

# Step-by-Step zur neuen Zuchtwertschätzung

RBW-Academy Online-Seminare am 25. und 30. März 2021

## Fragen und Antworten

1. Ab wann werden Kuhkälber im Singel-Step-Verfahren typisiert?

Das Zuchtwertschätzverfahren hat keinen Einfluss auf das Alter bei Genotypisierung. Es ist weiterhin möglich und sinnvoll, Kuhkälber so früh wie möglich, also am besten kurz nach der Geburt, zu genotypisieren. So können die frühen genomischen Informationen auch für die innerbetriebliche Selektion genutzt werden.

2. Kann man abschätzen, wieviel die Typisierung bei BV-Vision/FLECKfficient in der nächsten Phase die Betriebe kosten wird? Die ursprünglich angedachten 20 Euro? Und was ist außerhalb BV-Vision/FLECKfficient bezüglich Herdentypisierung bei der RBW angedacht? Kann man etwas mehr dazu sagen?

Informationen zur Weiterführung von Braunvieh-Vision und von FLECKfficient sowie zur Herdentypisierung sowie zu den verschiedenen Möglichkeiten und Konditionen erhalten Sie bei der RBW. Bitte wenden Sie sich an Herrn Dr. Muth, entweder telefonisch (Tel. 07586-920623, Mobil 0173- 219 9103) oder per Email ([muth@rind-bw.de](mailto:muth@rind-bw.de)).

3. Wie sind genotypisierte Bullen und genotypisierte Kühe in Single-Step gewichtet?

Jede Kuh mit Phänotyp und Genotyp geht in das Zuchtwertschätzsystem ein und bringt ihre Informationen ein. Die Eigenleistung der einzelnen Kuh ist allerdings sehr von Umwelteffekten beeinflusst. Daher braucht es die Information vieler genotypisierter Kühe mit Eigenleistung. Ganz grob kann man sagen, dass etwa 10 genotypisierte Kühe mit Eigenleistung die gleiche „Wertigkeit“ wie ein nachkommengeprüfter Vererber haben (bezogen auf die Sicherheit der ZWS).

4. Wieviel Einfluss hat die Eigenleistung einer Bullenmutter auf den Zuchtwert eines genomischen Jungvererbers (GJV)?

Die Eigenleistung der Bullenmutter hat kaum einen Einfluss auf den Zuchtwert des GJV. Die einzelne Eigenleistung ist geprägt von den Umwelteinflüssen, die auf die Kuh wirken.

Eigenleistungen der Kühe sind wichtig in der Menge aller Eigenleistungen von genotypisierten Kühen, um Genotypenmuster mit Phänotypen zu unterfüttern und damit die Zuchtwerte sicherer schätzen zu können.

5. Wie ist die Gewichtung von Nachzucht bzw. fast nachzuchtgeprüften Bullen mit genotypisierten Töchtern? Fließt die Typisierung der Töchter mit als Daten zu den Zuchtwerten des Bullen und wenn ja, wann übernimmt die Eigenleistung dieser Töchter deren genomische Informationen? Mit andere Worten: Wie lange beeinflussen Kälber den Zuchtwert des Vaters, wenn auch schon Töchter im Milch sind?

Jede Eigenleistung geht als Information in das Zuchtwertschätzsystem und damit auch in die Zuchtwertberechnung des Vaters mit ein. Genotypisierte Töchter sind wichtig, da hier die tatsächlich realisierte Verwandtschaft gut geschätzt werden kann und natürlich auch die Verknüpfung von Genotyp und Phänotyp zu sichereren Zuchtwerten führt. Kälber beeinflussen den Zuchtwert des Vaters nicht. Es verhält sich umgekehrt: Über die Informationen von Vater und Mutter kann schon für die Kälber ein sicherer Zuchtwert geschätzt werden.

6. Soll es dann in kommenden Zuchtwertschätzungen nicht mehr so große Veränderungen geben wie bisher? Vor allem bei den ersten Töchtern.

Da wir die Zuchtwerte nur schätzen und nicht den wahren Zuchtwert berechnen können, werden Veränderungen weiterhin vorkommen. Mit der Umstellung auf die Single-Step-Methodik sollten die Veränderungen in den Zuchtwerten im Durchschnitt jedoch geringer ausfallen.

7. Die Aussage „Kuhfamilien spielen in der genomischen Zuchtwertschätzung keine Rolle“ ist

Richtig, weil ...

Falsch, weil ...

Die Aussage ist falsch, denn gerade mit der Umstellung auf das Single-Step-Verfahren trägt nun jedes genotypisierte Tiere mit Leistungsinformation zur Eichung und zur Sicherheit des Systems bei. Hierdurch gewinnen dann auch untypisierte Tiere mit Leistungsinformation, da sie besser mit der Population verknüpft werden können. Damit

gehen die Kühe wieder mindestens gleichberechtigt mit den Bullen in das Zuchtwertschätzsystem ein.

8. Die Aussage „bei einer typisierten Kuh erwarte ich, dass das genomische Linearprofil exakt das Exterieur widerspiegelt“ ist

Richtig, weil ...

Falsch, weil ...

Die Aussage ist falsch. Das genomische Linearprofil zeigt auf, welche Eigenschaften die Kuh an ihre Nachkommen vererben kann. Die Kuh selber ist jedoch geprägt von der Umwelt in der sie aufgewachsen ist und in der sie gehalten wird. Daher ist zu erwarten, dass einige Merkmale anders ausgeprägt sind, als sie das genomische Linearprofil erwarten lässt.

9. Warum sind die Vollbrüder nach der neuen Schätzung weiter auseinandergerückt? Ich hätte das Gegenteil erwartet, nachdem die Verwandtschaft jetzt eine größere Rolle spielt.

Es ist allerdings so, dass über das Verschneiden von Pedigree- und Genotypenbasierter Verwandtschaft die tatsächlich realisierte Verwandtschaft besser abgebildet wird.

Natürlich ist jeder Nachkomme zu 50% mit Vater und Mutter verwandt. Aber es kann sehr unterschiedlich sein, wie viel Anteil der Nachkomme von den väterlichen oder mütterlichen Großeltern über Vater und Mutter vererbt bekommen hat. Eine Rolle spielen hier auch Erbgut-Abschnitte (Haplotypen), über die bestimmte Eigenschaften vererbt werden. Deren Effekte können über die genauere Abbildung der Verwandtschaft nun auch genauer geschätzt werden und liefern zudem Information für andere typisierte Tiere, die auch diese Erbgut-Abschnitte tragen (genetische Ähnlichkeit).

10. Die Umstellung auf eine Kuh-Basis

a. "harmonisiert" den genetischen Trend?

b. führt zu einer einmaligen Änderung der Zuchtwerte aller Tiere?

c. keines von beiden?

Richtig sind die Antworten a) und b). Da die Zuchtwerte nun an der Gesamtheit aller Kühe ausgerichtet sind, entspricht der genetische Trend deutlicher als bisher den in den Praxisbetrieben lebenden Kühen und spiegelt nicht mehr so stark die Situation in den

genomisch sehr stark vorselektierten Bullenjahrgängen wider. Durch die Abschreibung, die in ihrer Höhe dem Zuchtfortschritt entsprechen sollte, wird gewährleistet, dass die aktuell lebende Population immer ein Niveau von 100 Zuchtwertpunkten hat. Durch die Kuhbasis verringert sich auch die Abschreibung der Zuchtwerte, da der Zuchtfortschritt in der Kuhpopulation etwas niedriger ist als bei den Bullen. Da die Basis von den Bullen auf die Kühe angepasst werden muss, ergibt sich eine einmalige Änderung in den Zuchtwerten. Diese hat aber keinen Einfluss auf die Rangierung der Tiere, sondern für jedes Tier wird die gleiche Zahl addiert oder subtrahiert (s. auch Frage 11).

11. Warum ist das Alter der Kuhbasis bei Fleckvieh und Brown Swiss unterschiedlich?

Das ist letztlich eine politische Entscheidung. Die Anregung, auf eine Kuh-Basis umzustellen, kam zunächst von der ARGE Brown Swiss Deutschland und von Brown Swiss Austria. Hintergrund ist, dass sich durch den Umstieg auf die Kuhbasis die Abschreibung zwischen den Zuchtwertschätzterminen etwas verringert ( $\emptyset$  0,6 ZW-Punkte anstatt 0,8 ZW-Punkte). Der Effekt der Umstellung auf die Kuhbasis auf die einzelnen Zuchtwerte ist bei den Rassen Fleckvieh und Brown Swiss unterschiedlich. Erst die Umstellung auf die Basis der sechs bis acht Jahre alten Kühe bei Brown Swiss bringt eine „sichtbare“ Erhöhung der Zuchtwerte um +2,1 Punkte im GZW und +2,5 Punkte im Milchwert.

Tabelle 1: Veränderung der Zuchtwerte bei Umstellung auf eine Kuhbasis bei Brown Swiss

	7-9 J. Dez.10-Nov.13	<b>6-8 J. Dez.11-Nov.14</b>	5-7 J. Dez. 12-Nov.15	<b>4-6 J. Dez.13-Nov.16</b>	3-5 J. Dez. 14-Nov.17
GZW	3,9	<b>2,1</b>	0,4	<b>-1,2</b>	-2,8
MW	3,9	<b>2,5</b>	1,1	<b>-0,2</b>	-0,1
FW	-0,4	<b>-0,3</b>	-0,3	<b>-0,2</b>	-0,1
FIT	0,5	<b>-0,5</b>	-1,5	<b>-2,3</b>	-3,2
GN	3,2	<b>2,4</b>	1,6	<b>0,9</b>	0,0
Mkg	162	<b>104</b>	49	<b>-9</b>	-74

\* näherungsweise berechnet – die tatsächlichen Differenzen können davon etwas abweichen

Quelle: Fürst, Christian, Beratender Ausschuss, 24.0.2.2021, Folie 3

Tabelle 2: Veränderung der Zuchtwerte bei Umstellung auf eine Kuhbasis bei Fleckvieh

	7-9 J. Dez.10-Nov.13	<b>6-8 J.</b> <b>Dez.11-Nov.14</b>	5-7 J. Dez. 12-Nov.15	<b>4-6 J.</b> <b>Dez.13-Nov.16</b>	3-5 J. Dez. 14-Nov.17
GZW	8,6	<b>6,2</b>	4,0	<b>1,9</b>	-0,2
MW	9,4	<b>7,2</b>	5,1	<b>3,1</b>	1,1
FW	0,7	<b>0,5</b>	0,2	<b>0,1</b>	-0,1
FIT	1,6	<b>0,7</b>	-0,1	<b>-0,8</b>	-1,7
Mkg	365	<b>277</b>	197	<b>112</b>	26

\* näherungsweise berechnet – die tatsächlichen Differenzen können davon etwas abweichen

Quelle: Fürst, Christian, Beratender Ausschuss, 24.0.2.2021, Folie 8

12. Wieso sind bei der Kuhbasis Brown Swiss die jüngeren Jahrgänge „schlechter“ als die älteren?

Die Änderungen in den Zuchtwerten bei Umstellung auf die Kuhbasis ergeben sich aus dem Unterschied zwischen der aktuellen Basis der acht- bis zehnjährigen Bullen und den Jahrgängen der gewählten Kuhbasis. Ein positives Vorzeichen bei Umstellung auf eine Kuhbasis bedeutet somit, dass die Zuchtwerte der Kühe niedriger sind als die der Basisbullen. Daher muss etwas aufaddiert werden. Ein negatives Vorzeichen bedeutet, dass die Zuchtwerte der Kühe höher sind als die der Bullen. Daher muss etwas abgezogen werden.

13. In welche Abschnitte ist die Milch-Zuchtwertschätzung aufgeteilt?

Für die Umstellung auf ein Single-Step Modell wurde ein mehrstufiger Ansatz gewählt, in dem zunächst die Umwelteffekte und heterogene Varianzen bei den einzelnen Testtagsbeobachtungen korrigiert werden und dann eine Single-Step Zuchtwertschätzung basierend auf allen Tieren der Population unter Einbeziehung der genomischen Information durchgeführt wird. Bei Brown Swiss erfolgt die Einbeziehung der internationalen Informationen aus MACE (Multiple Across Country Evaluation = länderübergreifende Zuchtwertschätzung) im Single-Step in Form eines zusätzlichen Merkmals. In Single-Step wird dann ein Abschnittsmodell verwendet. Hierbei ist die 1. Laktation in drei Abschnitte eingeteilt: bis 100 Tage, bis 200 Tage und >200 Tage. Die zweite und dritte Laktation bilden einen weiteren Abschnitt, genauso wie die vierte und weitere Laktationen.

14. Ist im Testlauf Brown Swiss die Erhöhung der Streuung auf 15 Punkte bereits berechnet?

Nein, weder die Kuhbasis noch die Streuung des GZW von 15 Punkten waren beim Testlauf berücksichtigt.

15. Wieso werden die Anpassungen immer abrupt und nicht wie im US System langsamer gemacht? Macht nicht gerade dieses Gerumpel ein „Unvertrauen“?

Diese Frage wird immer wieder diskutiert und kann wahrscheinlich nie für alle zufriedenstellend gelöst werden. Wir im Zuchtwertschätzteam sind der Ansicht, dass es besser ist, größere Veränderungen auf einmal durchzuführen und dann über längere Zeitspannen hinweg nur geringfügige Anpassungen vorzunehmen. Zu diesen Umstellungen ist es natürlich wichtig, mit den Zuchtverbänden und den Züchtern zu kommunizieren und die Notwendigkeit der Änderungen aufzuzeigen. Für größere Änderungen bietet sich der Zuchtwertschätztermin im April an. Zum einen, da dies auch bei den Holstein so praktiziert wird und damit bei allen Rassen ähnliche Termine eingehalten werden. Zum anderen, weil die Hauptbesamungssaison eher im Herbst ist, und hier dann mit keinen größeren Änderungen zu rechnen ist (Sicherheit für die Besamungsstationen).

16. Single-Step ist ja ein junges Verfahren, an dem weltweit geforscht wird. Ist das bei FV/BV in DEA eingeführte Verfahren ähnlich oder gleich dem anderer Populationen? Und wie erfolgt das Monitoring? Frau Herold hat ja gesagt dass man Änderungen im Detail kaum noch nachvollziehen kann. Wie kann man ausschließen, dass sich Fehler einschleichen, und diese nicht bemerkt werden?

Bisher eingeführte Single-Step-Verfahren unterscheiden sich doch noch deutlich in der jeweiligen Umsetzung. Es finden jedoch umfangreiche Prüfungen (Validierungen) statt, um sicherzustellen, dass sich keine systematischen Fehler einschleichen. Zum einen wird in den drei Zuchtwertschätzstellen das Verfahren mit international anerkannten Methoden, z.B. nach Legarra und Reverter, überprüft. Zudem werden beide Zuchtwertschätzverfahren nach den Verfahren von Interbull, also auf internationaler Ebene und von externen Experten entwickelten Verfahren, überprüft. Diese Überprüfungen laufen derzeit. Erste Tests zeigen, dass Single-Step diese Interbull-Tests

„besser“ besteht als das bisherige Two-Step-Verfahren. Trotzdem, wir gehören zu den Pionieren im Bereich Single-Step und werden somit noch einige Anpassungen unseres Systems vornehmen müssen. Auch werden die Genomik und die technischen Möglichkeiten sich weiterentwickeln und wir werden unsere Verfahren weiterhin anpassen müssen.

17. Wenn die Zuchtwertschätzintervalle auf einen zweiwöchentlichen Rhythmus verkürzt werden, werden dann auch die Intervalle fürs Ausland verkürzt?

Nein. Bei den zweiwöchigen Zuchtwertschätzungen werden nach einem vereinfachten Verfahren nur Zuchtwerte für Kandidaten (männlich & weiblich) geschätzt. Die Zuchtwertschätzung für die Gesamtpopulationen findet weiterhin zu den drei Hauptterminen April, August und Dezember statt und nur hier werden Informationen aus dem Ausland, die MACE-Zuchtwerte von Interbull, mitverarbeitet.

18. Werden solche Probleme wie im Fall "Optimal" vermieden durch die neuen Verfahren?

„Optimal“ war im DEA-System zunächst nur mit seinen MACE-Zuchtwerten gelistet und auch entsprechend gekennzeichnet. Durch die MACE-Zuchtwertschätzung von Interbull erhält jedes Land Zuchtwerte aller in zumindest einem der an der länderübergreifenden Zuchtwertschätzung teilnehmenden Länder eingesetzten Bullen. Die Reihung der Bullen nach dem Interbull-Zuchtwert muss allerdings in den einzelnen Ländern nicht identisch sein. Das heißt, dass der beste Stier in Italien nicht unbedingt der Beste im DEA-System sein muss. Nachdem die Genotypeninformation von „Optimal“ ins DEA-System einging, haben sich seine Zuchtwerte dann noch einmal deutlich verändert. Somit war das Problem „Optimal“ vor allem ein Fehler beim Interpretieren der Zuchtwerte.

19. Wieso wird bei einer "Milchrasse" wie Brown Swiss noch ein Gewichtungsfaktor auf den Fleischwert gelegt? Sollte man sich nicht auf die Stärken konzentrieren, wenn man sich verbessern will?

Brown Swiss ist eine milchbetonte Doppelnutzungsrasse. Bei der Neudefinition der Zuchtziele 2016 war es den beteiligten Zuchtverbänden aus Bayern, Baden-Württemberg und Österreich wichtig, die Fleischkomponente im Zuchtziel und damit auch im GZW beizubehalten. Der Fleischwert ist darin mit 5% gewichtet. Damit wird vor allem auch eine gute Konstitution und Robustheit der Rasse unterstützt. Weiterhin wird durch die

Berücksichtigung der Fleischmerkmale gewährleistet, dass es nicht zu einer unbemerkten Verschlechterung in diesem Bereich kommt.

20. Der Zuchtwert (Futter-)Effizienz ist höchstrelevant. Allerdings stelle ich mir die Frage wie dieser objektiv erfasst werden soll. Ist geplant, wieder so etwas wie "Bullenmütterteststationen" einzurichten bzw. Leistungsprüfstationen für die Erfassung der Futtereffizienz?

Bei der Futtereffizienz geht es darum, die Menge an aufgenommener Energie (über das Futter) der Menge an benötigter Energie (Leistung) gegenüber zu stellen. Für Milchkühe gilt die Formel:

Futtereffizienz = ECM / Menge an aufgenommener Energie über das Futter

(ECM = energiekorrigierte Milch; Vergleichsbasis ist eine Milch mit 4% Fett und 3,4% Eiweiß)

Nach dieser Berechnung ist das Tier effizienter, welches einen höheren Wert hat, da es aus einem kg Trockensubstanz mehr energiekorrigierte Milchmenge produzieren kann.

Diese Gleichung zur Berechnung der Futtereffizienz muss jedoch für

Doppelnutzungsrassen noch angepasst werden, da bei diesen auch noch der

Fleischansatz zu berücksichtigen ist. Wir wollen die notwendigen Daten nicht auf Station

bei wenigen Tieren erfassen, sondern überprüfen derzeit im Rahmen des Projekts

*FLECKfficient*, in wie weit eine Erfassung in den Betrieben möglich und aussagekräftig ist

(Stichwort: Flächennukleus). Wir orientieren uns dabei an Ergebnissen des Projektes

„Efficient Cow“ in Österreich. Im Rahmen von *FLECKfficient* werden in den

Projektbetrieben Kühe in der ersten Laktation mehrfach gewogen oder Bauch- und

Brustumfang als Hilfsmerkmale erfasst. Aus Bauch- und Brustumfang kann das Gewicht

der Kühe berechnet werden. Zudem sind wir dabei, eine Routine zu entwickeln, in den

Betrieben regelmäßig die Futterrationen und –qualitäten abzufragen. Es gibt dann

etablierte Formeln (Gruber et al., 2004), die anhand von Daten aus verschiedenen

Versuchsstationen entwickelt wurden, mit deren Hilfe man die Futteraufnahme und den

Energiebedarf der Einzeltiere aus den Informationen zur Fütterung im Betrieb sowie der

Milchmenge und dem Gewicht des Einzeltieres schätzen kann. Die Güte unserer

Schätzungen können wir anhand der Daten des LAZBW überprüfen. Von dort stehen uns

Exaktfutterdaten und –Wiegedaten zur Verfügung.

(Gruber, L.; Schwarz, F. J.; Erdin, D.; Fischer, B.; Spiekens, H.; Steingaß, H.; Meyer, U.; Chassot, A.; Jilg, T.;

Obermaier, A.; Guggenberger, T. (2004): Vorhersage der Futteraufnahme von Milchkühen – Datenbasis von 10



21. Wie ist die Zunahme der Sicherheiten im Vergleich Single-Step zu Two-Step zu bewerten?

Man muss bei den Sicherheiten zwischen den Werten, die für jedes Tier und Zuchtwert angegeben werden können, und der Sicherheit, die für das gesamte System gilt, unterscheiden. Die tierspezifischen Sicherheiten werden auch theoretische Sicherheiten genannt, während die systembezogenen Sicherheit als realisierte Sicherheit bezeichnet wird. Im Vergleich der realisierten Sicherheiten von Two-Step- und Single-Step-Verfahren beobachten wir einen höheren Wert beim Single-Step-Verfahren. Dies kann durch Validierungsstudien belegt werden. Diese Verbesserung durch den Wechsel im System findet sich auch bei den Sicherheiten der Zuchtwerte der einzelnen Tiere wieder.

22. Welche Merkmale gewinnen durch die Umstellungen überproportional an Sicherheit?

In der Regel gewinnen niedrig erbliche Merkmale besonders stark an Sicherheit. Weiterhin werden die Sicherheiten von Merkmalen besonders stark ansteigen, für die es im Rahmen der Umstellung erstmalig möglich ist, genomische Zuchtwerte anstatt der bisherigen konventionellen Zuchtwerte zu schätzen. Diese sind z.B. die direkten Gesundheitsmerkmale. Finden diese Merkmale dann auch noch Berücksichtigung bei der Berechnung übergeordneter Indices, so profitieren die Sicherheiten dieser Indices auch durch den Anstieg der Sicherheiten in den Einzelmerkmalen. Weiterhin erlaubt das Single-Step-Verfahren die direkte Anwendung von Mehrmerkmalsmodellen bei der Schätzung genomischer Zuchtwerte. Hierdurch können manche Merkmale profitieren, da jetzt ein genomischer Informationsbeitrag von Hilfsmerkmalen besser berücksichtigt wird als bisher.