

Auswertungen von Leistungsprüfdaten mit statistischen Methoden

Arbeitsblatt

838

Die in der Leistungsprüfung erzielten Ergebnisse dienen zur Auslese von Zuchttieren mit besonders guten Erbanlagen. Die Prüfdaten eines einzelnen Volkes erlauben erst dann eine Bewertung, wenn sie mit den Ergebnissen von Völkern gleicher Abstammung (Prüfgruppe) und anderer Abstammung verglichen werden können, die in vergleichbaren Umweltbedingungen gehalten wurden.

Um die Unterschiede im einzelnen bewerten zu können, muss man eine Vorstellung über die Verteilung der Prüfergebnisse haben.

Die meisten Selektionsmerkmale werden von zahlreichen Genen beeinflusst und zeigen daher eine mehr oder weniger kontinuierliche Verteilung mit einem Maximum im mittleren Bereich. Eine derartige Verteilung lässt sich durch die Normalverteilungsfunktion beschreiben, die alleine durch die Lage des Mittelwertes (\bar{X}) und die sogenannte Standardabweichung (s) festgelegt ist.

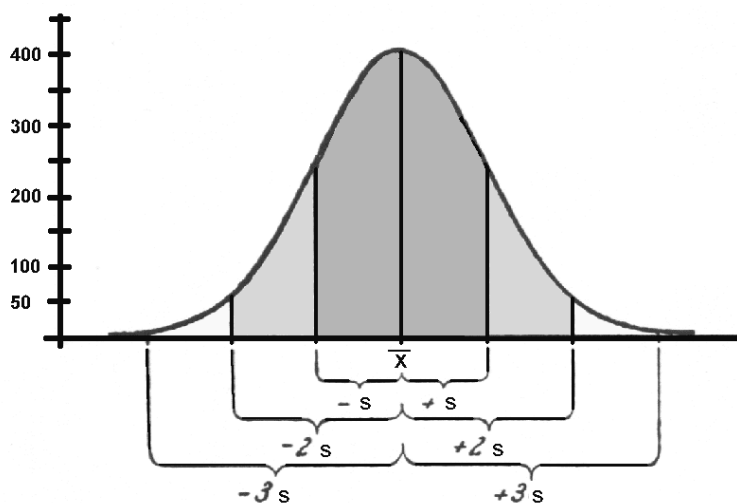


Abb. 1 - Normalverteilung

Zur Bewertung der Leistungsprüfergebnisse berechnet man den Mittelwert und die Standardabweichung von allen Völkern einer Prüfgruppe und von allen vergleichbaren Völkern eines Standes. Die Ergebnisse des einzelnen Volkes können daraufhin in Prozentabweichungen vom Gruppen- und Standmittel umgerechnet werden. Oftmals ist es zweckmäßig, sie in Relation zum Mittelwert anzugeben. Hierzu berechnet man den sog. Variationskoeffizienten ($v = s/\bar{X} \cdot 100 \%$). Die Abweichung des einzelnen Volkes ist immer in Relation zum Variationskoeffizient der Prüfgruppe zu sehen.

Die mathematische Beschreibung der Messergebnisse von Prüfgruppen als Normalverteilungen mit bestimmten \bar{X} und s -Werten ermöglicht Aussagen, mit welcher Wahrscheinlichkeit sich die Gruppen unterscheiden.

Kennt man die Erblichkeit (= Heritabilität) und die Verteilung eines Selektionsmerkmals im Zuchtbestand, so sind Vorhersagen über den Zuchtfortschritt möglich. In einem Zuchtprogramm legt man fest, wie viele der geprüften Völker jeweils als Zuchtvölker dienen sollen (Remontierung). Aufgrund der Normalverteilung kann die sich daraus ergebende Selektionsdifferenz, d.h. die mittlere Überlegenheit der ausgewählten Zuchttiere über den Populationsdurchschnitt, berechnet werden. Der Zuchtfortschritt ergibt sich durch Multiplikation der Selektionsdifferenz mit dem Erblichkeitsfaktor ($ZF = SD * h^2$).

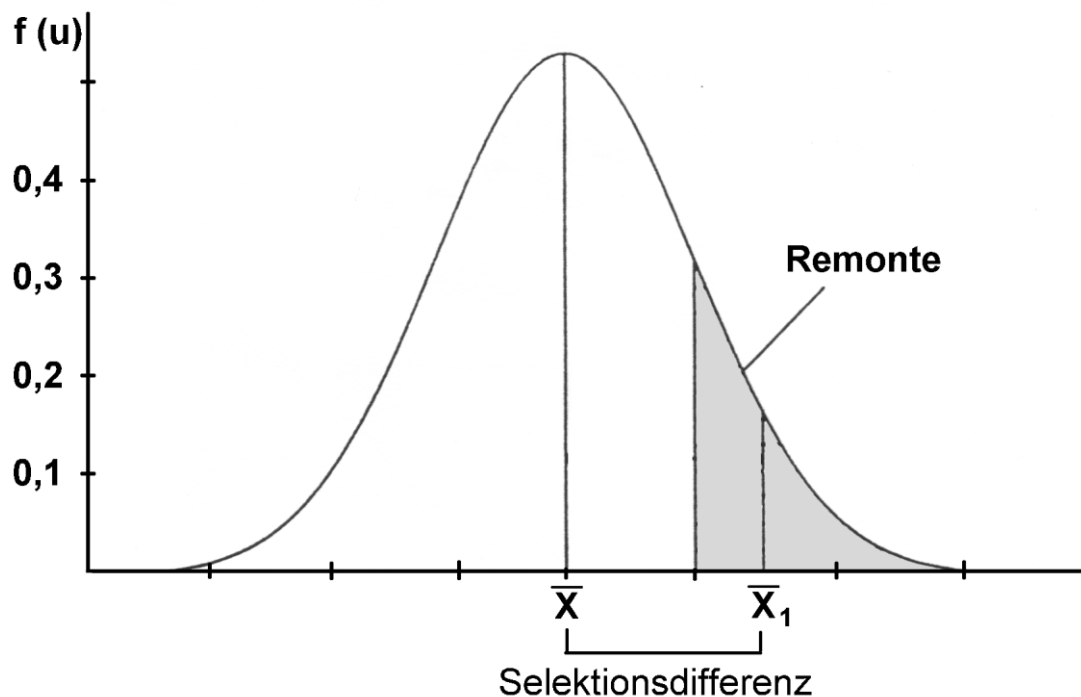


Abb. 2 – Mittlere Überlegenheit der ausgewählten Zuchttiere (Remonte) in Bezug auf den Populationsdurchschnitt

Bei modernen Zuchtprogrammen stützt sich die Auswahl der Zuchttiere nicht alleine auf deren eigene Leistung oder die ihrer direkten Nachkommen, sondern man versucht, alle verfügbare Information über alle verwandten Tiere in die Zuchtwertschätzung einzubeziehen. Dies setzt eine zentrale Auswertung möglichst vieler Prüfergebnisse mit statistischen Modellen voraus, welche die Verwandtschaftsverhältnisse gemäß der genetischen Gegebenheiten berücksichtigen.