

## Neuigkeiten in der ZWS April 2019

- **Milchleistungsmerkmale: geringere Heritabilitäten; neue RZM-Formel**
- **Größe: Optimum jetzt 100**
- **Genomische ZWS: Umstellung auf gemischte Lernstichprobe für alle Merkmale**
- **Neu: (g)ZW für direkte Gesundheitsmerkmale**
- **Jährliche Basisanpassung alle Merkmale**

### Milchleistungsmerkmale

Die verwendeten Heritabilitäten in der konventionellen Zuchtwertschätzung (ZWS) für die Milchleistungsmerkmale wurden reduziert ( $h^2$  Milch-kg = 0,39; Fett-kg = 0,30; Eiweiß-kg = 0,30). Dadurch werden realistischere konventionelle Kuh-Zuchtwerte geschätzt, d.h. die Streuung der konventionellen Kuh-ZW verringert sich deutlich. Realistische klassische Kuh-ZW sind besonders wichtig für die Verwendung in gemischten Lernstichproben als Basis für die genomische ZWS (siehe weiter unten). Die Auswirkungen der verringerten Heritabilitäten auf die konventionellen ZW töchtergeprüfter Bullen (ZW mit hoher Sicherheit) sind gering.

Entsprechend des geänderten Verhältnisses der Verwertung von Eiweiß und Fett und damit der Bezahlung von Fett und Eiweiß wurde die Gewichtung im RZM angepasst. Die neue relative züchterische Gewichtung von ZW Fett-kg zu ZW Eiweiß-kg beträgt 1 : 1,5 (Formel-Faktoren 1 : 2). Bisher betrug die relative züchterische Gewichtung 1 : 3 (Formel-Faktoren bisher 1 : 4). Die neue Gewichtung gilt einheitlich für alle vit-ZWS-Rassen. Für Angler gilt schon seit April 2018 eine züchterische Gewichtung von 1 : 1,5 (d.h. keine Veränderung). Erstmals gilt auch im RZM für Jerseys die gleiche Gewichtung wie für die anderen Rassen (bisher Formel-Faktoren 1 : 6).

### Größe jetzt mit Optimum 100

Bereits seit 2017 wurde die Größe als Optimal-Merkmal bei der Berechnung des Körper-ZW (und damit auch im RZE) berücksichtigt. Jetzt aber mit dem Optimum 100 (vorher 112). Jetzt erfolgt die Berechnung für Abschlüsse ober- und unterhalb des Optimums wie bei allen anderen Optimal-Merkmalen quadratisch d.h. je weiter entfernt vom Optimum je größer der Abschlag je Relativpunkt Größe (bisher linear).

### Genomische Zuchtwertschätzung: Umstellung auf gemischte Lernstichproben

Bisher beruhte die genomische ZWS auf einer Lernstichprobe (LP) aus töchtergeprüften und gleichzeitig typisierten KB-Bullen. Obwohl diese EuroGenomics-Lernstichprobe mit inzwischen 38.772 töchtergeprüften Bullen sehr groß ist, stößt das System doch zunehmend an seine Grenzen. Durch die seinerzeitige starke genomische Vor-Selektion der aktuell neu töchtergeprüften KB-Bullen repräsentieren diese nicht mehr die gesamte Bandbreite der Genetik in der aktuellen Population, sondern nur noch den besseren Teil. Aus diesem Grund wurde vor drei Jahren das Projekt KuhVision gestartet, um über die Typisierung ganzer Herden eine Kuh-Lernstichprobe aufzubauen, die die gesamte Bandbreite der Population abbildet. Es handelt sich daher ausschließlich um Kühe mit Informationen erbracht unter heimischen Bedingungen, die zudem aus aktuellen Jahrgängen stammen. Damit ist die aktuelle heimische Holstein-Population durch die LP-Kühe in der gemischten LP deutlich besser abgebildet als durch die EuroGenomics-LP-Bullen von denen ca. 2/3 nur Töchterinformationen im Ausland haben und damit durch Interbull auf deutsche Skala umgerechnete klassische Zuchtwerte. Den Umfang und die Entwicklung der gemischten Lernstichprobe zeigt die Tabelle:

	LP-Bullen	LP-Kühe Mkg	LP gesamt	LP-Kühe Ext.
<b>1904</b>	<b>38.772</b>	<b>130.884</b>	<b>169.656</b>	<b>109.756</b>

Validierungsstudien haben gezeigt, dass je nach Merkmal etwa 3-8 LP-Kühe genauso

informativ sind wie ein LP-Bulle mit ZW basierend auf 100 Töchtern. Die zur LP hinzugefügten über 100.000 Kühe entsprechen also der Information von zusätzlich 16.000 – 43.000 LP-Bullen! Entsprechend dieses Sicherheitszuwachses bedeutet der Umstieg auf eine gemischte LP Veränderungen der gZW im Bereich von bis zu +/- 10 Relativpunkten aufgrund der besser geschätzten Effekte für die ca. 46.000 SNP. Die gZW-Veränderungen sind ungerichtet, d.h. es profitieren oder verlieren nicht bestimmte Blutlinien.

Durch Investitionen in Rechnerkapazität und effizientere Rechenprogramme erfolgt die Ableitung der genomischen Schätzformeln nunmehr auf den aktuellen konventionellen Zuchtwerten (bisher jeweils auf den konventionellen ZW der letzten Hauptveröffentlichung). Dies erhöht zusätzlich einmalig den Datenzuwachs bei den LP-Bullen.

### Neu: Zuchtwerte für direkte Gesundheitsmerkmale

Mit dieser ZWS wird die Palette der veröffentlichten Zuchtwerte für Holsteins um 6 direkte Gesundheitsmerkmale erweitert: RZEuterfit, RZKlaue, RZRepro, RZMetabol sowie RZGesund (Gesund-Gesamt) und DDcontrol (Einzel-ZW für Mortellaro-Resistenz; auch in RZKlaue enthalten).

Dahinter steht die Zuchtwertschätzung für insgesamt 13 einzelne direkte Gesundheitsmerkmale. Wie diese zu den veröffentlichten neuen direkten Gesundheitsindizes zusammengefasst werden zeigt die folgende Tabelle:

Merkmalskomplex	Gesundheitsmerkmal	h <sup>2</sup>	Index-Gewicht	h <sup>2</sup> Index	Gesamt
<b>RZEuterfit (EFit)</b>	Mastitis-Resistenz	0,08	100%	0,08	<b>40</b>
<b>RZKlaue (KLG)</b>	<b>DDcontrol (DDc)</b> (Dermatitis digitalis / Mortellaro)	0,12	30%	0,11	<b>30</b>
	Klauengeschwüre (KGS)	0,11	15%		
	Panaritium (digitale Phlegmone) (PAN)	0,09	15%		
	Weißer-Linie-Erkrankung (WLE)	0,06	15%		
	Klauenrehe (REH)	0,03	15%		
	Limax (Tylom, Zwischenklauenwulst) (LIM)	0,11	10%		
<b>RZRepro (REP)</b>	Zyklusstörungen (ZYS)	0,06	50%	0,07	<b>20</b>
	Endometritis / Metritis (MET)	0,03	25%		
	Nachgeburtshaltung (NGV)	0,03	25%		
<b>RZMetabol (META)</b>	Linksseitige Labmagenverlagerung (LMV)	0,03	40%	0,04	<b>10</b>
	Milchfieber (MIF)	0,04	30%		
	Ketose (KET)	0,03	30%		
<b>RZGesund (GES)</b>					<b>100</b>

Zusätzlich wurde eine interne ZWS für vier Abgangsursachen etabliert. Die ZW für diese Abgangsursachen dienen als Hilfsmerkmale zur Verbesserung der Sicherheit in den jeweils korrespondierenden direkten Gesundheits-Indizes (Korrelation): Abgang Eutererkrankungen ( $r_g$  zu RZEuterfit =0,85), Klauen-&Gliedermaßen-Erkrankungen ( $r_g$  zu RZKlaue =0,60), Unfruchtbarkeit ( $r_g$  zu RZRepro =0,55), Stoffwechselkrankheiten ( $r_g$  zu RZMetabol =0,80).

Die genomischen Gesundheits-ZW beruhen im Wesentlichen auf der aus KuhVision aufgebauten Lernstichprobe mit inzwischen 100.000 typisierten Kühen mit erfassten Gesundheitsdaten. Für die Lernstichprobe wird der jüngste Kuhgeburtshaltung mit nur (Teil-) Information aus der 1. Laktation noch nicht verwendet. Den Umfang der Lernstichprobe zeigt die folgende Tabelle (Merkmal Mastitis).

LP	Kühe Mastitis	Bullen	Gesamt Mas.
1904	<b>79.169</b>	<b>4.998</b>	<b>84.167</b>

Die Sicherheiten der gZW für Gesundheitsindizes für junge Tiere erreichen 51% (RZKlaue) bis 61 % (RZEuterfit) sowie 57% Si. für RZGesund.

Für Schwarzbunt und Rotbunt gilt eine gemeinsame Zuchtwertbasis.

## Jährliche Basisanpassung für alle Merkmale

Für die Zuchtwerte auf Basis April 2019 wurde die jährliche Basisverschiebung vorgenommen. Die Basis (0 bzw. 100 für Relativ-ZW) für alle Merkmale bilden die 4-6 Jahre alten Kühe der jeweiligen Rasse mit Eigenleistung. Für die ZW-Basis 2019 also Kühe geboren 2013 bis 2015 (Vorjahr geb. 2012-2014).

Die Auswirkungen der Basisverschiebung werden anhand der Veränderungen der konventionellen Zuchtwerte für deutsche KB-Bullen der 10 jüngsten Geburtsjahrgänge mit Töchterinformationen aus 3 Laktationen ermittelt. Dies sind deutsche KB-Bullen der Geburtsjahrgänge 2002-2011. Die Mehrzahl dieser Bullen hat keinen oder nur einen geringen Töchter-Informationenzuwachs.

Die konventionellen Zuchtwerte der o.g. Bullen verändern sich von der letzten Schätzung Dezember 2018 zur aktuellen Schätzung April 2019 um die in den folgenden Tabellen aufgeführten Werte:

	N	RZM	RZS	RZE	RZN	RZR	RZKm	RZG
<b>SBT</b>	7208	-1,4	-0,8	-2,0	-1,9	-0,6	-1,0	<b>-2,6</b>
<b>RBT</b>	1216	-1,2	-0,6	-2,4	-1,4	0,1	-0,9	<b>-2,2</b>
<b>Angler</b>	83	-0,4	-0,1	-0,7	-0,7	-0,4	-0,1	<b>-1,0</b>
<b>DN</b>	46	-1,6	0,0	0,2	-0,7	0,5	1,0	<b>-1,6</b>

	M-kg	F-%	F-kg	E-%	E-kg
<b>SBT</b>	-63	0,00	-2,3	0,00	-1,9
<b>RBT</b>	-72	0,01	-2,4	0,00	-2,2
<b>Angler</b>	-41	0,02	-0,5	0,01	-0,7
<b>DN</b>	-15	0,00	-0,6	0,00	-0,3

	M-Typ	Körper	Fund.	Euter	RZD
<b>SBT</b>	-0,8	-0,1	-1,0	-2,4	-0,2
<b>RBT</b>	-1,8	-0,4	-0,7	-2,9	0,1
<b>Angler</b>	1,5	0,3	-0,7	-0,6	0,5
<b>DN</b>	-0,1	-1,0	0,0	1,0	0,0

	KVm	TGm	KVd	TGd	RZKd
<b>SBT</b>	-2,1	0,1	-0,1	-0,3	-0,2
<b>RBT</b>	-1,7	-0,1	0,1	-0,6	-0,3
<b>Angler</b>	-0,1	0,0	0,1	0,0	0,1
<b>DN</b>	0,9	0,8	0,5	-0,7	0,0

Positive Werte = neue Basis ist niedriger als bisher und Zuchtwert beim Einzeltier steigt durch die Basisanpassung

Genomische ZW ändern sich im Niveau nicht nur durch die Basisanpassung, sondern zusätzlich bei einigen Merkmalen auch durch Niveaushiftungen aufgrund der Umstellung auf gemischte Lernstichproben. Daher sind die mittleren gZW-Änderungen der genomischen Vererber aufgrund beider Effekte z.T. etwas unterschiedlich zu den oben aufgeführten Auswirkungen der reinen Basisverschiebung bei den konventionellen ZW.

*Tabelle: Mittlere gZW-Änderungen genomischer Topbullen 1812 zu 1904 durch Basisverschiebung und Umstellung auf gemischte Lernstichprobe (SBT-Top-250 bzw. RBT-Top-50 Dez. 2018)*

	RZM	RZS	RZE	RZN	RZR	RZKm	RZG
<b>SBT</b>	-0,6	0,2	-3,2	-4,6	-2,7	2,3	<b>-3,4</b>
<b>RBT</b>	-2,1	0,2	-2,8	-4,1	-0,9	2,4	<b>-3,7</b>

	M-Typ	Körper	Fund.	Euter	RZD
<b>SBT</b>	-0,2	-1,0	-2,9	-2,5	-1,6
<b>RBT</b>	-1,4	-1,2	-2,1	-2,0	-0,5

Auf Basis der gemischten Lernstichprobe wird das mittlere Niveau der (hohen) genomischen Vererber für gRZN und gRZE insgesamt etwas niedriger eingeschätzt, so dass die gRZN und gRZE Änderungen höher ausfallen als durch die reine Basisverschiebung. Beim gRZS ist es umgekehrt. Trotz Basisabschreibung von knapp einem Punkt steigen die mittleren gRZS der genomischen Topbullen sogar leicht, da die Auswirkungen der reinen Basisverschiebung durch die Umstellung auf eine gemischte Lernstichprobe mehr als ausgeglichen werden.