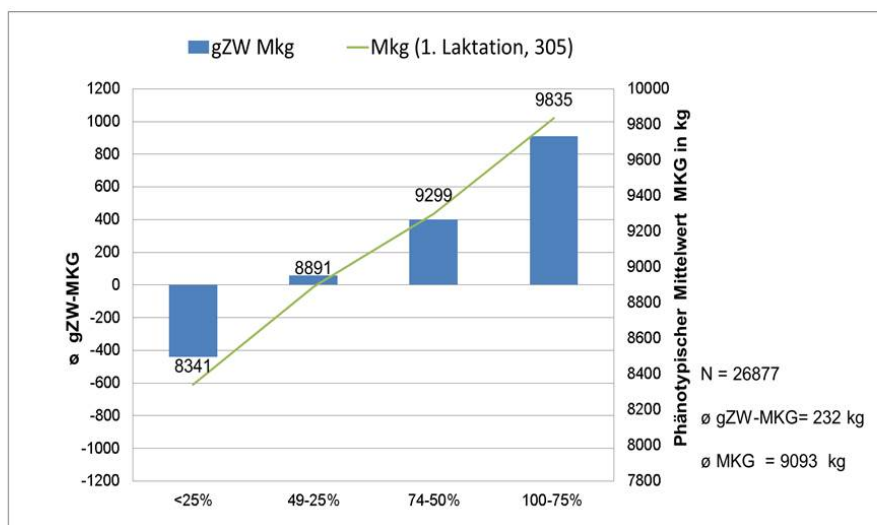


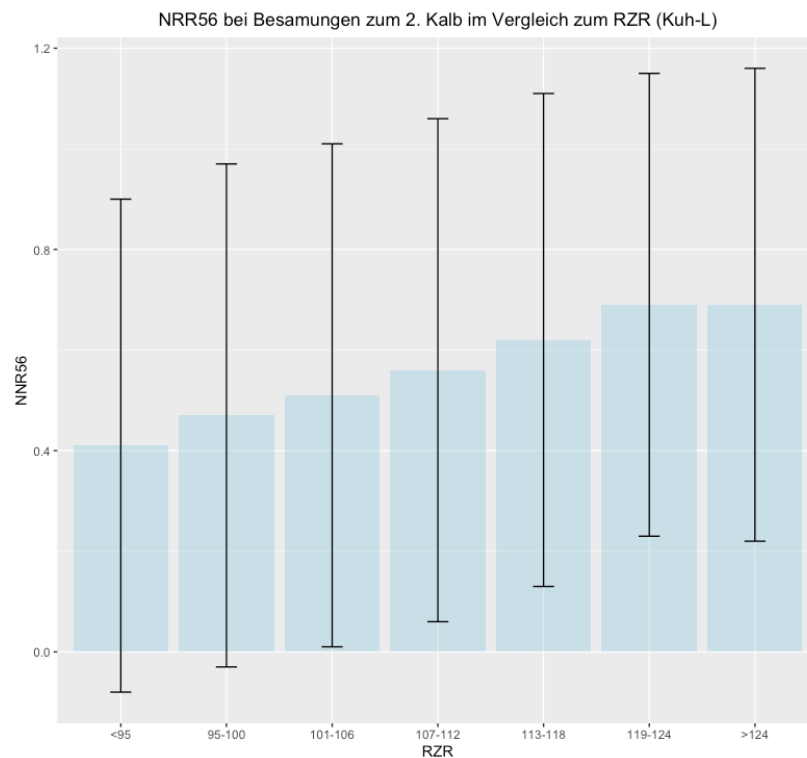
## 1. Beurteilung der Auswertungsmethodik (Kuh-L bzw. vit):

Bei zwei kontinuierlich verteilten Merkmalen ist der Korrelationskoeffizient der Indikator, der die Güte der Beziehung dieser Merkmale am besten beschreibt. Die in den Veröffentlichungen verwendete - oft grafische - Herleitung eines „Maßes“, besser eines Eindrucks, für die Beschreibung der Merkmalsbeziehungen aus dem Vergleich ([1], s.u.) von innerhalb von gZW-Klassen gemittelten phänotypischen Leistungen sämtlicher Umwelten mit dem mittleren gZW des jeweiligen gZW-Niveaus ist mathematisch nicht zu begründen.

Vergleich gZW MKG zu Phänotypen für Milchleistung



In einer Veröffentlichung zum Kuh-L-Projekt [2] wurden die phänotypischen Standardabweichungen innerhalb ZW-Klasse angegeben. In der folgenden Grafik habe ich die Daten des Vergleichs RZR vs. NNR56 bei Besamungen zum 2. Kalb ( $h^2$  sehr gering) zusammengestellt:



Die eingezeichneten schwarzen Linien in den einzelnen Klassen beschreiben den Bereich  $\pm 1$  Standardabweichung um den RZR-Klassenmittelwert. Obwohl in einzelnen Klassen die Standardabweichung größer als der Mittelwert selbst ist, leitet der Autor aus diesen Daten ab, dass auch bei sehr niedriger Erblichkeit der Merkmale die Aussagefähigkeit der genomischen Zuchtwerte bestätigt würde. Das ist statistisch nicht abzusichern.

Die Korrelationskoeffizienten zwischen den gZWs und den dazugehörigen Phänotypen werden bislang - trotz mehrmaliger Nachfrage - unter Verschluss gehalten, was eigentlich nicht bei Arbeiten mit wissenschaftlichem Anspruch vorkommen sollte. Das lässt vermuten, dass die Autoren die Wahrheit scheuen. Die Beziehungen sind anscheinend nicht eng bis sehr eng wie beschrieben, sondern ausgesprochen vage.

Zusätzliche Ungenauigkeiten bestehen, weil in den Auswertungen keine Umwelteffekte auf die phänotypischen Leistungen berücksichtigt worden sind. Die Umwelt hat in Abhängigkeit von der Heritabilität des Merkmals einen großen bis überragenden Einfluss auf tatsächliche Leistungen.

Trotz allem sind die Ergebnisse der Kuh-L- [5] und vit-Auswertungen [6] von einigen Zuchtverbänden in unangemessener Art und Weise verwendet worden, um die Landwirte zur Teilnahme an KuhVision- oder Herdentypisierungsprogrammen zu bewegen:

# MASTERRIND Herdentypisierung

**+1.400 kg  
Milchleistung\***

**Wirtschaftlicher Mehrwert durch  
Ihre gezielten Entscheidungen:**

- Höhere Milchleistung: + 1.400 kg Milch
- Niedrigere Zellzahl: -150.000 Zellen
- 16 % weniger Totgeburten
- 12 % geringere Abgangsrate

**MASTERRIND**  
RINDERZUCHT UND VERMARKTUNG

**\* Ihr wirtschaftlicher Mehrwert mit der MASTERRIND Herdentypisierung ist enorm. Aus der Summe der Optimierungen ergibt sich ein großes Potential:**

Höhere Milchleistung:	+1.400 kg Milch (erste Laktation)
Niedrigere Zellzahl :	-150.000 Zellen (erste drei PM)
Auftreten frühe Mastitis:	-7 %
Auftreten späte Mastitis:	-30 %
Weniger Totgeburten:	-16 % zur ersten Kalbung
Geringe Abgangsrate:	-12.2 % (1. Laktation)

Berechnungsbasis N = 26.877 typisierte Tiere: Differenz zwischen besten (+25 %) und schlechtesten (-25 %) Zuchtwertklassen

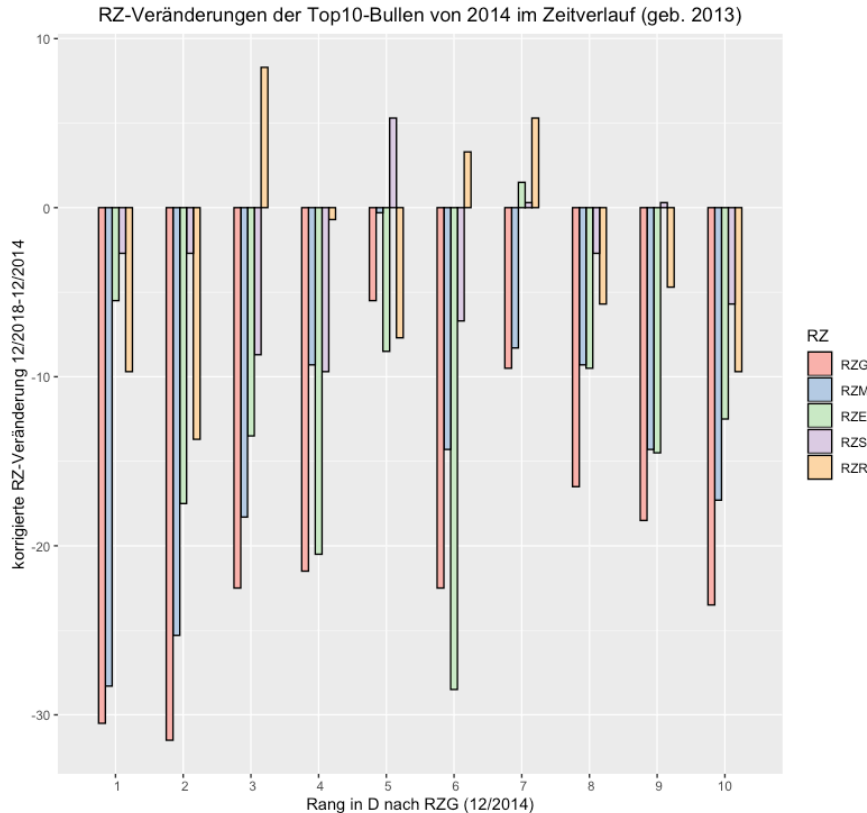
Aus der vorangegangenen Abbildung wird ersichtlich, dass seitens des Vits versucht wird, anstatt des Populationsmittels den phänotypischen Mittelwert innerhalb des schlechtesten gZW-Quartils als Vergleichsmaßstab zu etablieren. Dies gilt auch für die Ermittlung des Selektionserfolges [3]. Der Selektionserfolg beispielsweise bei Selektion des besten gZW-Quartils ist auf diese Weise annähernd doppelt so hoch wie bei der Verwendung des Populationsmittels als Bezugsbasis.

Die im Rahmen von Kuh-L und KuhVision verwendeten kreativen Auswertungsmethoden führen deshalb zu einer viel zu hohen Erwartungshaltung bei den teilnehmenden Landwirten. Auf diese Weise werden mehr Milchviehhalter dazu bewegt, an den Typisierungsprogrammen teilzunehmen. Das VIT bezeichnet diese Auswertungsmethoden sogar als effektives Werbemittel, um Landwirte davon zu überzeugen, Daten zu liefern [4].

## 2. Veränderungen der gZWs im Zeitverlauf:

In den Veröffentlichungen wird als wesentlicher Vorteil des Genotypisierens angeführt, dass man schon in den ersten Lebenswochen eines Kalbes anhand der gZWs sehr genaue Selektionsentscheidungen treffen kann. Bei den Auswertungen zu Kuh-L werden allerdings gZWs zum Zeitpunkt der Laktation benutzt. Durch Informationszuwachs in der Lernstichprobe und im Zuchtwertschätzverfahren im Zeitverlauf entsprechen die gZWs zum Zeitpunkt der Geburt eines Kalbes nicht den gZWs in dessen Laktation.

Leider liegen mir keine Auswertungen auf der weiblichen Seite zu dieser Thematik vor. Deshalb habe ich Untersuchungen an Relativzuchtwerten von Bullen durchgeführt:





Die Veränderungen in den um Basisanpassungen korrigierten Relativzuchtwerten bei den Top10-Bullen von 2014 in den darauffolgenden vier Jahren sind bei einer Standardabweichung von 12 teilweise gravierend. Kuhzuchtwerte erreichen nicht die Sicherheiten wie nachkommegeprüfte Bullen, so dass auf der weiblichen Seite mit zumindest ähnlichen Veränderungen in den gZWs zu rechnen ist. Dies hat natürlich Auswirkungen auf die Genauigkeit der Selektion eines Kuhkalbes.

Natürlich wirkt sich auch das Einfließen von Verwandteninformationen aus unterschiedlichen Umwelten auf die Schätzgenauigkeit des Phänotyps anhand des gZWs eines Tieres aus.

Sicherlich kenne ich Publikationen, wo zwischen gZW und Phänotyp niedrige bis moderate Korrelationen nachgewiesen wurden. Hierbei handelt es sich aber um u.a. Drosophila-Fliegen, die ein extrem niedriges Generationsintervall haben und bei denen gut messbare und gut erbliche Merkmale unter fast gleichen Umweltbedingungen gemessen werden können. Bei Kühen vergehen zwischen dem Zeitpunkt der Kalbgenotypisierung und der späteren Kuhleistung aber 3 Jahre. Zwischenzeitlich wirken eine Vielzahl an nicht planbaren Umwelteffekten auf den Phänotyp ein, die jeder kennt, der selbst mit Milchkühen gearbeitet hat. Dass eine „phenotype prediction“ für Merkmale mit geringer Erblichkeit nicht funktionieren kann, ergibt sich so von selbst.

### 3. Zuchtplanung:

Wenn es enge bis sehr enge Beziehungen zwischen gZW und Phänotyp gibt, stellt sich die Frage, ob wir überhaupt noch eine Zuchtwertschätzung benötigen. Wird nach Phänotyp selektiert, kann ein der Selektion nach gZW fast entsprechender Zuchtfortschritt realisiert werden. Der Landwirt investiert in diesem Fall einfach in Technik zur genauen Merkmalerfassung.

Deshalb halte ich es aus Sicht der Zuchtverbände, Wissenschaft und Rechenzentren für sehr gefährlich, die unter 1. beschriebene, kreative Auswertungsmethodik überhaupt zu wählen. Damit wird ihre eigene Daseinsberechtigung in Frage gestellt.

Ich hätte mir bei der Einführung von KuhVision umfangreiche Zuchtplanungsrechnungen gewünscht. Die korrekte Berücksichtigung der deutlich höheren Züchtungskosten, die sich durch die umfangreichen Genotypisierungen und durch das aufwendigere Zuchtwertschätzverfahren ergeben, halte ich für selbstverständlich.

### 4. Schlußbemerkungen:

Das insbesondere von den Zuchtverbänden forcierte ‚genomische Herdenmanagement‘, das auf den vermeintlich sehr engen Beziehungen zwischen gZWs und Phänotypen beruht, widerspricht in weiten Teilen dem, was vor mehr als 20 Jahren in der DGfZ-Schriftenreihe [7] veröffentlicht worden ist:

„In der Praxis stößt es immer wieder auf Unverständnis, wenn einzelne Kühe zwar innerbetrieblich als genetisch wertvoll angesehen werden und dennoch keine überragenden Zuchtwert ausgewiesen bekommen. Zur Klärung dieser Frage ist es wichtig, sich das bisher Gesagte noch einmal vor Augen zu führen: Der Sinn geschätzter Zuchtwerte ist die Auswahl der Elterntiere für die nächste Generation, bezogen auf die *gesamte* Population. Dieser Zweck unterscheidet sich von einem Gebrauch der Zuchtwerte für innerbetriebliche oder sogar betriebswirtschaftliche Entscheidungen! So kann eine Kuh etwa einen nur mäßigen Zuchtwert haben, trotzdem aber selbst für einen speziellen Betrieb sehr wertvoll sein.“

Abschließend kann ich nur appellieren, das Vertrauen der Landwirte in eine objektive Wissenschaft nicht zu enttäuschen. Dieses Vertrauen der Landwirte sollte keinesfalls weder von der Wissenschaft selbst noch von Rechenzentren oder Zuchtverbänden instrumentalisiert werden.

#### Verwendete Literatur:

[1] vit (2018): Genomisches Herdenmanagement, <https://www.vit.de/vit-fuers-tier/vit-fuers-rind/genomisches-herdenmanagement/>

[2] Swalve, H. H. (2017): Tierwohldiskussion und Züchtung-Was macht die Praxis? [https://www.lkv-we.de/wp-content/uploads/2018/01/6207\\_LKV-JahresberichtFachartikel.pdf](https://www.lkv-we.de/wp-content/uploads/2018/01/6207_LKV-JahresberichtFachartikel.pdf)

[3] vit (2019): Wie bekomme ich den größten Selektionserfolg? Milchrind 4-2019

[4] Rensing et al. (2017): Cow Reference Population-Benefit for Genomic Evaluation Systems and Farmers, [https://www.vit.de/fileadmin/DE/Zuchtwertschaetzung/170826\\_Cow\\_Reference\\_Population\\_IB\\_Tallinn.pdf](https://www.vit.de/fileadmin/DE/Zuchtwertschaetzung/170826_Cow_Reference_Population_IB_Tallinn.pdf)

[5] Swalve, H. H. (2017): Wie aussagefähig sind die genomischen Kuhzuchtwerte? Milchrind 2-2017

[6] Segelke et al. (2019): Ergebnisse und Informationen rundum KuhVision Genomisches Herdenmanagement, [http://www.rsheg.de/fileadmin/media/serviceangebote/Infoveranstaltungen/2019\\_infoveranstaltungen/2019-02-08\\_Ergebnisse\\_und\\_Informationen\\_rund\\_um\\_KuhVision\\_-\\_vit.pdf](http://www.rsheg.de/fileadmin/media/serviceangebote/Infoveranstaltungen/2019_infoveranstaltungen/2019-02-08_Ergebnisse_und_Informationen_rund_um_KuhVision_-_vit.pdf)

[7] Swalve, H. H. (1998): Theoretische Grundlagen der Zuchtwertschätzung, DGfZ-Schriftenreihe 11