

Aus dem Institut für Tierzuchtwissenschaft der Universität Bonn¹, dem Institut für Tierzucht und Haustiergenetik der Universität Göttingen², der Züchtungszentrale Deutsches Hybridschwein in Lüneburg³ und dem Schweinezüchterverband Nord-West⁴

ERNST THOLEN¹, HORST BRANDT², HUBERT HENNE³, FRANZ-JOSEF STORK⁴
und KARL SCHELLANDER¹

Genetische Fundierung von AutoFOM-Merkmalen

Herrn Professor Dr. Erhard Kallweit zum 65. Geburtstag gewidmet

Summary

Title of the paper: **Genetic foundation of AutoFOM-traits**

Since the beginning of the year 2000 the payment system of pig carcasses in some slaughter houses in northwest Germany is based on the recordings of the fully automated carcass classification system AutoFOM. Besides legal information 'estimated lean meat percentage' relative exact details of the weights of important valuable cuts are available. Genetic parameters of the AutoFOM lean carcass cut information, ham-, chop-, shoulder- and belly weights as well as lean meat percentage of the belly cut were estimated. Using the field data of the pig breeding organisations BHZP (n=2224) and SNW (n=3601) the estimated heritabilities of these carcass cuts vary between 0.13 and 0.27 (BHZP) and 0.13 and 0.31 (SNW), respectively. The estimated heritabilities of the AutoFOM carcass traits of station-tested pigs were more pronounced for the dam lines German Landrace and Large White (n=1693) and Piétrain AI-boars mated to F1 sows (n=1053). The estimates ranged from 0.27 to 0.59 (dam lines) and 0.05 to 0.40 (Pi AI-boars), respectively. Using the records of station tested purebred Piétrain pigs (n=1693) the heritabilities of the AutoFOM carcass cuts did not exceed 0.10. The genetic correlation between the different AutoFOM carcass traits exceed the absolute value of 0.8. In a similar way, the genetic correlation between the 'estimated lean meat percentage' used in the test station and the AutoFOM carcass traits were close to unity. We concluded that AutoFOM traits of slaughter pigs provide a useful information for the selection of AI-boars. Moreover, with regard to the station testing of dam lines AutoFOM carcass informations derived from AutoFOM are a useful supplementation. Because of the low heritability, only a marginal additional benefit could be expected for the genetic ranking of Pi-boars using AutoFOM carcass cut records of purebred station tested progenies.

Key Words: pig, AutoFOM, genetic foundation, field and station test

Zusammenfassung

Die vollautomatische Klassifizierung von Schlachtkörpern mit Hilfe des AutoFOM-Gerätes ist seit Beginn des Jahres 2000 in einigen Schlachtunternehmen des nordwestdeutschen Raumes Grundlage des Bezahlungssystems von Schlachtschweinen. Neben dem gesetzlich vorgeschriebenen Muskelfleischanteil liefert das AutoFOM-Gerät vergleichsweise exakte Schätzwerte für die Ausprägung der wertbestimmenden Teilstücke. Mit Hilfe von im Feld und in der Station geprüften Schweinen erfolgte eine Schätzung (REML, Tiermodell) der genetischen Parameter der AutoFOM-Merkmale Schinken-, Schulter-, Lachs-, und Bauchgewicht sowie dem Bauchfleischanteil. Die Heritabilitäten der AutoFOM-Schlachtkörpermerkmale, die mit Hilfe der Produktionsdatensätze der Unternehmen BHZP (N=2224) und SNW (N=3601) geschätzt wurden, reichen von 0,13 bis 0,27 (BHZP) bzw. 0,13 bis 0,31 (SNW). Auf einem etwas höheren Niveau lagen die geschätzten Heritabilitäten der AutoFOM-Merkmale, die mit Hilfe der Stationsdatensätze der Herkunft Piétrain * F1 (N=1053) sowie den Mutterlinien Deutsches Edelschwein und Deutsche Landrasse (N=1228) ermittelt wurden. Für die AutoFOM-Schlachtkörpermerkmale wurden bei den Mutterlinien mittlere h^2 -Werte im Bereich von 0,27 bis 0,59 bzw. bei den Pi-Besamungsebern von 0,05 bis 0,40 geschätzt. Bei den in Reinzucht geprüften Pi-Schweinen (N=1693) konnten mit 0,02 bis 0,10 deutlich niedrigere Werte festgestellt werden. Sowohl bei der Analyse der Produktionsdatensätze als auch der Stationsdaten lagen die geschätzten Korrelationen zwischen den AutoFOM-Merkmalen und zwischen den stationär erfassten Merkmalen Fleischanteil nach „Bonner Formel“ und den AutoFOM-Merkmalen im

Absolutbetrag über 0,8. Unsere Ergebnisse zeigen, dass AutoFOM Merkmale von Produktionsschweinen zur Rangierung von Besamungsebern züchterisch genutzt werden können. Darüber hinaus stellen AutoFOM-Merkmale bei Mutterlinien eine sinnvolle Ergänzung der aufwendigen Stationsprüfung dar, während der züchterische Wert für Pi-Reinzuchttiere auf Grund der niedrigen Heritabilitäten als gering einzuschätzen ist.

Schlüsselwörter: Schwein, AutoFOM, genetische Fundierung, Feld- und Stationsprüfung

Einleitung

Die vollautomatische Klassifizierung von Schlachtkörpern mit Hilfe des AutoFOM-Gerätes (SFK, Company, DK) ist seit Beginn des Jahres 2000 in einigen nordwestdeutschen Schlachtunternehmen Grundlage des Bezahlungssystems von Schlachtschweinen. Die wesentlichen Vorteile dieses Verfahrens gegenüber dem weitverbreiteten FOM-Sonden Klassifizierungsgerät liegen in der höheren Schätzgenauigkeit, dem fehlenden Bedienerinfluss sowie in den hohen, erreichbaren Schlachtbandgeschwindigkeiten. Zusätzlich zum gesetzlich vorgeschriebenen Muskelfleischanteil liefert das AutoFOM-Gerät Schätzwerte für die Gewichte der wertbestimmenden Teilstücke Bauch, Kotelett, Schinken und Schulter, die eine genauere Aussage über den tatsächlichen Handelswert von Schlachtkörpern ermöglichen.

Die Eignung des AutoFOM-Meßgerätes zur Abschätzung des wahren Fleischanteils und damit des Handelswertes der Schlachtkörper wurden in den Untersuchungen von BRANSCHIED et al. (1997, 1999) und BRØNDUM et al. (1998) bestätigt. Die AutoFOM-Merkmale sind Grundlage des Bezahlungssystems einiger wichtiger nordwestdeutscher Schlachtunternehmen (BEUCK, 1999); hieraus ergibt sich deren ökonomische Relevanz. Ungeklärt hingegen sind die Fragen: a) Welche genetische Fundierung besitzen die AutoFOM-Merkmale? b) Welche Beziehungen bestehen zwischen den AutoFOM-Merkmalen und den Schlachtkörpermerkmalen, die im Rahmen der stationären Leistungsprüfungen erhoben werden? Die vorliegende Untersuchung soll einen Beitrag zu beiden Fragestellungen liefern.

Material und Methoden

Die Schätzung der genetischen Parameter erfolgt mit Hilfe von Daten, die im Rahmen der Top-Genetik Prüfung von Besamungsebern a) unter Produktionsbedingungen und b) unter den Bedingungen der stationären Geschwister-/Nachkommen Prüfung beim Schwein (ALZ, 1999) erfasst wurden. Die Produktionsdaten stammen aus 5 Testbetrieben des Schweinezuchtunternehmens BHZP mit den Herkünften Endstufeneber Linie 65, 66 und 67 * db-Sau (Datensatz BHZP) und aus 6 Betrieben der Schweinezüchterverbandes Nord-West mit der Herkunft Pi * Westhybrid Sau (Datensatz SNW) (Tab. 1).

Die stationären Prüfergebnisse wurden in den Leistungsprüfanstalten Haus Düsse und Frankenforst erhoben. Die Prüfung erfolgte mit Reinzucht (Deutsche Landrasse, Deutsches Edelschwein, Piétrain) bzw. Kreuzungstieren DE*DL, DL*DE und Pi*F1 der beiden nordrhein-westfälischen Herdbuchzuchtverbände Schweinezüchterverband Nord-West und Landesverband Rheinischer Schweinezüchter (Datensatz Station). Der Erfassungszeitraum für die Datensätze BHZP, SNW und Station reichen vom Mai 1999 bis Nov. 1999, Mai 1999 bis Dez. 1999 bzw. Juli 1998 bis Feb. 2000.

Tabelle 1

Struktur der analysierten Datensätze (Structure of the analysed data sets)

Datensatz	Linie	N	N Väter	N: Testbe- triebe, LPA,	N je Testbetrieb bzw. LPA				
BHZP	L 65 * db-Sau	1413	50	5	/60	/485	/277	/563	/28
	L 66 * db-Sau	90	3	3	/29	/37	/-	/-	/24
	L 67 * db-Sau	721	13	5	/229	/138	/125	/109	/120
SNW	Pi*Westhybrid	3601	121	6	/173	/748	/499	/374	/297 /1455
Stat., Mu	DE, DE*DL, DL, DL*DE	1228	222	2	Düsse	/900	Frankenforst	/328	
Stat., Pi	Pi	1693	263	2	Düsse	/1393	Frankenforst	/300	
Stat., Pi*FI	Pi*FI	1053	175	2	Düsse	/546	Frankenforst	/507	

Die Mittelwerte und Standardabweichungen der Produktionsdatensätze (Tab. 2) zeigen nur unwesentliche Unterschiede zwischen den beiden beteiligten Zuchtorganisationen. Die unterschiedlichen Produktionsbedingungen in den beteiligten Testbetrieben lassen eine weiterführende Interpretation der Mittelwertsdifferenzen zwischen beiden Datensätzen nicht zu.

Tabelle 2

Mittelwert und Standardabweichung, Produktionsdaten (Means and standard deviations, data from fattening herds)

Datensatz N Merkmal	BHZP 2224		SNW 3601	
	\bar{x}	s	\bar{x}	s
Fleischanteil FOM-Sonde, %	56,4	3,01	56,6	3,08
AutoFOM				
Schinken, schier, kg	17,6	1,60	17,9	1,65
Schulter, schier, kg	8,0	0,62	8,1	0,65
Lachs, kg	6,8	0,66	6,9	0,68
Bauch, kg	14,8	1,17	14,7	1,27
Bauchfleischanteil, %	51,0	4,78	51,5	4,94
Alter, Tage	200,3	18,41	206,4	17,73
Schlachtkörpergewicht, kg	93,7	6,15	93,8	6,71

Die Daten der Stationsprüfung (Tab. 3) zeigen die bekannten Unterschiede zwischen den geprüften Herkünften. Die Rasse Pi weist eine deutliche Überlegenheit in allen Schlachtkörpermerkmalen auf, während die Tiere der Mutterlinien aufgrund der höheren Futteraufnahme deutliche Vorteile im Merkmal Tägliche Zunahme im Mastabschnitt 30-105 kg Lebendgewicht besitzen. Die Pi*FI-Endprodukte nehmen in allen Merkmalen eine Mittelstellung ein. Die gewichtsmäßig geschätzten AutoFOM-Merkmale dieser Endprodukte liegen im Vergleich zu den Produktionsdatensätzen auf einem niedrigeren Niveau. Das im Rahmen der Stationsprüfung vorgegebene Schlachtgewicht von 85 kg ist hierfür als Erklärung heranzuziehen.

Die zur Zeit in den Herdbuchverbänden stattfindende Eliminierung des positiven Stressallels P des MHS (Malignen Hyperthermie Syndrom) Genortes hat dazu geführt, dass sowohl bei den Pi-Reinzuchtieren als auch bei den Pi*FI-Endprodukten bezüglich des MHS-Status unterschiedliche Genotypen stationär geprüft wurden. Tabelle 4 beinhaltet eine Auflistung des je nach MHS-Status erreichten Leistungsniveaus. Hier-

bei zeigt sich im Merkmal Fleischanteil nach Bonner Formel eine Überlegenheit der homozygot stressanfälligen Pi-Tieren gegenüber den NN- und NP-MHS-Genotypen von 1,88 bzw. 1,17 %. Bezogen auf eine Standardabweichung sind Unterschiede zwischen den MHS-Genotypen bei den übrigen AutoFOM-Merkmalen in ähnlicher Gröszenordnung festzustellen.

Tabelle 3

Mittelwert und Standardabweichung, Stationsdaten (Means and standard deviations, data from station test)

Datensatz N	Pi 1693		Mu 1228		Pi*F1 1053	
	\bar{x}	s	\bar{x}	s	\bar{x}	s
Merkmal						
Fleischanteil, FOM-Sonde	61,1	2,12	51,5	3,44	57,9	2,36
AutoFOM						
Schinken, schier, kg	17,7	1,12	14,5	1,47	16,7	1,26
Schulter, schier, kg	7,7	0,39	6,9	0,50	7,5	0,37
Lachs, kg	6,8	0,50	5,7	0,52	6,4	0,47
Bauch, kg	13,0	0,65	13,9	0,80	13,2	0,61
Bauchfleischanteil, %	56,6	0,32	43,9	0,40	53,8	0,31
LPA						
Tägliche Zunahme im Prüfabschnitt, g/Tag	789,2	77,91	938,3	89,92	843,1	81,21
Schlaktkörpergewicht, kg	85,1	2,60	85,4	2,73	85,2	2,69
Fleischfläche, cm ²	59,2	5,23	42,3	4,19	53,1	4,73
Fettfläche, cm ²	12,3	2,19	21,0	3,24	15,5	2,40
Rückenspeckdicke, cm	1,9	0,26	2,7	0,35	2,2	0,30
Seitenspeckdicke, cm	2,0	0,63	3,7	0,84	2,4	0,73
Speckmaß ü. RMF, cm	0,8	0,22	1,8	0,37	1,1	0,24
Länge, cm	96,7	2,60	101,6	2,50	99,7	2,51
Fleischanteil, BF, %	63,9	1,98	55,2	2,12	60,9	1,93
Leitfähigkeit, Kotelett, 24 h p.m., mS/	5,9	2,92	2,6	0,82	3,4	1,31

Tabelle 4

Mittelwerte und Standardabweichungen der stationär erfassten Merkmale, getrennt nach Herkunft und MHS-Status (Means and standard deviations of traits from station test, divided into breed and MHS-status classes)

Datensatz MHS Status N	NN 78		Pi NP 569		PP 890		Pi*F1 NP*NN 338		PP*NN 715	
	\bar{x}	s	\bar{x}	s	\bar{x}	s	\bar{x}	s	\bar{x}	s
Merkmal										
Fleischanteil, FOM	59,2	2,31	60,2	2,20	61,6	2,42	57,9	2,43	57,9	2,74
AutoFOM										
Schinken, schier, kg	17,0	1,06	17,5	1,05	17,9	1,12	16,7	1,08	16,7	1,33
Schulter, schier, kg	7,5	0,43	7,6	0,41	7,7	0,36	7,5	0,34	7,5	0,38
Lachs, kg	6,5	0,50	6,7	0,46	6,8	0,50	6,4	0,45	6,4	0,48
Bauch, kg	12,8	0,81	13,0	0,71	13,1	0,60	13,2	0,58	13,2	0,62
Bauchfleischanteil,%	57,0	3,24	57,7	3,21	59,1	3,39	54,1	3,43	53,7	3,80
LPA										
Fleischanteil, BF, %	62,5	1,50	63,2	1,84	64,4	1,87	60,9	1,90	60,8	1,94
Leitfähigkeit, Kotelett, 24 h p.m., mS/	2,93	0,97	3,78	1,80	7,64	2,42	3,01	0,97	3,59	1,41
Tägl. Zunahme im Prüfabschnitt, g/Tag	773,2	79,5	795,0	73,8	792,3	79,3	838,3	78,5	845,3	82,4

Auswertungsmethodik

Die varianzanalytische Auswertung des Datensatzes erfolgte mit Hilfe der in Tabelle 5 beschriebenen multivariaten Mehrmerkmalsmodelle nach dem Prinzip der REML-Methode, implementiert im Programmpaket VCE 4.0 (GROENEVELD, 1996). Die Auswahl der fixen Effekte basierte auf Signifikanzergebnissen univariater Einmerkmalsanalysen mit relevanten fixen Modellfaktoren und dem zufälligen Effekt Vater. Diese Analysen wurden mit dem Programmpaket SAS (1996) und der Prozedur „Proc Mixed“ durchgeführt.

Tabelle 5

Auswertungsmodelle der Schlachtkörpermerkmale (Anzahl Faktorstufen) (Statistical models of carcass traits (Number of effect levels))

Datensatz	BHZZP	SNW	Station Pi	Station Mu	Station Pi*F1
Faktor					
Schlachtkörpergewicht, Kov.	√	√	√	√	√
Betrieb*Schlachtmontat, fix	√ (24)	√ (37)			
Geschlecht, fix	√ (2)	√ (2)			
Schlachtmontat			√ (21)	√ (21)	√ (21)
LPA, fix			√ (2)	√ (2)	√ (2)
Linie, fix	√ (2) ¹⁾			√ (4) ²⁾	
MHS Status, fix			√ (4) ³⁾		√ (2) ⁴⁾
Wurf	√ (399)	√ (563)	√ (930)	√ (669)	√ (568)
Tier	√ (2829)	√ (5006)	√ (6300)	√ (5982)	√ (4056)

¹⁾(Linie 65, 66, 67) ²⁾(DL, DE, DE*DL, DL*DE) ³⁾(NN, NP, PP, Unbekannt) ⁴⁾(PP*NN, NP*NN)

Die Analysemodelle des Merkmals Alter bei Mastende der beiden Produktionsdatensätze entsprechen - mit Ausnahme des Saison-effektes, der auf der Basis des Geburtsmonats der Schlachtschweine definiert wurde - den beschriebenen Modellen der Schlachtkörpermerkmale. Die Modelle des Merkmals Leitfähigkeit beinhalten neben den zufälligen Effekten Wurf, Tier und Fehler den Einflussfaktor Schlachttage * LPA als fixen Effekt. Insgesamt wurden bei den Datensätzen Pi, Mu und Pi*F1 148, 146 bzw. 128 Schlachttage berücksichtigt. Der Faktor Schlachtkörpergewicht blieb bei der Auswertung des stationär erfassten Merkmals Tägliche Zunahme im Mastabschnitt unberücksichtigt.

Um den Einfluss des MHS-Gens auf die geschätzten Parameter zu quantifizieren, blieb in einer zusätzlich durchgeführten Analyse der Pi- und Pi*F1-Stationsdaten der Modellfaktor MHS unberücksichtigt.

Ergebnisse

Produktionsdaten

Tabelle 6 beinhaltet die geschätzten Varianzverhältnisse der Merkmale der Produktionsdatensätze. Die größte Heritabilität besitzt in beiden Datensätzen der mit Hilfe des FOM-Sondengerätes geschätzte Fleischanteil. Mit Ausnahme des Merkmals Bauchfleischanteil befinden sich die Heritabilitäten der Auto-FOM-Schlachtkörpermerkmale auf einem niedrigeren Niveau. Unterschiede zwischen den beiden Datensätzen sind nur im Merkmal Lachs - mit erkennbar höheren Wert im Datensatz SNW - zu finden.

Im Merkmal Alter bei Mastende ist im Datensatz BHZP eine höhere Heritabilität verbunden mit niedrigeren Wurfumwelteffekten festzustellen. Möglicherweise ist diese Beobachtung durch unterschiedliche Produktionsbedingungen in den Testbetrieben der Zuchtorganisationen oder in varianzanalytischen Problemen in der Trennung von genetischen und wurfumweltbedingten Effekten zu suchen.

Tabelle 6

Genetische Parameter für unter Produktionsbedingungen erfasste Merkmale (Genetic parameters of traits from fattening herds)

Datensatz	BHZP			SNW		
	h^2	c^2	σ_a^2	h^2	c^2	σ_a^2
Merkmal						
Fleischanteil FOM-Sonde, %	,29 ± ,03	,05 ± ,02	2,101	,43 ± ,03	,04 ± ,01	3,283
AutoFOM						
Schinken, schier, kg	,15 ± ,03	,04 ± ,01	0,186	,23 ± ,03	,01 ± ,01	0,316
Schulter, schier, kg	,13 ± ,03	,02 ± ,01	0,015	,13 ± ,02	,03 ± ,01	0,017
Lachs, kg	,13 ± ,03	,04 ± ,01	0,025	,23 ± ,02	,02 ± ,01	0,044
Bauchfleischanteil, %	,27 ± ,03	,03 ± ,01	4,891	,31 ± ,03	,03 ± ,01	6,402
Bauch, kg	,15 ± ,03	,01 ± ,00	0,039	,09 ± ,03	,05 ± ,01	0,024
Alter, Tage	,24 ± ,03	,08 ± ,02	45,163	,13 ± ,01	,23 ± ,03	30,571

Die absoluten phänotypischen Korrelationen (r_p) zwischen dem FOM-Sonden-Fleischanteil und den AutoFOM-Schlachtkörpermerkmalen liegen in beiden Datensätzen zwischen 0,44 und 0,71 (Tab. 7). Geringfügig höher liegen - mit Ausnahme der Korrelation Schulter und Lachs ($r_p = 0,33$) - die phänotypischen Korrelationen zwischen den AutoFOM-Merkmalen. Nur sehr geringe phänotypische Beziehungen wurden zwischen den Schlachtkörpermerkmalen und dem Alter bei Mastende sowohl im BHZP- als auch SNW-Datensatz geschätzt.

Tabelle 7

Phänotypische Korrelationen zwischen Merkmalen, die unter Produktionsbedingungen erfasst wurden. 1. Zeile Datensatz SNW, 2. Zeile Datensatz BHZP (Phenotypic correlations between traits from fattening herds. 1st row dataset SNW, 2nd row dataset BHZP)

Merkmal	2	3	4	5	6	7	
Fleischanteil FOM-Sonde, %	1	,62 ,59	,49 ,49	,47 ,44	,71 ,69	-,47 ,47	,10 ,08
Schinken, schier, kg	2		,63 ,63	,68 ,65	,84 ,84	-,56 ,55	,04 ,03
Schulter, schier, kg	3			,33 ,33	,65 ,67	-,57 ,57	,09 ,07
Lachs, kg	4				,72 ,68	-,42 ,41	-,01 ,04
Bauchfleischanteil, %	5					-,65 ,66	,05 ,06
Bauch, kg	6						-,05 ,06
Alter, Tage	7						

Die geschätzten genetischen Beziehungen zwischen den AutoFOM-Merkmalen liegen

in beiden Datensätzen in der Regel deutlich über 0,9 (Tab. 8). Auf einem ähnlich hohen Niveau liegen die genetischen Korrelationen zwischen den AutoFOM- und FOM-Sondenmerkmalen im SNW-Datensatz, während im BHZP-Datensatz insbesondere zwischen dem Merkmal Lachs und FOM-Sonde vergleichsweise niedrigere Beziehungen geschätzt wurden.

Auf deutlich niedrigerem Niveau wurden die Beziehungen zwischen den Schlachtkörpermerkmalen und dem Alter bei Mastende geschätzt. Vergleicht man die beiden Datensätze, so fallen die unterschiedlichen Vorzeichen dieser Merkmalsbeziehungen auf. Ein frühes Mastende bei gegebenem Mastendgewicht lässt sich durch eine hohe Futtermittelaufnahme und/oder effiziente Futterverwertung erreichen. Eine effiziente Futterverwertung ist bei einem hohen Proteinansatzvermögen und damit verbunden verbesserter Schlachtkörperqualität zu erwarten. Zwischen Futtermittelaufnahme einerseits und Futterverwertung bzw. Schlachtkörperqualität andererseits wurden in der Literatur züchterisch unerwünschte Beziehungen erwähnt, die sich u. a. durch hormonelle Regelmechanismen erklären lassen. Die Frage, ob mit verbesserter Schlachtkörperqualität sich mehr die Futtermittelaufnahme reduziert oder sich die Futterverwertung stärker verbessert, ist vermutlich bei den beiden Produktionsdatensätzen unterschiedlich zu beantworten.

Tabelle 8

Genetische Korrelationen zwischen Merkmalen, die unter Produktionsbedingungen erfasst wurden. 1. Zeile Datensatz SNW, 2. Zeile Datensatz BHZP (Genetic correlations between traits from fattening herds. 1st row dataset SNW, 2nd row dataset BHZP)

Merkmal		2	3	4	5	6	7
Fleischanteil FOM- Sonde, %	1	,96 ,82	,99 ,87	,88 ,67	,98 ,83	-,98 -,75	-,20 ,13
Schinken, schier, kg	2		,96 ,97	,97 ,89	,99 ,99	-,91 -,94	-,13 ,28
Schulter, schier, kg	3			,87 ,72	,98 ,99	-,95 -,99	-,19 ,21
Lachs, kg	4				,95 ,84	-,80 -,77	,00 ,04
Bauchfleischanteil, %	5					-,95 -,97	-,14 ,22
Bauch, kg	6						,15 -,07
Alter, Tage	7						
Standardfehler	von	,02	,02	,05	,00	,00	,14
	bis	,04	,06	,10	,04	,09	,23

Stationsdaten

Bei allen analysierten Herkünften wurden hohe Heritabilitäten für die Merkmale Fleischanteil nach Bonner Formel und FOM-Sonde geschätzt (Tab. 9). Die geschätzten Erblichkeitsgrade der AutoFOM-Merkmale liegen bei den Mutterassen und Pi*F1-Schweinen auf einem geringfügig niedrigerem Niveau. Deutlich reduziert hingegen sind die geschätzten Heritabilitäten der AutoFOM-Merkmale bei der Rasse Pi. Sie erreichen bei keinem dieser Merkmale 20 %. Darüber hinaus führt bei Rasse Pi die

Berücksichtigung des Faktors MHS erwartungsgemäß zu einer deutlichen Verringerung der geschätzten genetischen Varianzen, mit Heritabilitäten von weniger als 10 %. Es ist demzufolge zu vermuten, dass nach der angestrebten Elimination des MHS-Stressgens P eine zufriedenstellende genetische Fundierung von AutoFOM-Merkmalen bei der Rasse Pi nicht gegeben ist. Verantwortlich hierfür könnte eine Einschränkung der genetischen Varianz von Schlachtkörpermerkmalen - verursacht durch die langandauernde intensive Selektion auf diesen Merkmalskomplex - sein. Die hohen Heritabilitäten des geschätzten Fleischanteils nach Bonner Formel und FOM-Sonde widersprechen allerdings dieser Hypothese. Die Entwicklung des AutoFOM-Gerätes orientiert sich hinsichtlich der Schlachtkörperqualität an dem Niveau von Produktionstieren. Es ist somit zu bezweifeln, ob die Messgenauigkeit des AutoFOM-Gerätes bei einem Fleischanteil des Schlachtkörpers von deutlich mehr als 65 % ausreicht, um sinnvolle Selektionsentscheidungen treffen zu können. Bei den Mutterlinien und Pi*F1-Schweinen hingegen stellen die AutoFOM-Meßergebnisse möglicherweise eine sinnvolle Alternative zur aufwendigen LPA-Schlachtkörperbeurteilung dar.

Tabelle 9

Genetische Parameter für stationär erfasste Merkmale. 1. Zeile Modell ohne fixen Modellfaktor MHS, 2. Zeile Modell mit fixem Modellfaktor MHS. (Genetic parameters for traits from station test. 1st row model without the fixed effect MHS, 2nd row model with fixed effect MHS)

Herkunft Merkmal	Pi			Mu			Pi*F1		
	h^2	c^2	σ_a^2	h^2	c^2	σ_a^2	h^2	c^2	σ_a^2
Fleischanteil, Bonner Formel, %	,70 ,41	,09 ,17	2,583 1,289	,64	,09	2,674	,61 ,62	,01 ,01	2,144 2,154
Fleischanteil, FOM-Sonde, %	,65 ,37	,03 ,09	2,879 1,360	,58	,12	6,434	,47 ,48	,03 ,04	2,521 2,548
Schinken, schier, kg	,15 ,07	,04 ,05	0,034 0,016	,40	,07	0,181	,19 ,19	,27 ,27	0,230 0,234
Lachs, kg	,14 ,09	,03 ,05	0,007 0,004	,42	,01	0,022	,20 ,21	,04 ,04	0,032 0,033
Schulter, schier, kg	,04 ,02	,07 ,07	0,001 0,001	,27	,10	0,013	,23 ,23	,01 ,01	0,018 0,018
Bauchfleischanteil, %	,19 ,10	,08 ,10	2,107 1,029	,59	,03	15,51	,40 ,40	,03 ,13	5,217 5,248
Bauch, kg	,06 ,06	,05 ,05	0,004 0,004	,30	,04	0,032	,05 ,06	,00 ,00	0,009 0,010
Tägl. Zunahme im Prüfabschnitt	,48 ,28	,12 ,12	2587 2630	,46	,11	3473	,55 ,55	,05 ,05	3198 3200
Leitfähigkeit, Kotelett, 24 h p.m.	,92 ,12	,00 ,16	7,026 0,486	,21	,01	0,120	,64 ,47	,01 ,04	1,003 0,690
Standardfehler von bis	,01 ,08	,00 ,03		,06 ,08	,02 ,04		,02 ,08	,02 ,04	

Die absoluten phänotypischen (Tab. 10) und genetischen Beziehungen (Tab. 11) sowohl zwischen den AutoFOM-Schlachtkörpermerkmalen als auch zwischen den Au-

toFOM-Merkmalen und dem Fleischanteil nach Bonner Formel liegen bei allen Herkünften überwiegend auf einem sehr hohen Niveau. Hiervon ausgenommen sind die vergleichsweise losen Beziehungen zwischen dem Merkmal Bauchgewicht und den übrigen Merkmalen bei der Rasse Pi. Die niedrige Heritabilität des Bauchgewichts bei der Rasse Pi ist bei der Interpretation dieses Ergebnisses zu berücksichtigen.

Tabelle 10

Phänotypische Korrelationen zwischen stationär erfassten Merkmalen. 1. Zeile Datensatz Pi, 2. Zeile Datensatz Mu, 3. Zeile Datensatz Pi*F1 (Phenotypic correlations between traits from station test. 1st row dataset Pi, 2nd row dataset Mu, 3rd row dataset Pi*F1)

Merkmal		2	3	4	5	6	7	8
Fleischanteil, Bonner Formel	(1)	,72	,40	,34	,23	,51	-,11	-,21
		,83	,72	,62	,55	,78	-,58	,01
		,77	,50	,43	,36	,63	-,25	-,19
Fleischanteil, FOM-Sonde	(2)		,40	,33	,28	,53	-,11	-,12
			,66	,59	,51	,73	-,55	-,00
			,48	,44	,46	,65	-,31	-,12
Schinken, schier	(3)			,68	,54	,74	-,06	-,07
				,67	,64	,85	-,61	,06
				,54	,54	,71	-,32	,03
Lachs	(4)				,27	,72	-,06	-,05
					,42	,76	-,50	,08
					,29	,71	-,34	-,01
Schulter, schier	(5)					,39	,03	-,10
						,70	-,62	,02
						,58	-,33	-,03
Bauchfleischanteil	(6)						-,39	-,10
							-,69	,05
							-,50	-,08
Bauch	(7)							,05
								,01
								,10
Tägl. Zunahme im Prüfabschnitt	(8)							

Die herkunftsspezifischen Beziehungen zwischen dem Merkmal tägliche Zunahme im Prüfungsabschnitt und den Schlachtkörpermerkmalen sind zum Teil widersprüchlich. Diese Beziehungen sind bei den Herkünften Pi und Pi*F1 antagonistisch ausgeprägt, während züchterisch erwünschte Beziehungen bei den Mutterlinien festzustellen sind. Wie bereits bei der Interpretation der Feldprüfergebnisse erwähnt, sind die wechselseitigen Beziehungen zwischen Futterverwertung, Futteraufnahme und Schlachtkörperqualität zur Erklärung der unterschiedlichen genetischen Korrelationsausprägung heranzuziehen.

Die genetische Beziehung zwischen den Fleischbeschaffenheits- und Schlachtkörpermerkmalen ist bei allen Herkünften züchterisch negativ ausgeprägt. Eine Berücksichtigung des Modellfaktors MHS-Status führt zwar bei der Rasse Pi zu einer Lockerung dieser unerwünschten Beziehung (Tab. 12); die geschätzten Korrelationen bei den Mutterlinien zeigen jedoch, dass trotz erfolgreicher MHS-Sanierung, die züchterische

Verbesserung der Schlachtkörperqualität nach wie vor eine Verschlechterung der Fleischbeschaffenheit zur Folge hat.

Tabelle 11

Genetische Korrelationen zwischen stationär erfassten Merkmalen. 1. Zeile Datensatz Pi, 2. Zeile Datensatz Mu, 3. Zeile Datensatz Pi*F1 (Genetic correlations between traits from station test. 1st row dataset Pi, 2nd row dataset Mu, 3rd row dataset Pi*F1)

Merkmal		2	3	4	5	6	7	8
Fleischanteil, Bonner Formel, %	(1)	,98	,99	,75	,99	,97	-,35	-,10
		,96	,96	,97	,92	,93	-,88	,24
		,86	,97	,81	,77	,86	-,99	-,51
Fleischanteil, FOM-Sonde, %	(2)		,99	,82	,99	,99	-,12	,01
			,88	,99	,80	,90	-,90	,02
			,99	,90	,95	,99	-,99	-,53
Schinken, schier, kg	(3)			,95	,99	,92	-,19	-,01
				,99	,98	,99	-,99	,35
				,99	,99	,99	-,99	-,78
Lachs, kg	(4)				,99	,86	-,29	,03
					,99	,96	-,94	,33
					,76	,95	-,99	-,45
Schulter, schier, kg	(5)					,99	-,89	-,62
						,99	-,97	,36
						,93	-,99	-,68
Bauchfleischanteil, %	(6)						-,28	-,09
							-,97	,30
							-,99	-,62
Bauch, kg	(7)							,27
								-,47
								,86
Tägl. Zunahme im Prüfabschnitt	(8)							
Standardfehler	von	,02	,00	,00	,00	,00	,00	,02
	bis	,03	,07	,11	,15	,07	,56	,90

Schlussfolgerungen

Zuchtwertschätzung (Top-Genetik) für Besamungseber

Die AutoFOM-Merkmale sind seit Beginn des Jahres 2000 im nordwestdeutschen Raum Grundlage des Bezahlungssystems (BEUCK, 1999). BRANSCHIEDT et al. (1997) zeigten in ihren Untersuchungen, dass der wahre Fleischanteil der Schlachtkörper mit dem AutoFOM-Klassifizierungssystem in zufriedenstellender Weise erfasst werden kann. Die ökonomische Relevanz der AutoFOM-Merkmale ist demnach unbestritten. Darüber hinaus ist - wie die oben genannten Untersuchungsergebnisse verdeutlichen - eine ausreichende genetische Fundierung der AutoFOM Prüfergebnisse von Produktionsschweinen gegeben.

Unter diesen Rahmenbedingungen hat sich die Besamungsstation GFS Ascheberg entschlossen, die im Rahmen der Feldprüfung erhobenen AutoFOM Merkmale zur genetischen Rangierung der Besamungseber zu nutzen. Auf der Basis der geschätzten ge-

Tabelle 12

Genetische (rg) und phänotypische (rp) Korrelationen zwischen stationär erfassten Schlachtkörpermerkmalen und der Leitfähigkeit, m. longissimus dorsi, 24 h p.m. mit (+) und ohne (-) Berücksichtigung des Modellfaktors MHS (Genetic (rg) and phenotypic (rp) correlations between carcass traits from station test and conductivity measured in the m. longissimus dorsi, 24 h p.m. with (+) and without (-) consideration of the model factor MHS)

Herkunft	Pi				Pi*F1			
	rp		rg		rp		rg	
Merkmal	-MHS	+MHS	-MHS	+MHS	-MHS	+MHS	-MHS	+MHS
Modell								
Fleischanteil, BF	,34	,18	,53	,30	,23	,22	,26	,38
Fleischanteil, FOM	,37	,19	,55	,02	,17	,17	,32	,43
Schinken, schier	,20	,13	,47	-,27	,14	,11	,46	,54
Lachs	,13	,09	,27	,21	,12	,12	,50	,67
Schulter, schier	,14	,08	,87	,02	,13	,06	,13	,16
Bauchfleischanteil	,20	,10	,44	-,26	,16	,10	,18	,29
Bauch	,02	-,00	,27	-,17	-,12	-,04	-,59	-,97
Tägl. Zunahme im Prüfab-schnitt	-,03	-,07	,05	-,22	-,05	-,13	,18	,11
Standardfehler	von		,06	,10			,08	,00
	bis		,39	,34			,70	,17

netischen Parameter wurde ein entsprechendes Zuchtwertschätzmodell für die beiden Zuchtorganisationen BHZP und SNW entwickelt (BRANDT und THOLEN, 2000). In Zukunft sollen für alle Endprodukteher die Zuchtwerte für die in Tabelle 13 aufgeführten Einzelmerkmale ausgewiesen werden. Das multivariate Auswertungsmodell beinhaltet die bei der Parameterschätzung dargestellten Einflussfaktoren (Tab. 5). Die angegebene relative Gewichtung der AutoFOM-Merkmale entspricht dem derzeitigen Handelswert der jeweiligen Teilstücke.

Tabelle 13

Merkmale und deren relative Gewichtung in der Zuchtwertschätzung von Besamungsebern (Traits and their relative weightings in the estimation of breeding value of AI boars)

Merkmale	Relative Gewichtung für den Gesamtzuchtwert
FOM – Muskelfleischanteil (Sonde)	
AutoFOM, Lachs, kg	100
AutoFOM, Schinken, kg	70
AutoFOM, Schulter, kg	55
AutoFOM Bauchfleischanteil, %	
Bauchgewicht, kg	25 – 35 (abhängig vom Bauchfleischanteil)
Alter bei Mastendgewicht, Tag	5

In der Übergangsphase wird man im nordwestdeutschen Raum eine Mischsituation vorfinden, in der Form, dass von den Besamungsebern teilweise Nachkommen mit AutoFOM und/oder FOM-Sonde-Messungen vorliegen werden. Es wird in der Umstellungsphase auch weiterhin Produzenten geben, die entweder nach AutoFOM oder FOM vermarkten. Daher erscheint es notwendig, für alle Eber Zuchtwerte für beide Klassifizierungssysteme zu schätzen.

Das von BEUCK (1999) vorgeschlagene Abrechnungssystem besitzt als wichtige Komponenten Ober- und Untergrenzen für die Teilstücke Schinken und Lachs. Folglich ist die produktionstechnische Steuerung des Mastendgewichts von großer Bedeu-

tung. Der Zuchtwert Alter bei durchschnittlichem Mastendgewicht zeigt züchterische Wege auf, die Mastdauer und das Mastendgewicht zu beeinflussen. Die relative Gewichtung des Alters entspricht einem Grenznutzen von ca. 0,45 DM pro Tag.

Für die Eberrangierung der TOP-Genetik-Programme wird der Gesamtzuchtwert herangezogen, der auf ein Mittel von 100 und eine Standardabweichung von 20 Punkten standardisiert wird. Neben den Naturalzuchtwerten werden auch die Anzahl an Nachkommen eines jeden Ebers angegeben, von denen der FOM-Magerfleischanteil bzw. AutoFOM-Ergebnisse vorliegen. Zusätzlich zu den tabellarisch aufgeführten Zuchtwerten (Gesamtindex, naturale Teilzuchtwerte) werden alle Einzelzuchtwerte relativ zueinander (in Einheiten der genetischen Standardabweichung) in Form eines Balkendiagramms dargestellt (Abb.). Die Darstellung des Merkmals Alter bei Mastende erfolgt im züchterischen Sinne. Mit Hilfe dieser Graphiken wird dem Produzenten die Möglichkeit gegeben, Eber auszuwählen, die besondere Überlegenheit in einzelnen Merkmalen zeigen, und damit eine eigene Gewichtung eines Gesamtzuchtwertes vornehmen zu können.



Abb.: Balkendiagramme der Zuchtwertschätzergebnisse für Besamungseber (Diagrams of estimated breeding values of AI-Boars)

Stationsprüfung

Die züchterischen Aktivitäten in den Basiszuchtbetrieben der nordrhein-westfälischen Herdbuchbetriebe basieren auf den Ergebnissen der stationär durchgeführten Leistungsprüfung. In der vorliegenden Untersuchung wurden straffe genetische Beziehungen zwischen dem stationär erfassten Merkmal Fleischanteil Bonner Formel und den AutoFOM-Merkmalen geschätzt. Das stationär erfasste Merkmal Fleischanteil Bonner Formel ist demzufolge erkennbar geeignet, die AutoFOM-Merkmale züchterisch zu verbessern. Die Zuverlässigkeit der AutoFOM-Merkmale zur Beurteilung des Handelswertes wurde in der Untersuchung von BRANSCHIED et al. (1997) bestätigt. Darüber hinaus ist bei den Herkünften Pi*F1 sowie den Mutterlinien eine ausreichende genetische Fundierung gegeben, so dass aus Kostengründen das AutoFOM-Meßprinzip als Alternative der aufwendigen Stationsprüfung angesehen werden kann. Nachteilig an einer solchen Vorgehensweise ist jedoch die Abhängigkeit der objektiven Leistungsprüfung von dem Anbieter automatisierter Klassifizierungsgeräte. Eine längerfristig, nach festgelegten Richtlinien kontinuierlich durchgeführte Leistungsprüfung kann demnach nicht garantiert werden.

Die Ergebnisse unserer Untersuchungen zeigen, dass die AutoFOM-Merkmale bei den Pi-Reinzuchtieren deutlich niedrigere Erblichkeitsgrade aufweisen. Möglicherweise ist die genetische Variation aufgrund der intensiven Selektion der Pi-Eber bereits eingeschränkt. Wahrscheinlicher ist jedoch, dass die Genauigkeit des AutoFOM-Gerätes bei Magerfleischanteilen von mehr als 65 % für Selektionsentscheidungen nicht mehr ausreicht. Hieraus folgt, dass eine Verbesserung der Schlachtkörperqualität bei den Pi-Reinzüchtern zur Zeit nur mit Hilfe von stationären Prüfergebnissen möglich erscheint.

Einschränkend sei jedoch darauf hingewiesen, dass die s.g. Bonner Formel zur Abschätzung des Fleischanteils vor ca. 15 Jahren entwickelt wurde. Inzwischen hat sich sowohl die Prüfmethodik und (Erhöhung des Schlachtendgewichts von 80 kg auf 85 kg, Prüfung von Börgen bei den Mutterlinien) als auch der Genotyp der marktüblichen Herkünfte wesentlich verändert, so dass eine Überprüfung dieser Formel zur Abschätzung des wahren Fleischanteils bzw. Handelswertes notwendig erscheint.

Literatur

- ALZ, 1999:
Richtlinie für die Stationsprüfung auf Mastleistung, Schlachtkörperwert und Fleischbeschaffenheit beim Schwein. Zentralverband der Deutschen Schweineproduktion; Ausschuss für Leistungsprüfung und Zuchtwertschätzung. (1999)
- BEUCK, J.:
Abrechnungsmodell nach Handelswert – Autofom macht es möglich. Schweinezucht und Schweinemast, 47 (1999) 5, 44-47
- BRANSCHIED, W.; DOBROWOLSKI, A.; HÖRETH, R.:
Bestimmung der Handelsklassen und des Handelswertes von Schweinehälften mit dem Gerät Autofom. Fleischwirtschaft, 77 (1997), 619-622
- BRANSCHIED, W.; DOBROWOLSKI A.:
Evaluation of market value; comparison between different techniques applied on park carcasses. Arch. Tierz., Dummerstorf 43 (1999), 131-137
- BRANDT, H.; THOLEN, E.:
Top-Genetik nach Umstellung auf Autofom, Top Genetik GFS Ascheberg, 4 (2000), 60-62
- BRØNDUM, J.; EGBO, M.; AGERSKOV, C.; BUSK, H.:
On-line pork carcass grading with the Autofom Ultrasound system. J. Ani. Sci. 76 (1998), 1859-1868
- GROENEVELD, E.:
REML VCE, a multivariate multi model restricted maximum likelihood (co)variance estimation package, version 4.0, User's Guide, (1996)
- SAS:
SAS User's Guide: Statistics Version 6th Edition. SAS Inst. Inc., Cary, N.C., USA, (1996)

Eingegangen: 23.08.2000

Akzeptiert: 16.11.2000

Anschriften der Verfasser

Dr. ERNST THOLEN, Prof. Dr. KARL SCHELLANDER
Institut für Tierzuchtwissenschaft der
Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn
Endenicher Allee 15
D-53115 Bonn

Dr. HUBERT HENNE
Züchtungszentrale
Deutsches Hybrid-
schwein
Postfach 3040
D-21320 Lüneburg

PD Dr. HORST BRANDT
Institut für Tierzucht und Haustiergenetik
Der Universität Göttingen
Albrecht-Thaer-Weg 3
D-37075 Göttingen

Dr. FRANZ-JOSEF STORK
Schweinezüchterverband
Nord-West
Engelstraße 50
D-48143 Münster

Buchbesprechung

Schweineproduktion 1999 in Deutschland (Ausgabe 2000)

Bearb. von: EVA MARIA GATZKA, KLEMENS SCHULZ, DR. JENS INGWERSEN
Hrsg.: Zentralverband der Deutschen Schweineproduktion e.V. (ZDS), Bonn, 2000

164 Seiten, 81 Tabellen, ISSN 0179-1001, 17,- DM

Mit dieser 47. Ausgabe der bewährten Jahresdokumentation informiert der Zentralverband der Deutschen Schweineproduktion über die aktuelle Entwicklung der Schweineproduktion in Deutschland und der Europäischen Gemeinschaft sowie den Leistungsstand der organisierten deutschen Schweinezucht und -produktion. Es stimmt hoffnungsvoll, dass trotz des noch nicht überwundenen Preistiefs, was sich besonders in den Ferkel- aber auch den Schlachtierpreisen ausdrückt, ein merkbarer Anstieg der Schweineschlachtungen aber auch des Schweinefleischverbrauches/Kopf bei gesunkenen Verbraucherpreisen abzeichnete. Fortgesetzt hat sich der Rückgang in der Anzahl der Schweine haltenden Betriebe bei gleichzeitigem Anstieg der Anzahl gehaltener Schweine bzw. Zuchtsauen je Betrieb. Als Ausdruck der Marktentwicklung ein erwarteter, zunehmender Konzentrationsprozeß, verursacht durch steigenden Kostendruck auf die Betriebe. Sowohl die Buchabschnitte zur Leistungsprüfung der verschiedenen Rassen und Kreuzungen als auch der Berichterstattung über die Ergebnisse der Arbeit der Erzeugerringe, dokumentieren den hohen Leistungsstand, welcher in der deutschen Schweinezucht und -produktion erreicht wurde. Den Realitäten Rechnung tragend wurde in diesen Bericht neu der Abschnitt über die Zuchtunternehmen und sonstigen Zuchtorganisationen aufgenommen. Die im letzten Buchteil enthaltenen vergleichenden Analysen, insbesondere die Ergebnisse der Wirtschaftlichkeitskontrolle bei Ferkeln und Mastschweinen, verdeutlichen die Notwendigkeit Wege zur weiteren betrieblichen Kosteneinsparungen zu suchen und durch Nutzung inner- und überbetrieblicher Reserven, die Wirtschaftlichkeit der Schweinehaltung zu verbessern.

In übersichtlichen Tabellen wurde ein sehr umfangreiches und informatives Datenmaterial zusammengestellt. Es vermittelt Informationen zu folgenden Komplexen:

- Markt für Schweine und Schweinefleisch in Deutschland
- Markt für Schweine und Schweinefleisch in der EU und Drittländern
- Produktion von Schweinen in Deutschland
- Produktion von Schweinen und Schweinefleisch in der EU und Drittländern
- Schweinezucht in Deutschland
- Zuchtunternehmen und sonstige Zuchtorganisationen
- Leistungsprüfungen in der Schweinezucht
- Künstliche Besamung beim Schwein
- Schweineerzeugerringe in Deutschland

Dem Tabellenwerk ist eine in deutscher, englischer und französischer Sprache verfaßte tabellarische Kurzinformation der wichtigsten Buchinhalte vorangestellt. Ein Anschriftenverzeichnis aller ZDS-Mitgliedsorganisationen beschließt dieses Buch. Die vorliegende Jahresdokumentation der Deutschen Schweineproduktion ist nicht nur für alle Schweinehalter, Zuchtverbände, -unternehmungen, Lehr- und Forschungsanstalten ein unentbehrliches Arbeitsmaterial, sondern auch für alle die Schweine- und Tierproduktion tangierenden Entscheidungsträger in der Wirtschaft und Verwaltung.

ERNST RITTER, Dummerstorf

Dieses Buch kann gegen eine Schutzgebühr von 17,- DM (Ausland 20,- DM) beim ZDS e.V. Adenauerallee 174, 53113-Bonn bestellt werden.

Tel.: 0228/9144740, Fax.: 0228/211777, e-mail: info@ZDS.Bonn.de