2. Nein	
	Ortsgröße	1. Dorf 2. Kleinstadt 3. Mittelstadt 4. Großstadt	
		Entfernung zum Zentrum/ Kleinstadt	[km]
		Entfernung zur Nächstgelegenen Mittelstadt	[km]
		Ausgewiesene Metropolenregion	1. Ja 2. Nein

**Anhang III Vergleich der gebildeten Betriebstypen - Rind**

Anhang Tabelle 3: Least Square Means und Standardfehler der Methanmerkmale für drei Betriebe.

Merkmal	Einheit	Betrieb 1 (Betriebstyp 1)		Betrieb 21 (Betriebstyp 1)		Betrieb 2 (Betriebstyp 3)	
<i>Respiration:</i>							
Mittelwert	ppm*m	110,7 ±	5,18 <sup>c</sup>	93,7 ±	4,35 <sup>b</sup>	62,1 ±	2,4 <sup>a</sup>
Maximum	ppm*m	193,0 ±	4,32 <sup>b</sup>	194,9 ±	3,63 <sup>b</sup>	178,0 ±	2,0 <sup>a</sup>
Summe/min	ppm*m	113.965,4 ±	5094,63 <sup>b</sup>	107.012,7 ±	4.278,88 <sup>b</sup>	89.924,4 ±	2.402,7 <sup>a</sup>
<i>Eruktion:</i>							
Mittelwert	ppm*m	316,0 ±	22,88 <sup>a</sup>	298,8 ±	19,21 <sup>a</sup>	250,6 ±	10,8 <sup>a</sup>
Maximum	ppm*m	635,5 ±	66,74 <sup>b</sup>	480,6 ±	56,05 <sup>a</sup>	363,4 ±	31,5 <sup>a</sup>
Summe/min	ppm*m	130.658,1 ±	12.911,33 <sup>c</sup>	82.715,8 ±	10.843,97 <sup>b</sup>	31.353,1 ±	6.089,3 <sup>a</sup>
Gesamt- mittelwert	ppm*m	173,0 ±	10,28 <sup>c</sup>	133,4 ±	8,64 <sup>b</sup>	76,8 ±	4,9 <sup>a</sup>

Signifikante Unterschiede ( $p < 0,05$ ) der Least Square Means sind durch unterschiedliche Buchstaben gekennzeichnet, wobei „a“ den niedrigsten Wert identifiziert.

**Anhang IV Varianzkomponentenschätzung und Heritabilitäten - Rind**

Anhang Tabelle 4: Tabelle 22 (Fortsetzung): Varianzkomponenten ( $\sigma_a^2$  = additiv-genetische Varianz,  $\sigma_e^2$  = Restvarianz), Verhältnis Restvarianz zur Gesamtvarianz (Ratio), Heritabilität ( $h^2$ ) für funktionale Merkmale (Sauberkeit) stratifiziert nach der Modellierung der Zeitgefahrntengruppe als Kombination aus Betrieb oder Betriebstyp mit dem Testtag bzw. dem Testmonat sowohl als lineares Modell als auch als Schwellwert-Modell (zugehörige Standardfehler in Klammern).

Merkmal	Genetische Parameter	Testtag		Testmonat	
		Betrieb	Betriebstyp	Betrieb	Betriebstyp
<i>Funktionale Merkmale (linear):</i>					
Sauberkeit-Hinterhand	$\sigma_a^2$	0,07 (0,03)	0,10 (0,03)	0,07 (0,03)	0,16 (0,03)
	$\sigma_e^2$	0,35 (0,02)	0,33 (0,03)	0,35 (0,02)	0,30 (0,03)
	Ratio	0,84	0,77	0,84	0,66
	$h^2$	0,16 (0,06)	0,23 (0,06)	0,16 (0,06)	0,34 (0,07)
Sauberkeit-unteres Hinterbein	$\sigma_a^2$	0,02 (0,01)	0,06 (0,02)	0,02 (0,01)	0,16 (0,02)
	$\sigma_e^2$	0,26 (0,01)	0,24 (0,02)	0,26 (0,01)	0,20 (0,02)
	Ratio	0,94	0,79	0,94	0,55
	$h^2$	0,06 (0,04)	0,21 (0,06)	0,06 (0,04)	0,45 (0,06)
Sauberkeit-Zitzen	$\sigma_a^2$	0,02 (0,02)	0,03 (0,02)	0,02 (0,02)	0,04 (0,02)
	$\sigma_e^2$	0,37 (0,02)	0,37 (0,02)	0,37 (0,02)	0,36 (0,02)
	Ratio	0,94	0,92	0,94	0,89
	$h^2$	0,06 (0,05)	0,08 (0,05)	0,06 (0,05)	0,11 (0,05)
Klauen-kondition	$\sigma_a^2$	0,00 (0,01)	0,00 (0,01)	0,00 (0,01)	0,00 (0,01)
	$\sigma_e^2$	0,10 (0,01)	0,10 (0,01)	0,10 (0,01)	0,10 (0,01)
	Ratio	1,00	1,00	1,00	1,00
	$h^2$	0,00 (0,06)	0,00 (0,06)	0,00 (0,06)	0,00 (0,05)
<i>Funktionale Merkmale (logistisch):</i>					
Sauberkeit-Hinterhand	$\sigma_a^2$	0,29 (0,24)	0,34 (0,23)	0,28 (0,23)	0,64 (0,22)
	$\sigma_e^2$	3,29 (0,00)	3,29 (0,00)	3,29 (0,00)	3,29 (0,00)
	Ratio	0,92	0,91	0,92	0,84
	$h^2$	0,08 (0,06)	0,09 (0,06)	0,08 (0,06)	0,16 (0,05)
Sauberkeit-unteres Hinterbein	$\sigma_a^2$	0,00 (0,32)	0,36 (0,31)	0,00 (0,32)	0,95 (0,30)
	$\sigma_e^2$	3,29 (0,00)	3,29 (0,00)	3,29 (0,00)	3,29 (0,00)
	Ratio	1,00	0,90	1,00	0,78
	$h^2$	0,00 (0,10)	0,10 (0,08)	0,00 (0,10)	0,22 (0,05)
Sauberkeit-Zitzen	$\sigma_a^2$	0,18 (0,15)	0,20 (0,15)	0,18 (0,15)	0,30 (0,14)
	$\sigma_e^2$	3,29 (0,00)	3,29 (0,00)	3,29 (0,00)	3,29 (0,00)
	Ratio	0,95	0,94	0,95	0,92
	$h^2$	0,05 (0,04)	0,06 (0,04)	0,05 (0,04)	0,08 (0,04)

Anhang Tabelle 4: Tabelle 22 (Fortsetzung I): Varianzkomponenten ( $\sigma_a^2$  = additiv-genetische Varianz,  $\sigma_e^2$  = Restvarianz), Verhältnis Restvarianz zur Gesamtvarianz (Ratio), Heritabilität ( $h^2$ ) für funktionale Merkmale (Sauberkeit) stratifiziert nach der Modellierung der Zeitgefährtengruppe als Kombination aus Betrieb oder Betriebstyp mit dem Testtag bzw. dem Testmonat sowohl als lineares Modell als auch als Schwellwert-Modell (zugehörige Standardfehler in Klammern).

Merkmal	Genetische Parameter	Testtag		Testmonat	
		Betrieb	Betriebstyp	Betrieb	Betriebstyp
<i>Funktionale Merkmale (logistisch):</i>					
Klauen- kondition	$\sigma_a^2$	0,00 (0,83)	0,00 (0,84)	0,00 (0,83)	0,00 (0,85)
	$\sigma_e^2$	3,29 (0,00)	3,29 (0,00)	3,29 (0,00)	3,29 (0,00)
	Ratio	1,00	1,00	1,00	1,00
	$h^2$	0,00 (0,25)	0,00 (0,25)	0,00 (0,25)	0,00 (0,26)

### Anhang V Vergleich der Zuchtwertschätzung zwischen konventioneller und neukonzipierter Modellierung - Rind

Anhang Tabelle 5: Tabelle 25 (Fortsetzung): Zuchtwerte (ZW, als Naturalzuchtwert) und deren Sicherheiten ( $R^2$ ) für funktionale Merkmale für die Gesamtpopulation stratifiziert nach Modelleffekt Betrieb bzw. Betriebstyp sowohl im linearen Modell als auch im Schwellwert-Modell. Die Differenz der Zuchtwertsicherheiten ( $\Delta R^2$ ) ergibt sich aus der Differenz zwischen Betriebs- und Betriebstypvariante (zugehörige Standardfehler in Klammern).

Merkmal	Zuchtwert Parameter	Testtag		Testmonat	
		Betrieb	Betriebstyp	Betrieb	Betriebstyp
<i>Funktionale Merkmale (linear):</i>					
Sauberkeit- Hinterhand	ZW	0,02 (0,04)	0,02 (0,06)	0,02 (0,04)	0,03 (0,09)
	$R^2$	0,03 (0,08)	0,03 (0,09)	0,03 (0,09)	0,05 (0,11)
	$\Delta R^2$	0,92 %		2,23 %	
Sauberkeit- unteres	ZW	0,00 (0,02)	-0,01 (0,05)	0,00 (0,02)	-0,04 (0,11)
	$R^2$	0,01 (0,08)	0,03 (0,10)	0,01 (0,08)	0,06 (0,12)
	$\Delta R^2$	2,16 %		4,51 %	
Sauberkeit- Zitzen	ZW	0,00 (0,02)	0,00 (0,02)	0,00 (0,02)	0,00 (0,03)
	$R^2$	0,01 (0,08)	0,02 (0,08)	0,01 (0,08)	0,02 (0,09)
	$\Delta R^2$	0,33 %		0,91 %	
Klauen- kondition	ZW	0,00 (0,00)	0,00 (0,00)	0,00 (0,00)	0,00 (0,00)
	$R^2$	0,01 (0,08)	0,01 (0,09)	0,01 (0,08)	0,01 (0,07)
	$\Delta R^2$	0,19 %		-0,17 %	
<i>Funktionale Merkmale (logistisch):</i>					
Sauberkeit- Hinterhand	ZW	0,02 (0,04)	0,02 (0,05)	0,01 (0,04)	0,04 (0,12)
	$R^2$	0,01 (0,08)	0,01 (0,07)	0,01 (0,08)	0,02 (0,08)
	$\Delta R^2$	-0,02 %		0,80 %	
Sauberkeit- unteres	ZW	0,00 (0,00)	-0,01 (0,05)	0,00 (0,00)	0,01 (0,14)
	$R^2$	0,01 (0,08)	0,01 (0,08)	0,01 (0,08)	0,01 (0,07)
	$\Delta R^2$	0,07 %		0,64 %	
Sauberkeit- Zitzen	ZW	0,00 (0,04)	0,00 (0,04)	0,00 (0,04)	0,00 (0,07)
	$R^2$	0,01 (0,08)	0,01 (0,09)	0,01 (0,09)	0,01 (0,07)
	$\Delta R^2$	0,27 %		0,07 %	
Klauen- kondition	ZW	0,00 (0,00)	0,00 (0,00)	0,00 (0,00)	0,00 (0,00)
	$R^2$	0,01 (0,08)	0,01 (0,08)	0,01 (0,08)	0,01 (0,07)
	$\Delta R^2$	-0,03 %		-0,17 %	

**Anhang VI Varianzkomponentenschätzung und Heritabilitäten - Schwein**

Anhang Tabelle 6: Tabelle 31 (Fortsetzung): Varianzkomponenten ( $\sigma_a^2$  = additiv-genetische Varianz,  $\sigma_{pU}^2$  = permanente Umweltvarianz,  $\sigma_e^2$  = Restvarianz), Heritabilität ( $h^2$ ) sowie das Verhältnis Restvarianz zur Gesamtvarianz (Ratio) für Schlachtqualitätsmerkmale sowie funktionale Merkmale (linear und logistisch), stratifiziert nach dem Modelleffekt Betrieb bzw. Betriebstyp (zugehörige Standardfehler in Klammern).

Merkmal	Modelleffekt	Genetische Parameter				
		$\sigma_a^2$	$\sigma_{pU}^2$	$\sigma_e^2$	$h^2$	Ratio
<i>Fleischqualitätsmerkmale (post mortem):</i>						
Tropfsaftverlust (nach 48 h)	Betrieb	3,44 (1,13)	0,00 (0,24)	3,77 (0,74)	0,48 (0,13)	0,48
	Betriebstyp	4,04 (1,14)	0,00 (0,24)	3,49 (0,74)	0,54 (0,12)	0,54
Tropfsaftverlust (nach 72 h)	Betrieb	2,05 (1,13)	0,00 (0,31)	5,80 (0,83)	0,26 (0,13)	0,26
	Betriebstyp	3,10 (1,17)	0,09 (0,34)	5,18 (0,83)	0,37 (0,12)	0,37
Leitfähigkeit (nach 48 h)	Betrieb	1,59 (0,81)	0,84 (0,30)	2,75 (0,54)	0,31 (0,14)	0,31
	Betriebstyp	2,31 (0,84)	0,85 (0,30)	2,44 (0,55)	0,41 (0,13)	0,41
Fleischfarbe (nach 24 h)	Betrieb	3,24 (5,49)	7,54 (2,84)	37,13 (4,18)	0,07 (0,11)	0,07
	Betriebstyp	12,04 (6,22)	6,15 (2,71)	33,52 (4,48)	0,23 (0,11)	0,23
Fleischfarbe (nach 48 h)	Betrieb	6,32 (5,10)	8,68 (2,71)	28,19 (3,57)	0,15 (0,11)	0,15
	Betriebstyp	12,01 (4,91)	7,09 (2,49)	25,61 (3,41)	0,27 (0,10)	0,27
pH-Wert (nach 24 h)	Betrieb	0,00 (0,00)	0,01 (0,00)	0,01 (0,00)	0,18 (0,12)	0,18
	Betriebstyp	0,00 (0,00)	0,01 (0,00)	0,01 (0,00)	0,17 (0,11)	0,17
Marmorierung	Betrieb	0,33 (0,11)	0,07 (0,04)	0,28 (0,07)	0,48 (0,14)	0,48
	Betriebstyp	0,32 (0,11)	0,08 (0,04)	0,29 (0,07)	0,47 (0,13)	0,47
<i>Funktionale Merkmale (linear):</i>						
Bemuskelung	Betrieb	0,07 (0,04)	0,00 (0,00)	0,23 (0,03)	0,23 (0,11)	0,77
	Betriebstyp	0,09 (0,04)	0,00 (0,00)	0,22 (0,03)	0,29 (0,10)	0,71
<i>Funktionale Merkmale (logistisch):</i>						
Bemuskelung	Betrieb	0,55 (0,30)	0,00 (0,00)	3,29 (0,00)	0,14 (0,07)	0,86
	Betriebstyp	0,61 (0,26)	0,00 (0,00)	3,29 (0,00)	0,16 (0,06)	0,84

### Anhang VII Vergleich der Zuchtwertschätzung zwischen konventioneller und neukonzipierter Modellierung - Schwein

Anhang Tabelle 7: Tabelle 34 (Fortsetzung): Zuchtwerte (ZW, als Naturalzuchtwert) und deren Genauigkeiten (R) für Schlacht- und Fleischqualitätsmerkmale sowie funktionale Merkmale (linear und logistisch) und Fruchtbarkeitsmerkmale für die Gesamtpopulation sowie die Eberpopulation, stratifiziert nach dem Modelleffekt Betrieb bzw. Betriebstyp (zugehörige Standardfehler in Klammern). Die Differenz der Zuchtwertgenauigkeiten ( $\Delta R$ ) ergibt sich als der Differenz zwischen Betriebs- und Betriebstypvariante.

Merkmal	Modell- effekt	Zuchtwert Parameter					
		Gesamtpopulation			Eberpopulation		
		ZW	R	$\Delta R$	ZW	R	$\Delta R$
<i>Fleischqualitätsmerkmale (post mortem):</i>							
Tropfsaftverlust (nach 48 h)	Betrieb	0,07 (0,71)	0,46 (0,22)	3,9 %	0,29 (0,92)	0,58 (0,17)	5,7 %
	Betriebstyp	0,30 (0,85)	0,50 (0,23)		0,52 (0,92)	0,63 (0,17)	
Tropfsaftverlust (nach 72 h)	Betrieb	0,12 (0,42)	0,39 (0,20)	5,2 %	0,25 (0,59)	0,50 (0,17)	7,4 %
	Betriebstyp	0,46 (0,68)	0,44 (0,22)		0,66 (0,71)	0,57 (0,17)	
Leitfähigkeit (nach 48 h)	Betrieb	0,24 (0,39)	0,30 (0,22)	7,8 %	0,35 (0,43)	0,40 (0,19)	10,2 %
	Betriebstyp	0,19 (0,55)	0,38 (0,24)		0,29 (0,58)	0,50 (0,19)	
Fleischfarbe (nach 24 h)	Betrieb	0,02 (0,37)	0,07 (0,16)	21,6 %	0,10 (0,51)	0,09 (0,15)	32,1 %
	Betriebstyp	-0,17 (1,35)	0,29 (0,21)		-0,29 (1,62)	0,41 (0,19)	
Fleischfarbe (nach 48 h)	Betrieb	-0,13 (0,78)	0,16 (0,19)	13,9 %	-0,15 (1,12)	0,22 (0,19)	20,4 %
	Betriebstyp	-0,27 (1,59)	0,30 (0,22)		-0,34 (2,08)	0,42 (0,19)	
pH-Wert (nach 24 h)	Betrieb	0,00 (0,02)	0,18 (0,2)	2,2 %	-0,01 (0,02)	0,24 (0,20)	4,1 %
	Betriebstyp	0,00 (0,02)	0,21 (0,21)		-0,01 (0,02)	0,28 (0,21)	
Marmorierung	Betrieb	0,07 (0,71)	0,40 (0,23)	1,5 %	0,17 (0,26)	0,51 (0,18)	3,6 %
	Betriebstyp	0,04 (0,21)	0,41 (0,24)		0,08 (0,30)	0,54 (0,18)	
<i>Funktionale Merkmale (linear):</i>							
Bemuskelung	Betrieb	0,02 (0,08)	0,37 (0,24)	8,0 %	0,02 (0,08)	0,37 (0,24)	21,0 %
	Betriebstyp	0,02 (0,12)	0,45 (0,24)		0,01 (0,16)	0,58 (0,15)	
<i>Funktionale Merkmale (logistisch):</i>							
Bemuskelung	Betrieb	0,27 (0,21)	0,38 (0,13)	0,0 %	0,27 (0,21)	0,38 (0,13)	11,0 %
	Betriebstyp	0,10 (0,26)	0,38 (0,23)		0,12 (0,37)	0,48 (0,14)	

### **Danksagung**

An dieser Stelle möchte ich allen Personen danken, die zum Gelingen dieser Arbeit beigetragen haben.

Allen voran danke ich Herrn Prof. Dr. König für die Überlassung des Themas, die wissenschaftliche und lehrreiche Betreuung und die Chance, meine Ergebnisse auf Tagungen präsentieren zu dürfen, sehr herzlich. Darüber hinaus bin ich sehr dankbar für das mir entgegengebrachte Vertrauen sowie die gewährten Freiräume bei der Anfertigung der Dissertation. Des Weiteren möchte ich mich bei Herr Prof. Dr. König für die Initiierung und Beantragung des Projektes recht herzlich bedanken, was die finanzielle Unterstützung aus dem Zweckvermögens der Bundesregierung bei der Landwirtschaftlichen Rentenbank (Förderkennzeichen: 313-06.01-28-RZ-3.061) ermöglicht hat.

Herrn Prof. Dr. Hinrichs möchte ich für die Übernahme des Zweitgutachtens der Dissertation sowie die vertrauensvolle und unkomplizierte Zusammenarbeit danken.

Bei Frau Dr. Brügemann möchte ich mich ganz besonders bedanken. Neben zahlreichen Anregungen, Hilfestellungen, Tipps und Kniffen bei der Ausarbeitung dieser Arbeit, gilt ein besonderer Dank dem zahlreichen und wiederholten Korrekturlesen von Zwischen- und Abschlussberichten, wissenschaftlichen Beiträgen und letztlich der Dissertation. Frau Dr. Engel sowie meinem Bruder, Felix Herold, möchte ich in diesem Zusammenhang ebenfalls für die schnelle und hilfreiche Korrektur der Dissertation danken.

Des Weiteren möchte ich mich bei den partizipierenden Betrieben und den jeweiligen Interessenvertretungen bzw. Zuchtverbände/-unternehmen („Verein zur Erhaltung des Deutschen Schwarzbunten Niederungsrindes“, „Verein zur Erhaltung des Bunten Bentheimer Schweines e.V.“, „Hybridschweinezuchtverband Nord/Ost e.V.“, „German Genetic“) sowie dem „Vereinigten Informationssysteme Tierhaltung w.V.“ (VIT) in Verden und dem „NORDschwein e.V.“ in Osterholz-Scharmbeck für die vertrauensvolle Zusammenarbeit bedanken.

Frau Dr. Biermann danke ich für die Bereitstellung der Daten aus Ihrer Dissertationsarbeit, welche in der vorliegenden Arbeit für weiterführende Analysen genutzt werden konnten.

Ein großer Dank gilt dem gesamten Institut für Tierzucht und Haustiergenetik, im Besonderen der Arbeitsgruppe Tierzucht für die freundliche und immer hilfsbereite Arbeitsatmosphäre. Insbesondere den Mitdoktoranden (Lisa, Sarah, Lena, Manuel, Rebecca, Anina) gilt ein großes

## Danksagung

---

Dankeschön. Ohne die gegenseitige Motivation und Unterstützung wäre es ungleich schwerer gewesen zu einem erfolgreichen Abschluss zu kommen.

Abschließend möchte ich mich bei meiner Familie und Freunden bedanken, welche mich bei der Umsetzung dieser Arbeit sowohl mental als auch finanziell ununterbrochen unterstützt haben.

**Erklärung**

**Erklärung gemäß der Promotionsordnung des Fachbereichs 09 vom 7. Juli 2004 § 17 (2)**

„Ich erkläre: Ich habe die vorgelegte Dissertation selbstständig und ohne unerlaubte fremde Hilfe und nur mit den Hilfen angefertigt, die ich in der Dissertation angegeben habe.

Alle Textstellen, die wörtlich oder sinngemäß aus veröffentlichten Schriften entnommen sind, und alle Angaben, die auf mündlichen Auskünften beruhen, sind als solche kenntlich gemacht.

Bei den von mir durchgeführten und in der Dissertation erwähnten Untersuchungen habe ich die Grundsätze guter wissenschaftlicher Praxis, wie sie in der „Satzung der Justus-Liebig-Universität Gießen zur Sicherung guter wissenschaftlicher Praxis“ niedergelegt sind, eingehalten“.

Gießen, den \_\_\_\_\_

---

Jonas Herold



*édition scientifique*  
**VVB LAUFERSWEILER VERLAG**

**VVB LAUFERSWEILER VERLAG**  
STAUFENBERGRING 15  
D-35396 GIESSEN

Tel: 0641-5599888 Fax: -5599890  
redaktion@doktorverlag.de  
www.doktorverlag.de

ISBN: 978-3-8359-7116-5



9 783835 197116 5