

Aus dem Institut für Tierzucht und Tierhaltung mit Tierklinik der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg¹⁾ und der Sächsischen Landesanstalt für Landwirtschaft, Köllitsch²⁾

ANDRIANA MICHAILOWSKAJA¹⁾, NORBERT MIELENZ¹⁾, LUTZ SCHÜLER¹⁾,
UWE BERGFELD²⁾ und ULF MÜLLER²⁾

Schätzung genetischer Parameter an einem Datenmaterial der Sächsischen Rinderpopulation

Herrn Prof. Dr. Dr. h. c. Hans Joachim Schwark zum 75. Geburtstag gewidmet

Summary

Title of the paper: Estimation of genetic parameters in the dairy cattle population of Saxonia
Population-genetic parameters of the dairy cattle population of Saxonia have been examined. The estimated heritabilities for milk quantity range between 0.35 and 0.42, for fat content between 0.48 and 0.55 and for protein content between 0.52 and 0.57. Higher heritabilities were found for 1st than for subsequent lactations. The genetic correlations between milk quantity and the fat and protein contents were significantly negative for all lactations, likewise between protein content and the protein quantity. The correlation between fat content and fat quantity has been slightly positive ($r_g=0.08$). The analysis of genetic trends revealed a substantial increase in quantity traits, whereas a negative trend has been observed for the milk content merits.

Key Words: heritability, genetic correlations, milk quantity traits, milk content merits, lactations

Zusammenfassung

Untersucht wurden die populationsgenetischen Parameter der Milchrinderpopulation Sachsens. Die am vorliegenden Material geschätzten Heritabilitäten befinden sich für Milchmenge im Bereich von 0,35 – 0,42, für Fett% im Bereich von 0,48 – 0,55 und für Eiweiß% im Bereich von 0,52 – 0,57. Für die 1. Laktation wurden höhere Heritabilitäten als für die nachfolgenden Laktationen gefunden. Die genetischen Korrelationen zwischen der Milchmenge und dem Fett- und Eiweißgehalt bleiben für alle Laktationen deutlich negativ, ebenso zwischen dem Eiweißgehalt und der Eiweißmenge. Schwach positiv korrelieren der Fettgehalt und die Fettmenge ($r_g=0,08$).

Aus der Analyse des genetischen Trends ist eine deutliche Erhöhung bei den Mengenmerkmalen in den letzten 10 Jahren ersichtlich, während für die Milchinhaltsstoffe ein negativer Trend zu beobachten ist.

Schlüsselwörter: Heritabilität, genetische Korrelationen, Milchmengenmerkmale, Milchinhaltsstoffe, Laktationen

1. Einleitung

Um einen gewünschten Zuchtfortschritt in möglichst vielen Merkmalen erreichen zu können, muß jegliche züchterische Entscheidung auf den Kenntnissen der populationsgenetischen Parameter basieren. Die Heritabilitäts- und Korrelationskoeffizienten sind allerdings zeit- und populationspezifische Größen, die regelmäßig überprüft werden sollten.

Eine große Rolle bei der Ausprägung populationsgenetischer Parameter spielen nicht nur biologisch determinierte Zusammenhänge, sondern auch die Ausrichtung der Zucht in den selektierten Populationen. Unter Berücksichtigung negativer Zusammen-

hänge zwischen den Mengen- und Inhaltsmerkmalen ist zu erwarten, dass bei einer einseitigen Ausrichtung der Zucht auf die Menge sich somit die Inhaltsstoffe verschlechtern und umgekehrt.

Aufgrund der Analyse des aktuellen Standes weisen DIERS und HOELTJE (1993), SWALVE (1993) sowie DOPP u.a. (1997) auf die Notwendigkeit hin, beim Zuchtziel die genetischen Beziehungen zwischen den Merkmalen zu berücksichtigen, um den negativen Trend für die Inhaltsstoffe zu reduzieren und gleichzeitig wirtschaftliche Vorgaben zu berücksichtigen.

Es ist zu beachten, dass in einer Population mehrere Zuchtgebiete vorhanden sein können, die sich in Betriebsstruktur, genetischen, phänotypischen und anderen Faktoren unterscheiden, was sich unmittelbar auf die populationsgenetischen Parameter auswirkt. In der Zuchtarbeit ist es daher erforderlich, die Parameterschätzung an einem repräsentativen Material durchzuführen, um entsprechende Analysen und züchterische Maßnahmen in den einzelnen Zuchtgebieten realisieren zu können.

Der vorliegende Beitrag beschäftigt sich mit der Ermittlung populationspezifischer Werte am Datenmaterial der Milchrindpopulation Sachsens der letzten Zuchtjahre. Die genetischen Parameter werden für die 5 Merkmale der Milchleistung geschätzt.

2. Datenmaterial und Methode

Für die Arbeit standen die auf 305 Tage korrigierten Laktationsleistungen von Kühen der Rasse Deutsche Schwarzbunte bzw. Deutsche Holstein-Friesian zur Verfügung, erbracht im Zeitraum 1995 bis 1998. Von jedem Tier mit Eigenleistung wurden maximal 2 Vorfahrengenerationen als Abstammungsinformation zum Aufbau der verwandtschaftlichen Beziehungen zwischen allen Tieren verwendet. Die Daten wurden dankenswerter Weise von der Sächsischen Landesanstalt für Landwirtschaft zur Verfügung gestellt. Berücksichtigt wurden nur die Ergebnisse der Milchleistungsprüfung, die Mindestanforderungen an die Datenqualität erfüllten, vor allem an die notwendigen Informationen zur Korrektur auf systematische Umwelteinflüsse und hinsichtlich der Zuverlässigkeit der Abstammung.

Die Ansätze, alle vorhandenen Daten in Modellrechnungen einzubeziehen, zeigten, dass die Lösung umfangreicher Gleichungssysteme aufgrund der großen Anzahl der Tiere nicht realisierbar war. Die Arbeit wurde an einem geeigneten, repräsentativen Teilmaterial durchgeführt.

Als Lösungsansatz für die Datenreduktion bot sich hierfür die Aufteilung der Daten nach repräsentativen Regionen an mit nachfolgender Eliminierung einiger Regionen. Die gesamte Datenbank der Rinderpopulation Sachsens umfasste Milchrinder aus vier verschiedenen Zuchtgebieten. In Abstimmung mit der Sächsischen Landesanstalt für Landwirtschaft wurde entschieden, weitere Untersuchungen auf die in der Region Chemnitz-Zwickau-Plauen erfassten Leistungen zu beschränken. Nach der Aufbereitung der Daten und der Prüfung auf Plausibilität sowohl der Leistungs- als auch der Pedigreeinformationen verblieben nur Kühe mit vollständigen ersten bis dritten Laktationen für die Auswertung.

Ausgehend von den verfügbaren Rechner- und Softwarekapazitäten konnten somit 175 591 Datensätze für die im Rahmen der Arbeit durchzuführenden Untersuchungen genutzt werden. Die gesamte Anzahl der Tiere betrug 262 758, darunter waren 70 956 Kühe mit mindestens einer Laktation, 191 445 Kühe ohne Eigenleistung und 357 Bullen.

3. Genetisch-statistisches Modell

Eine wichtige Voraussetzung für die wirksame Schätzung von Zuchtwerten ist eine weitgehende Ausschaltung von systematischen Umwelteffekten, welche die Leistungsausprägung der Tiere neben den genetischen Komponenten beeinflussen. Zur Bewertung der im vorliegenden Material zu berücksichtigten Störgrößen wurde eine Varianzanalyse unter Nutzung der Prozedur „mixed“ des Programmpaketes SAS (SAS INSTITUTE; 1994) und eine Häufigkeitsanalyse der Datensätze über die Stufen der Effekte durchgeführt. Als statistisch signifikant erwiesen sich folgende Effekte: Betrieb, Kalbejahr, Kalbesaison, Service-Periode und Kalbealter.

Eine übliche Vorgehensweise in der Milchrinderzucht ist die Berücksichtigung von Wechselwirkungen, welche insbesondere zwischen den Faktoren Betrieb, Kalbejahr und Kalbesaison auftreten. Durch die Kombination dieser 3 Effekte zu einem neuen gemeinsamen Blockeffekt wurden im Modell mögliche Interaktionen berücksichtigt.

Beim vorhandenen Datenmaterial handelt es sich um die Bullen und Kühe der SMR-Züchtung und ihren Einkreuzungen mit der Holsten-Friesian-Rasse. Die genetischen Differenzen zwischen verschiedenen Herkünften wurden durch die Bildung genetischer Gruppen erfasst.

Zur Realisierung der Aufgabenstellung wurde ein Mehrmerkmals-Tiermodell herangezogen.

$$y_{ijk} = \mu_k + BJS_{ik} + \sum_{l=1}^n t_{jl} g_{lk} + a_{jk} + b_{1k} \cdot x_{KA} + b_{2k} \cdot x_{SP} + e_{ijk}$$

Hier sind:

y_{ijk} = Leistung von Tier j in Betrieb*Kalbejahr*Kalbesaison-Klasse i mit den Gruppenanteilen t_{jl} ($l = 1, \dots, n$ und n =Anzahl der genetischen Gruppen) für das Merkmal k

BJS_{ik} = Betrieb*Kalbejahr*Kalbesaison-Effekt (fix)

g_{lk} = Effekt der genetischen Gruppe l (fix)

a_{jk} = additiv-genetischer Effekt von Tier j (zufällig)

b_{1k}, b_{2k} = Regressionskoeffizienten

x_{KA} = Kovariable für das Kalbealter

x_{SP} = Kovariable für die Service-Periode

e_{ijk} = zufälliger Resteffekt

4. Rechentechnische Umsetzung

Die Plausibilitätskontrolle und die statistischen Auswertungen wurden hauptsächlich am Institut für Tierzucht und Tierhaltung der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg durchgeführt.

Das Datenmaterial wurde in Form einer Access-Datenbank zur Verfügung gestellt. Ebenso im Rahmen der Access-Anwendungen erfolgten notwendige Vorbereitungen

zur Modellrechnung (Plausibilitätskontrolle der Rohdaten, Vorbereitung von Textdateien (ASCII-Dateien)).

Zur Schätzung der Varianzkomponenten wurde das REML-Verfahren (Restricted Maximum-Likelihood; PATTERSON und THOMPSON, 1971) unter Verwendung des Programmpaketes VCE 4.0 (GROENEVELD, 1998) genutzt. Die REML-Schätzungen erfolgten mittels Tiermodell für alle fünf Milchleistungsmerkmale auf einer Workstation des Institutes für Tierzucht und Tierverhalten in Mariensee mit folgender technischer Charakteristik:

Prozessorarchitektur: Alpha EV 67 DP 264

Prozessortaktfrequenz: 667 MHz

Hauptspeicher: 4 GB.

Von den 4 Gigabyte Hauptspeicher wurden rund 1,4 GB für die Programmabarbeitung benötigt.

5. Ergebnisse und Diskussion

Das in den Untersuchungen verwendete Datenmaterial wird durch die in Tabelle 1 aufgelisteten statistischen Maßzahlen charakterisiert. Dargestellt ist das mittlere Leistungsniveau anhand von absoluten Werten für alle erfassten Milchleistungsmerkmale.

Tabelle 1

Mittlere Werte für die Leistungsmerkmale nach Laktationen (\bar{x} - Mittelwerte, SD - Standardabweichungen, CV% - Variationskoeffizienten) (Mean values of performance traits for lactations)

	1. Laktation			2. Laktation			3. Laktation		
	\bar{x}	SD	CV%	\bar{x}	SD	CV%	\bar{x}	SD	CV%
Milch-kg	5 551	1 086	20	6 486	1 404	22	6 968	1 466	22
Fett-%	4,44	0,47	11	4,43	0,52	12	4,46	0,53	12
Eiweiß-%	3,48	0,21	6	3,50	0,23	7	3,47	0,24	7
Fett-kg	245	45,7	19	285	58,8	21	308	63,3	20
Eiweiß-kg	193	36,6	19	226	45,8	20	241	47,6	20

Wie zu erwarten ist, weisen die Mengenmerkmale eine deutlich höhere Variation auf als die Gehaltswerte. Aus Tabelle 1 ist der Einfluss der Laktationsnummer auf die Variabilität der Merkmale zu erkennen. Von der ersten zur dritten Laktation steigt der Variationskoeffizient je nach Merkmal zwischen 1 und 2 %.

Die Ergebnisse der Heritabilitätsschätzung für alle 5 Leistungsmerkmale sind in Tabelle 2 dargestellt.

Die geschätzten Parameter zeigen im Vergleich zu einigen Literaturwerten (SWALVE, 1995; BRADE und GROENEVELD, 1995a; BRADE und GROENEVELD, 1995b; BRADE, 1996; BAFFOUR-AWUAH et al., 1996; KLUNKER, 1999; TAWFIK et al., 2000) leicht höhere Heritabilitätskoeffizienten. Dies ist möglicherweise auf die Unterschiede zwischen den verwendeten Schätzverfahren und populationspezifischen Faktoren (Produktionsniveau und genetische Struktur) des Datenmaterials zurückzuführen. Aus den Heritabilitätsschätzungen am untersuchten Datenmaterial ist abzuleiten, dass für die Milch-, Fett- und Eiweißmengenleistung mit einem h^2 -Wert von etwa 0,194 – 0,421, für den Fettgehalt von etwa 0,477 – 0,545 und für den Eiweißgehalt von etwa 0,518 – 0,573 zu rechnen ist.

Tabelle 2

Heritabilitätskoeffizienten der Leistungsmerkmale geschätzt für 1., 2. und 3. Laktation (Heritabilities of the traits estimated for the 1., 2. and 3. lactation)

Merkmale	1. Laktation	2. Laktation	3. Laktation
Milch-kg	0,421	0,380	0,345
Fett%	0,545	0,488	0,477
Eiweiß%	0,573	0,521	0,518
Fett-kg	0,280	0,247	0,194
Eiweiß-kg	0,334	0,317	0,294

Über die Laktationen hinweg wird ersichtlich, dass die Heritabilitäten der 1. Laktation die höchsten Werte gegenüber weiteren Laktationen aufweisen, was im wesentlichen mit den Untersuchungen anderer Autoren (ZELFEL, 1981; REENTS, 1992) übereinstimmt. Dies wird meist dadurch erklärt, dass mit zunehmender Laktationsnummer die genetische Varianz nahezu gleich bleibt, während die phänotypische (zusätzlich umweltbedingte) ansteigt. Dies führt dazu, dass die Heritabilitäten in der zweiten und dritten Laktation niedriger werden. Bei der Fettmenge z.B. verringern sich die h^2 -Werte von der ersten zur dritten Laktation von $h^2 = 0,280$ auf $h^2 = 0,194$. Bei Eiweißmenge sinken sie ebenfalls von der ersten zur dritten Laktation von $h^2 = 0,334$ auf $h^2 = 0,294$.

In der Zuchtarbeit ist von großer Bedeutung, wie die Merkmale voneinander abhängen, um durch Selektion einen gewünschten Zuchtfortschritt erreichen zu können. Die Ergebnisse der Schätzung genetischer Korrelationen zwischen den Merkmalen spiegeln allgemein bekannte Tendenzen wieder und stimmen mit den Untersuchungen anderer Autoren (TEEPKER, 1988; REENTS, 1992; SWALVE, 1993) überein (Tab. 3).

Tabelle 3

Genetische (oberhalb der Diagonale) und phänotypische (unterhalb der Diagonale) Korrelationen zwischen den Milchleistungsmerkmalen. In der 1. Zeile - für die 1. Laktation, in der 2. Zeile - für das Mittel aus 1. bis 3. Laktation (Genetic (above diagonals) and phenotypic (below diagonals) correlations amongst milk yields)

Merkmal	Milch-kg	Fett-%	Eiweiß-%	Fett-kg	Eiweiß-kg
Milch-kg		-0,658	-0,651	0,691	0,921
		-0,648	-0,592	0,710	0,920
Fett-%	-0,310		0,753	0,082	-0,436
			0,743	0,012	-0,415
Eiweiß-%	-0,276	0,557		-0,147	-0,305
				-0,103	-0,232
Fett-kg	0,856	0,211	0,007		0,792
					0,809
Eiweiß-kg	0,955	-0,155	0,012	0,895	

Die genetischen Beziehungen zwischen Mengenkriterien und Gehaltsmerkmalen sind insgesamt als negativ anzusehen. Zwischen der Milchmenge und dem Fett- bzw. Eiweißgehalt liegen die Werte im Bereich von -0,592 bis -0,658. Die phänotypischen Korrelationen zwischen den Mengenmerkmalen einerseits und den Gehaltswerten andererseits sind entweder ebenfalls negativ oder schwach positiv. Erwähnenswerte

Unterschiede gibt es bei den genetischen Korrelationen des Eiweißgehaltes zur Eiweißmenge gegenüber den Abhängigkeiten von Fettgehalt und Fettmenge. Letztere betragen 0,082 bis 0,091 und sind damit schwach positiv während die genetischen Korrelationen zwischen Eiweißgehalt und Eiweißmenge durch engere aber negative Werte ($r_g = -0,232$ und $-0,305$) gekennzeichnet sind. Von ERNST (1986) wurden ebenfalls enge negative genetische Korrelationen zwischen den Mengen- und Gehaltsmerkmalen am Datenmaterial russischer Schwarzbunter ermittelt.

Die genetischen Korrelationen zwischen der Milchmenge einerseits und den Fett- und Eiweißmengen sind positiv, was auf eine Autokorrelation zurückzuführen ist. Weiter ist sichtbar, dass die beiden Mengenmerkmale ebenso miteinander positiv korreliert sind ($r_g = 0,792$ und $0,809$).

Durch Einbeziehung der 2. und 3. Laktation über Mittelwertbildung ändern sich die Beziehungen zwischen den Merkmalen kaum. Somit gibt es nur geringe Unterschiede zwischen den Korrelationen, berechnet für die 1. Laktation und für das Mittel aus der 1. bis 3. Laktation.

Tabelle 4

Genetische (oberhalb der Diagonale) und phänotypische (unterhalb der Diagonale) Korrelationen zwischen den Milchleistungsmerkmalen für die 3. Laktation (Genetic (above diagonals) and phenotypic (below diagonals) correlations amongst milk yields in the 3. lactation)

	Milch-kg	Fett-%	Eiweiß-%	Fett-kg	Eiweiß-kg
Milch-kg		-0,652	-0,479	0,650	0,869
Fett-%	-0,412		0,707	0,041	-0,353
Eiweiß-%	-0,320	0,650		0,067	0,010
Fett-kg	0,756	0,160	-0,109		0,778
Eiweiß-kg	0,857	-0,090	0,085	0,910	

Die Analyse der deutlich von der 1. bis zur 3. Laktation abfallenden Heritabilitäten (Tab. 2) und der für die unterschiedlichen Laktationen gemessenen Korrelationskoeffizienten (Tab. 3) zeigt, dass sich die Kovarianzen parallel verändern, so dass die Korrelationen in etwa gleich bleiben. Dies beweisen auch die in Tabelle 4 angeführten Korrelationskoeffizienten der Milchleistungsmerkmale für die 3. Laktation, die sich nur gering von denen der 1. Laktation unterscheiden.

Wesentliches Kriterium des Erfolges ist der realisierte züchterische Fortschritt, der mit Hilfe von gemischten linearen Modellen (Tiermodell) frei von möglichen Verzerrungen geschätzt werden kann. Zu diesen Verzerrungen gehören Wirkungen der nichtgenetischen Störgrößen einerseits, andererseits aber auch das komplexe Zusammenwirken von Selektion, möglicher Inzucht und genetischer Drift.

Auf der Basis der jeweils vollständigen Modelle wurden für alle betrachteten Merkmale Trendschätzungen vorgenommen (Abb.). Die Verteilung der Elterntiere auf die Geburtsjahre ist bei MICHAILOWSKAJA (2001) zu finden.

Bei den Mengenmerkmalen ist zwischen den Geburtsjahren 1982 und 1995 eine steigende Tendenz zu beobachten. Die Auswertung verdeutlicht den Leistungsanstieg 1991 – 1993, was sowohl auf die verbesserten Fütterungs- und Haltungsbedingungen als auch des genetischen Potentials zurückzuführen ist.

Für Eiweiß- und Fettgehalt sind zwei Leistungssteigerungen zu verzeichnen – 1986 und 1990. Mögliche Ursache könnte sein, dass sich die praktische Zuchtarbeit seit Beginn der 80er Jahre mit der Erhöhung der Milchinhaltsstoffe befasste. Ab 1993 sinken jedoch die Zuchtwerte für diese Merkmale bei gleichzeitiger Steigerung der Mengenmerkmale.

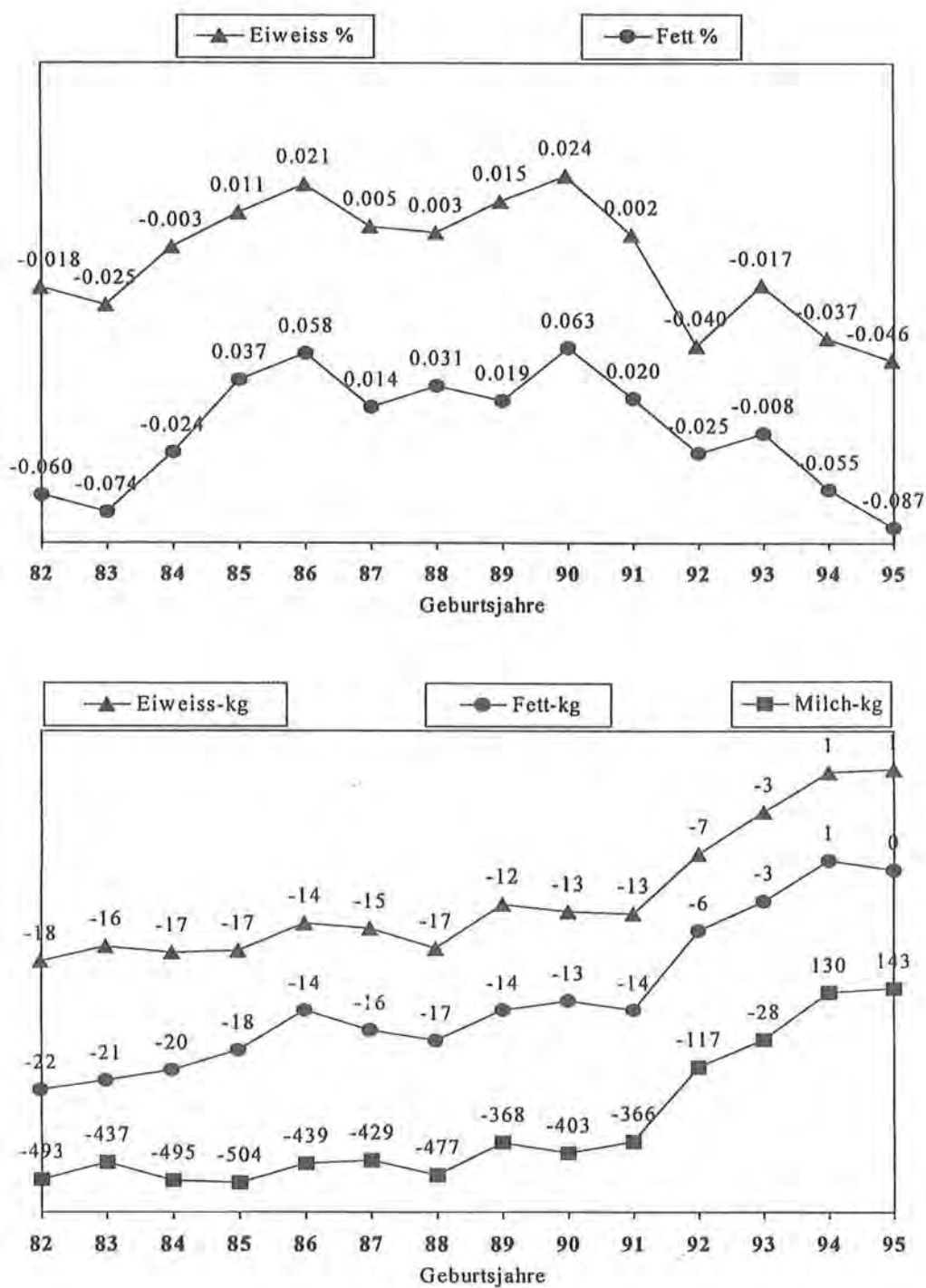


Abb.: Genetischer Trend bei den untersuchten Leistungsmerkmalen von 1982 bis 1995 (Genetic trend of the investigated traits from 1982 to 1995)

7. Schlussfolgerungen

- Aus den berechneten statistischen Parametern ist abzuleiten, dass mit zunehmender Laktationsnummer die phänotypische Varianz bei allen Leistungsmerkmalen steigt, was für den zunehmenden Einfluss der Umweltfaktoren auf die phänotypische Leistung spricht.
- Die Heritabilitätskoeffizienten für die Leistungsmerkmale liegen im Bereich bekannter Literaturwerte. Die Untersuchungen haben die höheren Heritabilitäten der 1. Laktation gegenüber weiteren Laktationen bestätigt. Für die Milch-, Fett- und Eiweißmenge sinken die h^2 -Werte von der 1. bis zur 3. Laktation entsprechend um 18 %, 30,7 % und 12 %, und für Fett- und Eiweißgehalt um 12,5% bzw. 9,6 %.
- Die genetischen und phänotypischen Korrelationen zwischen Milch-, Fett- und Eiweißmenge einerseits und den Gehaltsmerkmalen andererseits sind bei allen drei Laktationen deutlich negativ (r_g : –0,103 bis –0,658). Lediglich zwischen Fettmenge und Fettgehalt konnte ein schwacher positiver Zusammenhang (r_g : 0,012 bzw. 0,082) gefunden werden. Hinsichtlich der Berücksichtigung dieser Merkmale in der Zuchtarbeit ist somit eine optimale Kombination im Zuchtziel notwendig.
- Aufgrund der Analyse des genetischen Trends lässt sich ein wesentlicher Anstieg für die Milch-, Fett- und Eiweißmenge in der Milchrindpopulation Sachsens seit 1991 feststellen. Die wichtigsten Gründe dafür sind:
 - die völlige Umstellung auf die Holstein-Friesian-Rasse,
 - die Ausrichtung der Zucht auf die Mengenmerkmale
 - die Erhöhung der Effizienz der Milchproduktion durch Privatisierung und Optimierung der Produktionsstruktur.

Literatur

- BAFFOUR-AWUAH, O.; BROTHERSTONE, S.; HILL, W.G.:
Genetic analysis of test day production in second lactation of British Holstein-Friesian cows. Arch. Tierz., Dummerstorf 39 (1996) 3, 213-226
- BRADE, W.; GROENEVELD, E.:
Bestimmung genetischer Populationsparameter für die Einsatzleistung von Milchkühen. Arch. Tierz., Dummerstorf 38 (1995a) 2, 149-154
- BRADE, W.; GROENEVELD, E.:
Einfluß des Produktionsniveaus auf genetische Populationsparameter der Milchleistung sowie auf Zuchtwertschätzergebnisse. Arch. Tierz., Dummerstorf 38 (1995b) 3, 289-298
- BRADE, W.:
Genetische Grundlagen der Rinderzüchtung. 2. Auflage, Beratungsunterlage, Landwirtschaftskammer Hannover (1996).
- DIERS, H.; HOELTJE, G.:
Auf Eiweiß züchten – aber wie? Top agrar (Germany), (1993), R8 – R10
- DOPP, L.; REENTS, R.; REINHARDT, F.:
Sind unsere Inhaltsstoffe zu niedrig? Milchrind 2 (1997), 10-15
- ERNST, L.K.:
Züchterische Probleme in der Milchrinderzucht. Erhöhung des genetischen Potenzials in der Milchrinderzucht. Moskau, Agropromisdat. (1986), 3-100
- GROENEVELD, E.:
VCE 4 User's guide and reference Manual. Version 1.1. Institute of Animal Husbandry and Animal Behavior; FAL, (1998) Neustadt.
- KLUNKER, M.:
Untersuchungen zur züchterischen Bedeutung maternaler Linien in einer sächsischen Rinderpopulation. Univ. Halle, Diss., 1999

- MICHAILOWSKAJA, A.:
Untersuchungen zu methodischen Fragen der Einführung der BLUP-Zuchtwertschätzung in der Milchrindpopulation Weißrusslands. Univ. Halle, Diss., 2001
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R.:
Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika*, 58 (1971), 545-554
- REENTS, R.:
Multivariate BLUP-Zuchtwertschätzung mit einem Tiermodell in der Milchrinderzucht. Univ. Göttingen, Diss., 1992
- SWALVE, H.H.:
Neue Wege in der Indexselektion gesucht. *Milchrind*, 1 (1993), 35-37
- SWALVE, H.H.:
Test day models in the analysis of dairy production data – a review. *Arch. Tierz.*, Dummerstorf 38 (1995) 6, 591-612
- TAWFIL, E.S.; MOHSEN, M.K.; SALEM, A.Y.; EL-AWAY, H.G.:
Study on Friesian herds raised in Egypt and Germany. I. Estimate of non-genetic effects and genetic parameters. *Arch. Tierz.*, Dummerstorf 43 (2000) 2, 1001-114
- TEEPKER, G.:
Untersuchungen über genetische Parameter und Gesamtindizes für Milchleistungsmerkmale. Univ. Göttingen, Diss., 1988
- ZELFEL, S.:
Beitrag zur Zuchtwertschätzung von Besamungsbullen der Milchrindpopulation in der Deutschen Demokratischen Republik. Humboldt-Univ. Berlin, Diss., 1981

Eingegangen: 03.08.2001

Akzeptiert: 15.10.2001

Anschriften der Verfasser

Dr. ANDRIANA MICHAILOWSKAJA, Dr. NORBERT MIELENZ,
Prof. Dr. habil. LUTZ SCHÜLER
Institut für Tierzucht und Tierhaltung mit Tierklinik der
Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg
Adam-Kuckhoff-Strasse 35
D-06108 Halle/Saale

Dr. UWE BERGFELD, Dr. ULF MÜLLER
Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft
FB-8 Tierzucht, Fischerei und Grünland
Am Park
D-04886 Köllitsch

Buchbesprechung

Beiträge zur Jagd- und Wildforschung, 25. Band

M. STUBBE (Hrsg.)
im Auftrag der Gesellschaft für Wildtier- und Jagdforschung

Band 25, 336 Seiten, zahlreiche Tabellen und Abbildungen, Burghausen, 2000

Zu beziehen durch: Geschäftsstelle der Gesellschaft für Wildtier- und Jagdforschung e.V., Schkeuditzerstr. 33,
D-04430 Burghausen, DM 38,00 + Versandkosten

Es liegt der 25. Band dieser traditionsreichen, für eine waidgerechte Jagd und wissenschaftlich begründete Wildbewirtschaftung, die Nutzung und den Schutz der Naturressourcen eintretende Schrift vor. Wie in den zurückliegenden Bänden werden in 34 Beiträgen aktuelle Erkenntnisse zur Biologie, Ökologie, zum Management und zur Hege bewirtschafteter oder bedrohter Säugetier- und Vogelarten vorgestellt. Es ist das besondere Verdienst des Herausgebers und der Gesellschaft für „Wildtier- und Jagdforschung e. V.“ (GWJF) mit dieser Schriftenreihe einen Zweig der Biologie zu fördern, der, wie in allen Kulturländern, seit langer Zeit gepflegt wird und der naturnahe wissenschaftliche Forschung mit praktischer Anwendung verbindet. Die in diesem Heft vorliegenden Beiträge veranschaulichen wiederum das Anliegen der GWJF, neue ökologische Erkenntnisse in die jagdliche, wildbiologische und naturschutzwirksame Praxis zu überführen. Sie bezeugen das Bemühen eine Nutzung bzw. den Schutz von Naturressourcen auf solidem wissenschaftlichen Fundament zu betreiben. Auch in diesem Heft kommen Autoren aus Deutschland, Europa und außereuropäischen Ländern zum Wort.

Eingeleitet wird dieser Band von Grundsatzbeiträgen zur Haltung von Wildtieren im Interesse von Arterhaltung, Bildung, Kultur und Wirtschaft und zur Stellung von Wildparks in der modernen Industriegesellschaft. Zwei weitere Beiträge widmen sich der Frage ob Jagd als Wissenschaft möglich ist und ob Windkraftanlagen Einfluss auf die Tierwelt haben. Es folgen Beiträge zu aktuellen Problemen der Wildbewirtschaftung bzw. der Populationsdynamik in Bulgarien, Russland und der Slowakei. Je zwei Beiträge sind dem Rotwild, Damwild und dem Rehwild gewidmet. Sehr informativ ist eine Arbeit über wilde (verwilderte) Schweine in Australien. Breiten Raum nehmen Berichte zu Untersuchungen an Wildarten wie u.a. Goldschakal, Rotfuchs, Baummartener, Otter, Dachs, Hase, Kaninchen, Biber, Fasan und Gans ein, die sich mit einem weiten Spektrum von Fragen der Bestandsentwicklung und Schadensprobleme ausgewählter Standorte, tiergesundheitsliche Probleme bis zu Zoonosen, Wildansiedlung oder Tierverhalten beschäftigen.

Zwischen den Einzelbeiträgen finden sich Kurzmitteilungen, Tagungshinweise, Buchrezensionen und persönliche Mitteilungen der GWJF. Den Abschluss des Buches bildet eine Bibliographie zu den erschienenen Arbeiten in den Bänden 21 bis 25 und die Satzung der GWJF.

Dieses interessante, breitgefächerte, lesenswerte Buch enthält wichtige Basis- und Hintergrundinformationen für eine waidgerechte Jagd und eine wissenschaftlich begründete Wildbewirtschaftung sowie aktuelle Informationen für den Schutz und den Nutzen von Wildressourcen. Neben Biologen, Zoologen, Ökologen, breiten Kreisen der Jägerschaft, Land- und Forstwirten, Tierärzten, land- und forstwirtschaftlich ausgerichteten Institutionen ist dieses Buch allen Naturfreunden zu empfehlen.

ERNST RITTER, Dummerstorf