

Endbericht: Entwicklung, Erfassung, Validierung und züchterische Optimierung ausgewählter funktionaler Merkmale bei Muttersau und Ferkeln in Österreich – Forschungsprojekt 101165



Endbericht

Wien, 2020

Impressum

Projektnehmer: Universität für Bodenkultur Wien

Department für Nachhaltige Agrarsysteme

Adresse: Gregor-Mendel-Straße 33, 1180 Wien

Projektleiterin: DI Dr. Christina Pfeiffer

Tel.: 0043 1 47 654 93234

E-Mail: christina.pfeiffer@boku.ac.at

Projektmitarbeiter: Dipl. Ing. Christian Draxl (Österreichische Schweineprüfanstalt, Streitdorf), Priv.-Doz. Dr. Birgit Fürst-Waltl (BOKU, Wien), Dr. Peter Knapp (Verband Österreichischer Schweinebauern, Schweinezucht und Besamung Oberösterreich), Assoc. Prof. Dr. Christine Leeb (BOKU, Wien), Ass. Prof. Dr. Alfons Willam (BOKU, Wien), Univ. Prof. Dr. Christoph Winckler (BOKU, Wien), Dr. Katharina Schodl (BOKU, Wien), DI Regine Revermann, DDI Martin Fuchs (BOKU, Wien)

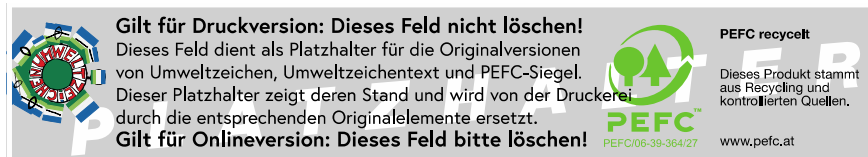
Kooperationspartner: Höhere Bundeslehr- und Forschungsanstalt Raumberg Gumpenstein, Raumberg 38, 8952 Irdning

Finanzierungsstellen: Bundesministerium Landwirtschaft, Regionen und Tourismus, Stubenring 1, 1010 Wien; VÖS - Verband Österreichischer Schweinebauern, Dresdnerstraße 89/Top 19, 1220 Wien

Projektlaufzeit: 01.01.2017 bis 30.06.2020

1. Auflage

Alle Rechte vorbehalten.



Wien, 2020. Stand: 3. August 2020

Inhalt

Vorwort	7
1 Zusammenfassung	8
2 Einleitung	10
3 AP1 – Maternales Verhalten	11
Projektziele	11
3.1 Phänotypische Betrachtung maternaler Verhaltensmerkmale.....	11
3.2 Nestbauverhalten	15
3.2.1 Zusammenfassung Zustand von Jutesäcken als Indikator für das “Nestbauverhalten“ von Sauen im Kastenstand	15
3.3 Schätzung von genetischen Parametern maternaler Verhaltensmerkmale	17
3.4 Mütterlichkeitsindex	18
3.5 Zuchtwertschätzung Mütterlichkeitsindex.....	18
3.5.1 Parameterschätzung.....	19
3.5.2 Zuchtwertschätzung	20
3.6 Publikationen.....	22
3.6.1 Nest-building behaviour in crated sows provided with a jute-bag – an exploratory study 22	
3.6.2 Genetic parameters for maternal traits in sows recorded by farmers	23
3.7 Bedeutung für die züchterische Praxis.....	24
4 AP2 – Bewegungsfähigkeit der Sau.....	26
Projektziele	26
4.1 Phänotypische Betrachtung des Exterieurs/der Bewegungsfähigkeit	26
4.2 Genetische Parameter für Exterieurmerkmale bzw. Bewegungsfähigkeit der Sau	38
4.3 Publikationen.....	39
4.3.1 Genetic analysis of feet and leg conformation and proportion of crushed piglets in Austrian Large White and Landrace sows.....	40
4.4 Bedeutung für die züchterische Praxis.....	48
5 AP3 – Wurfqualität	49

Projektziele	49
5.1 Wurfvitalität	49
5.2 Genetische Parameter Geburtsgewicht	55
5.3 Genetische Parameter für Gewichtsmerkmale, Wurfvitalität und Wurfgröße.....	59
5.3.1 Absetzgewicht.....	59
5.4 Wurfvitalitätsindex	64
5.4.1 Parameterschätzung Wurfvitalitätsindex.....	64
5.4.2 Zuchtwertschätzung Wurfvitalitätsindex	66
5.4.3 Routinezuchtwertschätzung.....	76
5.5 Bedeutung für die züchterische Praxis	77
5.6 Publikationen.....	78
5.6.1 Towards a pig breeding program aimed at improving animal welfare in Austria..	79
6 AP4 – Zuchtplanung	80
Projektziele	80
6.1 Zuchtplanungsrechnungen	80
6.1.1 Beschreibung der Modellpopulation.....	83
6.1.2 Genetische Parameter.....	84
6.1.3 Ergebnisse und Diskussion.....	87
6.1.4 Praktische Umsetzung in das PIG Austria Zuchtprogramm.....	89
6.2 Publikationen.....	93
6.2.1 Implementation of a litter vitality index into Austrian maternal pig breeding program.....	93
7 AP5 – Genotypisierung der Sauen	95
7.1 Projektziele	95
7.2 Genotypisierung der Sauen	95
7.3 Genomweite Assoziationsstudien	95
7.4 Publikationen.....	96
7.4.1 Genetic and genomic background of maternal behavioral and reproduction traits in two maternal sow lines	96

7.4.2 Genome-wide association study on maternal behavior and reproductive traits in two maternal sow lines.....	114
8 Liste aller Publikationen, Vortragsaktivitäten und Masterarbeiten während der gesamten Projektperiode	116
8.1 Originalbeitrag in Fachzeitschriften	116
8.1.1 2018	116
8.1.2 2019	116
8.1.3 2020	116
8.2 Publierte Beiträge für wissenschaftliche Tagungen.....	117
8.2.1 2017	117
8.2.2 2018	117
8.2.3 2019	117
8.2.4 2020	118
8.3 Originalbeiträge in Fachzeitschriften und populärwissenschaftliche Beiträge.....	118
8.3.1 2017	118
8.3.2 2018	118
8.3.3 2019	118
8.4 Vortragsaktivitäten	119
8.4.1 2017	119
8.4.2 2018	119
8.4.3 2019	120
8.5 Masterarbeiten.....	120
8.5.1 2019	120
8.5.2 2020	121
8.6 Sonstige Aktivitäten.....	121
Tabellenverzeichnis	122
Abbildungsverzeichnis	130
Formelverzeichnis	131
Literaturverzeichnis.....	132
Abkürzungen.....	141

Vorwort

Durch die gute gemeinsame Zusammenarbeit von Wissenschaft, Interessensvertretung und österreichischen SchweinezüchterInnen, mit der finanziellen Unterstützung des Bundesministeriums für Landwirtschaft, Regionen und Tourismus und des Verbands österreichischer Schweinebauern ist es gelungen, dieses angewandte Forschungsprojekt erfolgreich umzusetzen und abzuschließen. Durch den Einsatz aller Beteiligten wurden erstmals umfangreiche Verhaltensmerkmale von Muttersauen und Vitalitätsmerkmale bei Ferkeln erfasst, validiert und noch vor Projektende in die praktische Zuchtwertschätzung umgesetzt. Stellvertretend für das gesamte Projektteam möchte ich mich vor allem bei den ZüchterInnen für ihren Einsatz während der Projektphase bedanken. Durch ihre wertvolle Arbeit und Bemühungen sind gute Daten gesammelt worden, die nun den Grundstein für ein balanciertes Zuchtziel der österreichischen Mutterlinien gelegt haben. Auch den VertreterInnen und MitarbeiterInnen der vormaligen Schweinezuchtverbände Niederösterreich, Steiermark und Oberösterreich möchte ich ein großes Lob aussprechen für ihre Unterstützung in organisatorischen und fachlichen Angelegenheiten. An dieser Stelle möchte ich besonders Dr. Peter Knapp und sein Team in Oberösterreich erwähnen, die bereits vor Projektbeginn sehr viel fachlichen Input gegeben haben. Außerdem möchte ich mich bei der Österreichischen Schweineprüfanstalt, insbesondere bei Herrn DI Christian Draxl, sowie der HBLFA Raumberg-Gumpenstein, insbesondere bei Herrn Gregor Huber, für die gute technische Unterstützung bedanken. Das gesamte Projektteam hat einen erheblichen Beitrag zum Gelingen dieses Forschungsprojektes geleistet, herzlichen Dank dafür!

Dr. Christina Pfeiffer
(Projektleiterin)

1 Zusammenfassung

Das vorliegende Forschungsprojekt befasste sich mit der Definition, Erhebung, Validierung und Diskussion der Eignung maternaler Verhaltensmerkmale und Merkmale zur Erfassung der Wurfqualität für Zuchtprogramme für Muttersauen in Österreich und umfasste insgesamt fünf Arbeitspakete.

Im Zuge des ersten und zweiten Arbeitspakets wurden die Zuchtziele der Mutterlinien Edelschwein und Landrasse mit den InteressensvertreterInnen der österreichischen Schweinezucht sowie den ZüchterInnen gemeinsam in Workshops definiert. Darauf aufbauend wurden in Arbeitspaket 1 "Maternale Fähigkeiten" und in Arbeitspaket 3 "Wurfqualität" neue phänotypische Verhaltens- und Fitnessmerkmale über einen Zeitraum von einem Jahr auf 23 Zuchtbetrieben erfasst. Der Datenerfassung ging eine zweimalige Schulung der ZüchterInnen in der Merkmalerfassung voraus. Zudem erhielten die ZüchterInnen einen Zwischenbericht zur vorliegenden Datenqualität und, sofern erforderlich, eine Nachschulung sowie eine Rückmeldung ihrer Daten am Ende des Datenerfassungszeitraumes. Insgesamt wurden 43.234 Ferkel von 3.545 Würfen gewogen bzw. Abferkeldaten sowie maternale Verhaltensmerkmale erfasst. Die erfassten Merkmale wurden umfangreich validiert und für die Schätzung von genetischen Parametern und Zuchtwerten herangezogen.

Basierend auf den Ergebnissen der Validierungsstudien sowie den genetischen Parametern wurden ein Mütterlichkeitsindex (MI), und ein Wurfvitalitätsindex (WVI) abgeleitet. Der MI umfasst die Verhaltensmerkmale Abferkelverhalten, aggressives Verhalten der Sau gegenüber ihren Ferkeln, Erdrückungsverluste in Prozent sowie den Gesamteindruck der maternalen Fähigkeiten über die gesamte Säugeperiode mit einer Gewichtung von jeweils 25%. Die Heritabilitäten der einzelnen Merkmale reichten von 0,05 bis 0,17 und die des gesamten MI lag bei 0,07. Die drei Merkmale des WVI – durchschnittliches Geburtsgewicht in kg je Wurf, Streuung der Geburtsgewichte in kg je Wurf und Wurfvitalität – sind im Index im Verhältnis 30:50:20 gewichtet (in der genannten Reihenfolge). Hier lagen die Heritabilitäten der Einzelmerkmale zwischen 0,06-0,36 und jene des gesamten WVI bei 0,21.

Basierend auf den Zuchtplanungsrechnungen aus dem vierten Arbeitspaket wurde der WVI im Februar 2020 mit einer Gewichtung von 20% in den Gesamtzuchtwert integriert. Die Ergebnisse der Berechnungen zeigten, dass sich der Zuchtfortschritt in den Mast- und Schlachtleistungsmerkmalen sowie der Fruchtbarkeit zwar verlangsamt, aber eine Verbesserung der Wurfvitalität erzielt werden kann. Der MI wurde zwar nicht im Gesamtzuchtwert gewichtet, steht den ZüchterInnen aber seit diesem Zeitpunkt ebenfalls zur

Verfügung. Nachdem die Übereinstimmung der Beurteilung der Wurfausgeglichenheit mit den Einzelgeburtsgewichten der Ferkel nur mäßig übereinstimmte, wurde beschlossen, weiterhin Einzelwiegungen durchzuführen. Zu diesem Zweck wurden das Wiegesystem sowie die Datenerfassungssoftware Sauenplaner abermals optimiert und neue Betriebe, die nun auch für die Routinezuchtwertschätzung Daten erfassen, eingeschult.

Das zweite Arbeitspaket "Bewegungsfähigkeit der Sau" umfasste die Erstellung und Anwendung eines Exterieurbeurteilungsschemas. MitarbeiterInnen der Zuchtverbände beurteilten insgesamt 1.310 Sauen auf den Betrieben hinsichtlich Beinstellung, Klauenlänge und Lahmheit. Anhand des vorliegenden Datensatzes konnte kein statistisch abgesicherter Zusammenhang dieser Merkmale mit der Höhe der Erdrückungsverluste gezeigt werden, was allerdings v.a. der geringen Variation im vorliegenden Datensatz liegen könnte. Im Hinblick auf zukünftige Änderungen im Haltungssystem (z.B. keine permanente Fixierung säugender Sauen) und das vorzeitige Ausscheiden von Sauen aufgrund von Fehlstellungen oder Lahmheiten wäre eine Aufnahme der Exterieurbeurteilung in das Zuchtprogramm für Mutterrassen empfehlenswert. Derzeit ist dies noch nicht möglich, da die Kosten der Leistungsprüfung im Feld zu hoch sind.

Darüber hinaus wurden insgesamt 826 Sauen SNP-genotypisiert. Die SNP-Daten dienen der Optimierung der genomischen Selektion der Routinezuchtwertschätzung. Neben der Optimierung der Zuchtwertschätzung für die Fruchtbarkeit, wurde auch der WVI mittels single-step genomischer BLUP-Zuchtwertschätzung in die Routine aufgenommen. Außerdem wurde für die maternalen Verhaltens- und Fruchtbarkeitsmerkmale eine genomweite Assoziationsstudie durchgeführt. Die Ergebnisse zeigten, dass aggressives Verhalten gegenüber den TierbetreuerInnen mit Genen, welche in Tiermodellen für Schizophrenie für entsprechende Verhaltensweisen verantwortlich waren, assoziiert sind. Auch für die Leistungsmerkmale Anzahl lebend geborener und abgesetzter Ferkel konnten vielversprechende Assoziationen gefunden werden. Neben der Überarbeitung der Merkmalsdefinitionen sollten weitere Arbeiten für das Potential dieser Merkmale für die genomische Selektion bei Mutterlinien durchgeführt werden.

Zusammenfassend lässt sich sagen, dass die im Projekt gesetzten Ziele erreicht und mit der erfolgreichen Einführung des Wurfvitalitäts- und des Mütterlichkeitsindex auch in der österreichischen Tierzucht ein wichtiger Schritt zur Verbesserung des Tierwohls gesetzt wurde. Die Ergebnisse der genomweiten Assoziationsstudie zeigen außerdem, dass diese Merkmale auch Potential für zukunftssträchtige Verfahren wie die genomische Selektion haben.

2 Einleitung

Die jahrelange Selektion auf hohe Wurfzahlen geht mit reduziertem Tierwohl von Sau und Saugferkeln sowie erhöhten Ferkelverlusten einher. Aus ökonomischer und vor allem aus Sicht des Tierschutzes ist es daher nicht nachhaltig weiterhin eine einseitige Selektion auf Fruchtbarkeit zu verfolgen. Für die Tierzucht ist es daher notwendig, die Zuchtziele rechtzeitig an gesellschaftliche und politische Entwicklungen anzupassen. Stand früher die große Nachfrage an tierischen Produkten im Vordergrund, so wird in letzter Zeit verstärkt die Berücksichtigung ethischer Aspekte von der Gesellschaft eingefordert. Die VerbraucherInnen verlangen zunehmend die Verbesserung der Lebensmittelsicherheit und Lebensmittelqualität. Dafür sind gesunde und vitale Tiere die Basis. Die Umsetzung dieser gesellschaftlichen Forderungen bedeutet nicht nur eine nationale Positionierung der österreichischen Schweinezucht gegenüber den KonsumentInnen, sondern auch die Erzeugung von Zuchttieren, die unter zukünftigen Produktionsbedingungen (beeinflusst durch z.B. Konsumentensensibilität; Tierschutzgesetzgebung; Veränderungen von Haltungssystemen; Tierschutzlabel) international wettbewerbsfähig sind.

Die wichtigste wirtschaftliche Kennzahl für die österreichische Ferkelproduktionsbetriebe ist eine hohe Anzahl abgesetzter Ferkel. Diese Zahl soll durch einen möglichst geringen Anteil an Ferkelverlusten erreicht werden, wozu es eines Zusammenspiels aus gesunden Muttertieren mit ausgeprägten maternalen Fähigkeiten, vitalen Saugferkel sowie hervorragendem Betriebsmanagement bedarf.

Ziel des vorliegenden Forschungsprojektes war es ein neues balanciertes Zuchtziel für die Mutterrassen Edelschwein und Landrasse zu definieren und die geeigneten praxistauglichen Merkmale zu finden, die die maternalen Fähigkeiten der Sau und die Vitalität der Ferkel beschreiben.

3 AP1 – Maternales Verhalten

Projektziele

- Definition geeigneter Merkmale für mütterliches Verhalten gemeinsam durch ZüchterInnen, Zuchtwarte, Mitglieder von Zuchtverbänden sowie WissenschaftlerInnen. Dazu sollen Workshops und anschließend Schulungen und Beobachterabgleiche für beteiligte Personen veranstaltet werden.
- Ziel ist die Findung, Definition und Validierung von direkten maternalen Merkmalen rund um die Geburt, die eine Vorhersage über gutes maternales Verhalten ermöglichen (z.B. Abliegeverhalten, Nestbauverhalten, Handlingmerkmale).
- Diese Merkmale sollen in Zukunft einfach und valide unter Praxisbedingungen von LandwirtInnen selbst erfasst werden können.
- Überprüfung des Einflusses der erfassten direkten maternalen Merkmale auf die Ferkelüberlebensraten. Dies setzt eine detaillierte Erfassung von Ferkelverlusten voraus. Bei ausreichender Datengrundlage können für dieses Merkmal genetische Parameter geschätzt werden und auf lange Sicht kann dieses Merkmal auch züchterisch bearbeitet werden.

3.1 Phänotypische Betrachtung maternaler Verhaltensmerkmale

Maternale Verhaltensmerkmale wurden an 2.098 Sauen erfasst, wobei von rund 1.000 Sauen wiederholte Beobachtungen vorlagen. Somit standen insgesamt Informationen von 3.545 Würfen zur Verfügung. Die Datenqualität der Verhaltensmerkmale, die rund um die Geburt erfasst wurden, war gut, nahm jedoch zum Zeitpunkt des Absetzens hin ab. Der Datensatz wurde einer strengen Plausibilitätsprüfung unterzogen. Mit Hilfe der Statistik-Software SAS 9.4 (SAS, 2013) wurden sogenannte Filter, die nicht plausible Daten selektieren, erstellt. Je nach Fragestellung und innerhalb der Arbeitspakete werden diese Filter, wenn als nötig erachtet, genauer beschrieben.

Für die weitere Analyse der maternalen Verhaltensmerkmale wurden die Sauenplanerdaten um die Geburt sowie das Absetzen, die Ferkelgewichte sowie die Aufzeichnungen über die Ferkelverluste und deren Ursachen zusammengefasst. Die deskriptive Auswertung der Verhaltensdaten wurde bereits im zweiten Zwischenbericht präsentiert (S. 6, 1.1.1.1 Deskriptive Auswertung der maternalen und zusätzlichen Merkmale). Die weitere Aufbereitung für die Modellierung umfasste neben der Plausibilitätsprüfung die Überprüfung

der Klassenbesetzung für die zu testenden Effekte. So wurden beispielsweise jeweils drei Abferkelmonate zu Saisonen und die Sauen je nach Alter in übergeordneten Klassen (Ferkelklasse) zusammengefasst. Relevante Verlustursachen für die weiteren Analysen bezogen sich auf Erdrückungsverluste sowie durch die Sau getötete Ferkel (z.B. tot gebissen) in Prozent.

Ziel der Analyse war es, den Einfluss der maternalen Verhaltensmerkmale auf den Anteil lebend geborener (LGF) an gesamt geborenen Ferkeln (GGF), erdrückter Ferkel (ERDR) an LGF, von der Sau getötete Ferkel (GET) an LGF sowie den Anteil abgesetzter Ferkel (AGF) an LGF zu untersuchen. Dafür wurden vier Poisson-Regressions-Modelle (PROC GLIMMIX) mit den Anzahlen LGF, AGF, ERDR bzw. GET als abhängige Variable in SAS formuliert. Saurasse (Edelschwein, Landrasse, F1), Jahr-Saison der Abferkelung (sechs Effektstufen), Ferkelklasse (1-9)*Wurfnummer (1-10), Abferkelverhalten (ABFV) sowie die Verhaltensmerkmale Aggressives Verhalten gegenüber Ferkeln (AGGF; ja, nein, nicht beurteilbar) und Aggressives Verhalten gegenüber Menschen (AGGM; ja, nein, nicht beurteilbar) wurden als fixe Effekte modelliert. In die Modelle für AGF, ERDR und GET wurde außerdem das Verhaltensmerkmal Gute Mutter (GM; ja, nein, nicht beurteilbar) als fixer Effekt aufgenommen. Für die Ferkelklasse wurden neun Klassen entsprechend dem Erstferkelalter der Sau gebildet. Der Logarithmus der Anzahl GGF (für die abhängige Variable LGF) bzw. LGF (für ERDR, GET und AGF) wurde als offset-Variable definiert. Betrieb wurde als zufälliger Effekt und Sau innerhalb Betrieb als wiederholter Effekt in das Modell aufgenommen. Aufgrund von Konvergenzproblemen wurde für die Verlustursachen ERDR und GET ein logistisches Regressionsmodell (PROC GLIMMIX) herangezogen, in das diese Merkmale jeweils als binäre abhängige Variable (0 = keine erdrückten bzw. getöteten Ferkel im Wurf, 1 = mindestens ein erdrücktes bzw. getötetes Ferkel im Wurf) eingingen.

In Tabelle 1 finden sich die Ergebnisse für den Anteil lebend geborener Ferkel (LGF). Hier zeigten die Verhaltensmerkmale AGGF sowie AGGM jeweils einen signifikanten Einfluss ($p=0,002$ bzw. $p=0,019$), wobei sich lediglich die Tiere der nicht beurteilbaren Kategorie von den beiden anderen Kategorien (aggressiv ja bzw. aggressiv nein) unterschieden. Das Abferkelverhalten zeigte keinen signifikanten Einfluss.

Tabelle 1 Kleinste-Quadrate-Mittelwerte (LSM) und ihre Standardfehler (SE) für die jeweiligen Kategorien der Verhaltensmerkmale AGGF (Aggressives Verhalten gegenüber Ferkeln) und AGGM (Aggressives Verhalten gegenüber Menschen) und das abhängige Merkmal LGF (Anteil lebend geborener Ferkel). N=Anzahl Würfe.

	LSM	SE	N
AGGF – ja	91,4% ^a	1,47%	96
AGGF– nein	91,1% ^a	1,14%	3.142
AGGF– nicht beurteilbar	86,6% ^b	1,43%	132
AGGM – ja	87,5% ^a	1,58%	66
AGGM – nein	89,4% ^a	1,11%	3.135
AGGM – nicht beurteilbar	92,1% ^b	1,35%	180

Tabelle 2 zeigt die Ergebnisse für Anteil abgesetzter Ferkel (AGF). Hier zeigte sich, dass Sauen, die als gute Mutter eingestuft wurden, einen signifikant höheren Anteil Ferkel absetzten (GM $p < 0,001$). Außerdem hatten die Rasse der Sau ($p < 0,001$), Ferkelklasse*Wurfnummer ($p < 0,001$) und Jahr-Saison einen signifikanten Einfluss.

Tabelle 2 Kleinste-Quadrate-Mittelwerte (LSM) und ihre Standardfehler (SE) für die jeweiligen Kategorien des Verhaltensmerkmals GM (Gute Mutter) und Saurasse und das abhängige Merkmal AGF (Anteil lebend abgesetzter Ferkel). N=Anzahl Würfe.

	LSM	SE	N
GM – ja	85,6% ^a	1,56%	2.310
GM – nein	74,8% ^b	1,55%	258
GM – nicht beurteilbar	80,0% ^b	2,34%	54
Edelschwein	76,3% ^a	1,40%	2.581
Landrasse	81,7% ^b	1,82%	674
F1	81,1% ^b	2,49%	62

Tabelle 3 enthält die Ergebnisse des binären Modells für die Wahrscheinlichkeit mindestens eines erdrückten Ferkels im Wurf. Sauen, die als gute Mutter eingestuft wurden, wiesen eine signifikant niedrigere Wahrscheinlichkeit für das Auftreten von Erdrückungsverlusten auf ($p = 0,018$).

Tabelle 3 LSM (Kleinste-Quadrate-Mittelwerte) und ihre Standardfehler (SE) für die jeweiligen Kategorien des Verhaltensmerkmals GM (Gute Mutter) und die Wahrscheinlichkeit [%] für mindestens ein erdrücktes Ferkel im Wurf. N = Anzahl Würfe.

	LSM	SE	N
GM – ja	7,35% ^a	0,71%	2.473
GM – nein	10,4% ^b	10,2%	277
GM – nicht beurteilbar	5,3% ^{ab}	5,69%	59

Die Ergebnisse des binären Modells für die Wahrscheinlichkeit für mindestens ein getötetes Ferkel im Wurf finden sich in Tabelle 4. In Würfen von Sauen, die ihren Ferkeln gegenüber aggressives Verhalten zeigten, traten mit einer signifikant höheren Wahrscheinlichkeit auch getötete Ferkel auf (p=0,003).

Tabelle 4 LSM (Kleinste-Quadrate-Mittelwerte) und ihre Standardfehler (SE) für die jeweiligen Kategorien des Verhaltensmerkmals AGGF (Aggressives Verhalten gegenüber Ferkeln) und die Wahrscheinlichkeit [%] für mindestens ein getötetes Ferkel im Wurf. N = Anzahl Würfe.

	LSM	SE	N
AGGF – ja	0,01%	0,15%	96
AGGF – nein	<0,01%	<0,01%	3.142
AGGF – nicht beurteilbar	<0,01%	<0,01%	132

Die Ergebnisse zeigten, dass das maternale Verhalten der Sauen im Hinblick auf die in dieser Studie gewählten Merkmale keinen Einfluss auf die Anzahl lebend geborener Ferkel hat. Lediglich die Würfe der Sauen, deren aggressives Verhalten gegenüber ihren Ferkeln bzw. den ZüchterInnen als „nicht beurteilbar“ eingestuft wurde, wiesen niedrigere bzw. höhere Anteile an LGF vor. Weitere Informationen zu den Ursachen, welche zur Einstufung der Sauen als „nicht beurteilbar“ führten, könnten hilfreich sein, um dieses Merkmal weiter zu differenzieren, dessen Definition zur Beurteilung zu überarbeiten oder ein weiteres Verhaltensmerkmal abzuleiten, das einen Einfluss auf LGF haben könnte. Ein weiterer Ansatzpunkt wäre, die ZüchterInnen nochmals intensiver in der Beurteilung dieses Merkmals zu schulen, damit der Anteil an eindeutigen Einstufungen erhöht werden kann. Bezogen auf den Zusammenhang, dass gute Mütter einen höheren Anteil abgesetzter und einen niedrigeren Anteil erdrückter Ferkel aufweisen, muss in Betracht gezogen werden, dass diese Leistungsmerkmale umgekehrt wohl auch zur Einstufung einer Sau als gute Mutter

beigetragen haben könnten. Ähnlich könnte man den Einfluss von AGGF auf die Wahrscheinlichkeit für von der Sau getötete Ferkel interpretieren: Sauen, die ihre Ferkel töten, werden als aggressiv eingestuft. Diese Differenzierung – also ob gute Muttereigenschaften bei einer Sau auch zu besseren Aufzuchtleistungen führen oder ob die Einstufung der Sau als gute Mutter von deren Aufzuchtleistung beeinflusst wird – lässt sich anhand der vorliegenden Daten nicht differenzieren. Außerdem wiesen Sauen der Rassen Landrasse und F1 im Schnitt einen höheren Anteil AGF auf als Sauen der Rasse Edelschwein. Basierend auf den Erfahrungswerten der ZüchterInnen gelten Landrasse-Sauen als besonders ruhig, sowohl während des Abferkelns als auch während des Säugens ihrer Ferkel. Wissenschaftliche Studien zu diesem Unterschied gibt es bislang allerdings keine.

3.2 Nestbauerhalten

Das Merkmal Nestbauerhalten wurde umfassend validiert. Detaillierte Ergebnisse der Auswertungen der definierten Verhaltensweisen (z.B. Kategorisierung der Sauentypen mittels Hauptkomponentenanalyse – und Clusteranalyse) wurden im dritten Zwischenbericht präsentiert. Zudem wurden die definierten Verhaltensweisen und Reproduktionsdaten ausgewertet. Hierzu wurde eine Masterarbeit mit dem Titel „Zustand von Jutesäcken als Indikator für das “Nestbauerhalten“ von Sauen in Kastenstand verfasst (siehe Anhang).

3.2.1 Zusammenfassung Zustand von Jutesäcken als Indikator für das “Nestbauerhalten“ von Sauen im Kastenstand

In den letzten Stunden vor der Geburt ihrer Ferkel zeigen weibliche Hausschweine Nestbauerhaltensweisen, unabhängig davon, ob sie in semi-natürliche Umgebung entlassen werden, ob sie in Abferkelsystemen ohne Fixierung oder in Kastenständen gehalten werden. Es gibt allerdings Unterschiede in der Nestbauaktivität bzw. im „Nestbauerhalten“ verschiedener Sauen. Außerdem kann dieses angeborene Verhalten ohne geeignetes Material nicht ausreichend ausgelebt werden.

In der vorliegenden Masterarbeit wurde untersucht, ob Jutesäcke als Indikator des „Nestbauerhaltens“ von in Kastenständen fixierten Zuchtsauen geeignet sind. Zu diesem Zweck wurde das vorgeburtliche Verhalten auf zwei Betrieben von insgesamt 23 Sauen, an deren Kastenständen Jutesäcke hängend befestigt waren, auf Video aufgenommen.

Es wurden vier Positionen (Sitzen, Stehen, Bauchlage und Seitenlage) definiert, sowie 15 dem Nestbauerhalten entsprechende Verhaltensweisen. (Da die Sauen nicht tatsächlich Nester errichten konnten, wird in dieser Arbeit nicht von Nestbauaktivität, sondern von dem Nestbau

zugeordneten Verhaltensweisen oder von „Nestbauerhalten“ gesprochen.) Das Verhalten der Sauen wurde in den letzten 12 Stunden vor der Geburt des ersten Ferkels kontinuierlich beobachtet, und die Dauer der definierten Verhaltensweisen, die Aufenthaltsdauer in den einzelnen Positionen und die Anzahl der Positionswchsel festgestellt. Die Dauer der Verhaltensweisen wurde insgesamt (Gesamtdauer des „Nestbauerhaltens“) und geordnet nach Objekt („Bucht“, „Jutesack“) und Art des Verhaltens („Wühlen“, „Scharren“, „Beißen“) ausgewertet. Diese Auswertungen wurden mit der Beurteilung des Zustandes der Jutesäcke (Jutesackscore von 1 bis 4, vergeben durch die ZüchterInnen) zum Zeitpunkt der Geburt sowie mit Daten zur Produktivität der Sauen (Anzahl und Anteil tot geborener und erdrückter Ferkel) in Beziehung gesetzt.

Alle Sauen nutzten den Jutesack, um für den Nestbau typische Verhaltensweisen zu zeigen. Die durchschnittliche Dauer des „Nestbauerhaltens“ entsprach größenordnungsmäßig der in anderen Studien gefundenen durchschnittlichen Dauer. Es gab jedoch große Unterschiede in der Dauer des gesamten „Nestbauerhaltens“ als auch in der Dauer einzelner Verhaltensweisen und Positionen zwischen den Sauen. Teilweise bildeten sich diese Verhaltensunterschiede auch im Zustand des Jutesackes ab. Dessen Beurteilung korrelierte moderat ($r=0,678$, $p\leq 0,001$) mit gegen den Jutesack gerichteten, dem Nestbau zugeordneten Verhaltensweisen und gering ($r=0,425$, $p=0,043$) mit der Gesamtdauer des „Nestbauerhaltens“. Bei Sauen, die längeres „Scharren“ und „Scharren gegen den Jutesack“ sowie mehrere Positionswchsel zeigten, war die durchschnittliche Anzahl tot geborener Ferkel niedriger (von 22 Sauen bekannt). Allerdings bildeten sich scharrende Verhaltensweisen nicht adäquat im Zustand des Jutesackes ab.

Es erscheint wahrscheinlich, dass der Jutesack geeignet ist, um „Nestbauerhalten“ anzuregen und dadurch zu einer Steigerung des Wohlergehens der Sauen beitragen kann. Diese Zusammenhänge müssten jedoch durch Studien mit Kontrollgruppen überprüft werden. Auch Möglichkeiten zur adäquaten Abbildung von Scharren, das einen integralen Bestandteil des Nestbauerhaltens darstellt, sollten durch weitere Studien gefunden werden. Ob es möglich und sinnvoll ist, Jutesäcke in der Schweinezucht einzusetzen und den Jutesackscore als indirektes Merkmal des „Nestbauerhaltens“ für die Selektion von Mutterschweinen zu verwenden, wodurch sowohl das Wohlergehen der Ferkel als auch die Produktivität gesteigert werden könnten, muss durch weitere Studien untersucht werden.

3.3 Schätzung von genetischen Parametern maternaler Verhaltensmerkmale

Für die Schätzung der genetischen Parameter wurden 2.900 Datensätze von 1.229 Edelschwein- und 407 Landrasse-Sauen auf 22 Projektbetrieben im Merkmalerfassungszeitraum zwischen Juni 2017 und Juli 2018 herangezogen. Für die Auswahl der Effekte des Parameterschätzmodells wurde zuvor mit der Computer-Software SAS 9.4 ein gemischtes lineares Modell (PROC MIXED; SAS, 2013) angepasst. Die Heritabilitäten für die Verhaltensmerkmale wurden mit einem univariaten linearen Tiermodell und phänotypische und genetische Korrelationen mit einem bivariaten linearen Tiermodell mit der Software ASReml 3.0 (Gilmour et al. 2009) geschätzt. Der Pedigree wurde soweit wie möglich aufgebaut und umfasste 9.772 Schweine. Genaue Angaben zu den Modelleffekten- und Annahmen werden in Kapitel 7.4.1 Kapitel beschrieben.

Für die Parameterschätzung, für die Erstellung der Varianz-Kovarianzmatrix, für die Routinezuchtwertschätzung und für den Testlauf der Zuchtwertschätzung (ZWS) wurde jeweils der gleiche Datensatz verwendet.

Nachstehende Tabelle 5 zeigt die vollständigen Ergebnisse der Heritabilitäten, die genetischen sowie phänotypischen Korrelationen der maternalen sowie der Anzahl gesamt geborener und abgesetzter Ferkel.

Tabelle 5 Heritabilitäten und Standardfehler auf der Diagonalen, genetische Korrelationen und Standardfehler auf der oberen Dreiecksmatrix und phänotypische Korrelationen auf der unteren Dreiecksmatrix für die Merkmale Aggressives Verhalten gegenüber Ferkel (AGGF), Aggressives Verhalten gegenüber Mensch (AGGM) Abferkelverhalten (ABFV), Gute Mutter (GM), Anzahl gesamt geborener Ferkel (GGF) und Anzahl abgesetzter Ferkel (GGF). NC = nicht konvergiert.

	Nestbau	AGGM	AGGF	ABFV	GM	GGF	AGF
Nestbau	0,002±0,02*	-0,41±0,49	-0,43±0,35	-0,34±0,39	NC	NC	0,71±0,43
AGGM	-0,001±0,02	0,05±0,03*	0,28±0,65	0,42±27	NC	0,20±0,29	0,42±0,27
AGGF	-0,01±0,03	0,24±0,02	0,03±0,03*	0,45±0,50	NC	0,33±0,45	-0,16±0,59
ABFV	0,09±0,03	0,25±0,02	0,29±0,02	0,18±0,05	NC	0,05±0,20	-0,04±0,24
GM	NC	NC	NC	NC	0,07±0,03	NC	0,67±0,19
GGF	NC	-0,05±0,02	-0,05±0,02	-0,07	NC	0,18±0,04	0,63±0,17
AGF	0,002±0,02*	0,25±0,02	-0,10±0,02	-0,14±0,03	0,32±0,01	0,42±0,02	0,09±0,03

3.4 Mütterlichkeitsindex

Den Zuchtverbänden wurde am 28.08.2019 ein Vorschlag für die möglichen Merkmale des Mütterlichkeitsindex (MI) vorgestellt. Aufgrund der Ergebnisse der Analysen der maternalen Verhaltensmerkmale und der eindeutigen Erfassung der Merkmale durch die ZüchterInnen wurde vorgeschlagen, die Merkmale AGGF, ABFV, ERDR sowie GM zu einem MI zu kombinieren. Die Gewichtung innerhalb des Indexes beträgt 25 % je Merkmal.

3.5 Zuchtwertschätzung Mütterlichkeitsindex

Für die Erstellung des MI für die Routinezuchtwertschätzung wurde abermals eine Parameterschätzung und anschließend eine ZWS durchgeführt. Die Varianz-Kovarianz-Struktur der Parameterschätzung wurde der ÖSPA für die ZWS zur Verfügung gestellt. Die ZWS diente der Überprüfung der Zuchtwerte (ZW) mit den phänotypischen Leistungen der Sauen und Eber. Die in den Kapiteln 3.6.2 und 7.4 präsentierten Publikationen enthalten Beschreibungen zu Tiere, Material und Methoden.

3.5.1 Parameterschätzung

Die Parameterschätzung erfolgte trivariat für die Merkmale AGGF, ABFV und ERDR (Prozent erdrückter Ferkel) und univariat für das Merkmal GM. Ein vollständiger multivariater Schätzlauf mit allen vier Merkmalen führte zu Konvergenzproblemen. In Tabelle 6 sind Mittelwert, Standardabweichung, Minimum und Maximum für das jeweilige Merkmale dargestellt.

Tabelle 6 Mittelwert, Standardabweichung (Stabw), Minimum und Maximum für die Merkmale Aggressives Verhalten gegenüber Ferkel (AGGF), Abferkelverhalten (ABFV), Prozent erdrückter Ferkel (ERDR) und Gute Mutter (GM).

Merkmal	Anzahl	Mittelwert	Stabw	Min	Max
AGGF	2.768	1,03	0,168	1,00	2,00
ABFV	2.209	1,09	0,287	1,00	2,00
ERDR	2.897	4,00	7,60	5,00	40,0
GM	2.339	1,91	0,299	1,00	2,00

Nachstehende Tabelle 7 präsentiert die Heritabilitäten inklusive Standardfehler sowie phänotypische und genetische Korrelationen und deren Standardfehler für die Merkmale AGGF, ABFV, ERDR, GM.

Tabelle 7 Heritabilitäten und Standardfehler auf der Diagonalen, genetische Korrelationen und Standardfehler auf der oberen Dreiecksmatrix und phänotypische Korrelationen auf der unteren Dreiecksmatrix für die Merkmale Aggressives Verhalten gegenüber Ferkel (AGGF), Abferkelverhalten (ABFV), Prozent erdrückter Ferkel (ERDR) und Gute Mutter (GM).

	AGGF	ABFV	ERDR	GM
AGGF	0,05±0,04	0,35±0,30	0,77±0,33	-
ABFV	0,29±0,02	0,17±0,05	0,20±0,28	-
ERDR	0,21±0,03	0,17±0,02	0,07±0,03	-
GM	-	-	-	0,07±0,03

Die Gesamtvarianz, die genetische Varianz, die Standardabweichung sowie die Heritabilität des MI, unter der Berücksichtigung der Gewichtung der Merkmale, wurde ebenfalls

berechnet. Für diese Berechnungen wurden die Varianzen und Kovarianzen der Merkmale herangezogen. Die Berechnung der genetischen Parameter für den MI erfolgte unter Berücksichtigung der Gewichtung der einzelnen Merkmale (AGGF, ABFV, ERDR, GM). Die Heritabilität für den MI betrug 0,07, die Gesamtvarianz 0,0703, die genetische Varianz 0,0047 und die additive genetische Standardabweichung 0,0688.

3.5.2 Zuchtwertschätzung

Die ZWS erfolgte in einem multivariaten Schätzlauf aller vier maternalen Merkmale mit dem in den Kapiteln **Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden.** und **Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden.** beschriebenen Modell. Die angenommenen Varianz-Kovarianzmatrizen wurden der vorangegangenen Parameterschätzung entnommen. Die ZWS erfolgte mit der Software ASReml 3.0 (Gilmour et al., 2009). Die Naturalzuchtwerte wurden auf ein Populationsmittel von 100 und eine Streuung von 5 Punkten aufgrund der wahren genetischen Standardabweichung standardisiert. Die Basis der ZWS wurde von der ÖSPA übernommen. Den Bezugspunkt für die geschätzten Zuchtwerte stellten alle Herdebuchsaunen und -eber mit einem Alter zwischen drei und fünf Jahren dar. Mit Ausnahme des Merkmals GM wurde das Vorzeichen aller Naturalzuchtwerte gedreht, damit alle Merkmale des Indexes züchterisch in dieselbe wünschenswerte Richtung zeigen. So ist zum Beispiel ein möglichst geringer Anteil an erdrückten Ferkeln wünschenswert, wodurch der Naturalzuchtwert möglichst niedrig sein soll. Damit zur einfacheren Vergleichbarkeit trotzdem höhere Zuchtwerte für dieses Merkmal als erstrebenswert gelten, musste der Naturalzuchtwert hierfür gedreht werden. Für die Berechnung des MI wurden die standardisierten ZW der Merkmale AGGF, ABFV, ERD und GM mit ihrem Gewicht (25:25:25:25) multipliziert und dann addiert. Die Sicherheiten der ZW wurden mit der Predicted Error Varianz berechnet. Auch die Sicherheit des MI wurde nach diesem approximativen Ansatz berechnet. Für weitere Auswertungen zur Überprüfung der Zuchtwerte wurden nur Eber (n=289) mit Töchter-Eigenleistungen in allen Merkmalen (AGGF, ABFV, ERD und GM) herangezogen.

Die Eber wurden nach ihren Einzelzuchtwerten AGGF, ABFV, ERD und GM gereiht und anschließend in eine Top- bzw. Flop-Liste eingeteilt, wobei die zehn besten Eber als Top-Väter und die zehn schlechtesten Eber als Flop-Eber kategorisiert wurden. Die Sicherheiten der Zuchtwerte lagen bei allen Merkmalen zwischen 0 und 10 Prozent. Auf eine gesonderte Darstellung wurde verzichtet. Nachstehende Tabelle 8 bis Tabelle 11 zeigen die Anzahl Eber je nach ZW-Kategorisierung, den durchschnittlichen ZW im jeweiligen Merkmal, den MI, Anzahl Töchter der Eber, den durchschnittlichen Zuchtwert der Eber und ihrer Töchter sowie die durchschnittlichen phänotypischen Leistungen der Töchter in den Merkmalen AGGF, ABFV, ERD, GM und den MI der Töchter.

Tabelle 8 Top- und Flop Zuchtwertliste für Eber und ihre Töchter für das Merkmal Aggressives Verhalten gegenüber Ferkel (AGGF). Anzahl (N) Eber und deren Töchter, Mittelwert der Zuchtwerte (MW ZW) für das Merkmal, durchschnittliche Standardabweichung der MW ZW, die durchschnittliche phänotypische Leistung (MW AGGF), die durchschnittliche Standardabweichung von MW AGGF, der durchschnittliche Mütterlichkeitsindex (MW MI) sowie die durchschnittliche Standardabweichung des MI.

	N	MW ZW	Stabw ZW	MW AGGF	Stabw AGGF	MW MI	Stabw MI
Top Väter	10	104	1,13	-	-	103	0,76
Top Töchter	212	103	1,78	1,05	0,22	102	1,12
Flop Väter	10	94,8	1,24	-	-	97,0	1,34
Flop Töchter	206	97,0	1,32	1,10	0,25	98,0	1,12

Tabelle 9 Top- und Flop Zuchtwertliste für Eber und ihre Töchter für das Merkmal Abferkelverhalten (ABFV). Anzahl (n) Eber und ihre Töchter, Mittelwert der Zuchtwerte (MW ZW) für das Merkmal, durchschnittliche Standardabweichung der MW ZW, die durchschnittliche phänotypische Leistung (MW ABFV), die durchschnittliche Standardabweichung von MW ABFV, der durchschnittliche Mütterlichkeitsindex (MW MI) sowie die durchschnittliche Standardabweichung des MI.

	N	MW ZW	Stabw ZW	MW ABFV	Stabw ABFV	MW MI	Stabw MI
Top Väter	10	104	0,70	-	-	101	0,74
Top Töchter	184	102	1,02	0,13	0,22	101	1,1
Flop Väter	10	95,0	1,2	-	-	96,0	1,1
Flop Töchter	187	98,0	1,26	0,44	0,25	98,0	1,31

Tabelle 10 Top- und Flop Zuchtwertliste für Eber und ihren Töchtern für das Merkmal Erdrückungsverluste (ERD). Anzahl (n) Eber und ihre Töchter, Mittelwert der Zuchtwerte (MW ZW) für das Merkmal, durchschnittliche Standardabweichung der MW ZW, die durchschnittliche phänotypische Leistung (MW ERDR), die durchschnittliche

Standardabweichung von MW RDR, der durchschnittliche Mütterlichkeitsindex (MW MI) sowie die durchschnittliche Standardabweichung des MI.

	N	MW ZW	Stabw ZW	MW RDR	Stabw RDR	MW MI	Stabw MI
Top Väter	10	104	1,0	-	-	103	1,1
Top Töchter	189	103	1,7	2,51	5,04	101	1,0
Flop Väter	10	95	1,9	-	-	97	0,88
Flop Töchter	207	97	1,01	8,3	11,6	98	1,2

Tabelle 11 Top- und Flop Zuchtwertliste für Eber und ihren Töchtern für das Merkmal Gute Mutter (GM). Anzahl (n) Eber und ihre Töchter, Mittelwert der Zuchtwerte (MW ZW) für das Merkmal, durchschnittliche Standardabweichung der MW ZW, die durchschnittliche phänotypische Leistung (MW GM), die durchschnittliche Standardabweichung von MW GM, der durchschnittliche Mütterlichkeitsindex (MW MI) sowie die durchschnittliche Standardabweichung des MI.

	N	MW ZW	Stabw ZW	MW GM	Stabw GM	MW MI	Stabw MI
Top Väter	10	104	1,04	-	-	103	1,24
Top Töchter	197	103	1,41	1,95	0,21	101	1,34
Flop Väter	10	95	1,44	-	-	99	1,21
Flop Töchter	58	96	1,36	1,60	0,25	99	1,19

3.6 Publikationen

In diesem Kapitel werden die seit dem vorhergehenden Zwischenbericht entstandenen Publikationen angeführt. Detaillierte Literaturangaben finden sich in Kapitel 8.

3.6.1 Nest-building behaviour in crated sows provided with a jute-bag – an exploratory study

Sows crated in farrowing pens are often unable to perform adequate nest-building behaviour as their freedom to move is restricted and usually no suitable material is provided for management reasons. Jute-bags have been proposed as enrichment for sows in the pre-farrowing phase as they are manipulable, deformable, movable, safe for sow and piglets, and

compatible with slatted floors. We were interested how crated sows make use of a jute-bag during the pre-farrowing phase and how pen-directed and bag-directed nest-building related behaviours were connected. Therefore, 23 sows at two farms were provided with jute-bags attached to the farrowing crates and observed by continuous video-recording from 12h ante partum until farrowing. We assessed durations of the behavioural categories 'rooting', 'pawing', and 'biting', directed either to the object 'pen' or 'bag', and analysed them separately for the two farms at different aggregation levels using general linear mixed models with 'behaviour' and/or 'object' and 'breed (Large White and Large White x Landrace)' as fixed factors and 'sow' as random factor. Additionally, we calculated Spearman correlations at the different aggregation levels. All results are given in minutes as arithmetic mean \pm standard deviation (min-max). Total time spent rooting, pawing or biting in farm 1 and 2 amounted to 88 ± 37 (32-164) and 73 ± 72 (5-178), respectively (ANOVA $F=.43$, $p=.520$). At both farms, sows showed more rooting than biting and pawing (farm 1: 58 ± 21 (25-102), 24 ± 17 (4-65), 5 ± 6 (0-21), $F=84.5$, $p<.001$; farm 2: 46 ± 42 (3-106), 24 ± 30 (1-77), 3 ± 4 (0-9), $F=5.3$, $p=.027$). In total, more time was spent with the bag than with the pen, but not at a statistically significant level (farm 1: 51 ± 33 (4-116) vs. 37 ± 22 (4-82), $F=2.1$, $p=.158$; farm 2: 42 ± 50 (1-143) vs. 31 ± 35 (4-106), $F=.2$, $p=.673$). There was one significant interaction effect (farm 1: biting-pen 6.4 ± 5.5 (0-19) vs. biting-bag 18 ± 15 (0-46), $F=7.5$, $p=.008$), and no statistically significant effects of breed were found. Generally, rooting and biting were highly correlated ($r=.772$, $p<.001$), however behaviours summed up to bag- and pen-directed behaviours were not correlated. At behaviour x object-level, pawing and rooting the pen ($r=.491$, $p=.017$) as well as pawing and biting the bag ($r=.424$, $p=.044$) were moderately, and rooting and biting the bag highly correlated ($r=.931$, $p<.001$). Our results show that all sows directed nest-building related activities to both the bag and the pen. The large variation in duration and styles of these activities was due to individual differences rather than breed or farm. Observed behaviours were partly (and meaningfully, e.g. rooting-biting the bag) correlated within objects, but always independent from each other between objects, indicating an additive quality of jute bags in the nest-building phase.

3.6.2 Genetic parameters for maternal traits in sows recorded by farmers

In livestock breeding programs, behavioural traits are rarely included. Breeding goals usually focus on production traits. Nevertheless, it has to be assumed that animals expressing normal behaviour may also show better performance. Apart from the effect of improved animal welfare on biological performance and health, behavioural traits are also subject of public interest. In the case of pigs, free farrowing systems will be mandatory in Austria from 2033 on. The new farrowing systems require a revision of the current breeding goals with a special emphasis on maternal behaviour. Therefore, a working group, consisting of scientists, members of breeding organisations and breeders were set up to define new maternal traits

for on-farm recording. The aim of the study was to analyse the genetic background of five maternal behavioural traits (nestbuilding, farrowing behaviour, aggressiveness toward piglets, aggressiveness towards stockman, overall impression of maternal abilities) and fertility traits (number of total born piglets and number of weaned piglets, respectively) in the Large White and Landrace population. Sows were provided with jute bags 24 hours prepartum. Manipulation of the bags was scored based on their signs of usage. Scores ranged from 1 (no use) to four (extreme use). Farrowing behaviour could be scored as calm or agitated behaviour and was only recorded when farmers could observe it. Aggressiveness towards piglets and stockman as well as overall good maternal abilities were recorded as binary traits (yes or no). From June 2017 – July 2018 all traits were recorded by farmers after intensive training. In total, 2,900 records of 1,671 Large White and Landrace sows from 22 farms were used to fit a uni- or bivariate linear animal model using an average information REML algorithm. Fixed effects comprised farm, year, season, breed and farrowing class. The additive genetic effect of the sow and the permanent environmental effect of the sow were fitted as random effects. The pedigree included 9,772 pigs. Heritabilities ranged from almost zero for nestbuilding behaviour to 0.18 for farrowing behaviour. Genetic correlations between maternal traits ranged from -0.43 between nestbuilding behaviour and aggressiveness towards piglets and 0.71 between nestbuilding behaviour and number of weaned piglets. For example, sows with good maternal abilities weaned more piglets ($r_g=0.67$), whereas sows which were more aggressive towards piglets weaned less ($r_g=-0.16$). In general, genetic correlations between traits were meaningful, indicating a genetic background between maternal traits as well as fertility traits. For the implementation of a routine genetic evaluation a maternal trait which can be easily recorded is needed. However, it still has to be discussed which trait is the most suitable one and correlated to other important traits e.g. piglet mortality.

3.7 Bedeutung für die züchterische Praxis

Die Heritabilitäten für die Merkmale des MI lagen zwischen 0,05 und 0,17, jener für MI bei 0,07. Die genetischen Korrelationen waren moderat bis hoch positiv, wenngleich teilweise nicht signifikant von Null verschieden. Die höchste genetische Korrelation wurde zwischen aggressivem Verhalten der Sau gegenüber ihren Ferkeln und Erdrückungsverlusten in Prozent gefunden. Die geschätzten Varianzkomponenten lagen in einem Bereich, der die Einführung einer Zuchtwertschätzung sinnvoll macht.

Die Datenerfassung für das Projekt wurde von Juni 2017 bis Juli 2018 durchgeführt. Nach dem Beschluss, den MI in das Zuchtprogramm, nicht aber in den Gesamtzuchtwert aufzunehmen, wurde die Datenerfassung auf den Zuchtbetrieben 26.04.2019 wieder aufgenommen. Derzeit

erfassen 26 Betriebe die Merkmale des Mütterlichkeitsindex auf ihren Betrieben. Bis zum Jahresende 2020 sollen es 35 Betriebe sein. Betriebe, die neu hinzukommen, werden geschult und Betriebe, die bereits im Projekt dabei waren, wurden abermals in der Merkmalerfassung für AGGF, ABFV, ERDR und GM geschult.

Die ZWS für den MI wurde am 01.02.2020 routinemäßig eingeführt. Es werden zwar noch keine Zuchtwerte der Besamungseber veröffentlicht, trotzdem bekommen die ZüchterInnen bereits den MI im Zuchtwertschätzinformationssystem für ihre Sauenherde, ihren Bestandseber sowie Besamungseber zur Verfügung gestellt. Dieses Software-Programm dient den österreichischen HerdebuchzüchterInnen für die Anpaarungsplanung. Der MI wird derzeit jedoch noch nicht für Mutterlinien-Eber der Besamungsstationen im Internet veröffentlicht.

Es ist angedacht, die Parameterschätzung, sowie einen Testlauf für die Zuchtwertschätzung mit Jahresende 2020 zu wiederholen. Die Zuchtwerte werden erst dann veröffentlicht, wenn sich die Datengrundlage vergrößert hat. Es ist zu erwarten, dass die Standardfehler der genetischen Parameter kleiner werden und die Zuchtwerte durch einen größeren Datensatz sicherer geschätzt werden können.

4 AP2 – Bewegungsfähigkeit der Sau

Projektziele

- Erstellung eines Beurteilungsschemas für das Exterieur bzw. die Bewegungsfähigkeit der Muttersau.
- Überprüfung der Beurteilung des Exterieurs bzw. der Bewegungsfähigkeit am 180. Lebensstag der Jungsau (Zeitpunkt der Selektion) mit einem späteren definierten Zeitpunkt (nach dem Absetzen des ersten Wurfes (rund 330 Tage)).
- Überprüfung des Einflusses des Exterieurs bzw. der Bewegungsfähigkeit der Sau auf die Ferkelverluste durch Erdrücken. Bei ausreichender Datengrundlage können für dieses Merkmal genetische Parameter geschätzt werden und auf lange Sicht kann dieses Merkmal auch züchterisch bearbeitet werden.

Die Projektziele wurden teilweise erreicht. Das Beurteilungsschema wurde im 1. Zwischenbericht präsentiert. Die Sauen wurden nur einmal beurteilt. Eine wiederholte Beurteilung war aufgrund der Auslastung der Zuchtwarte der mitwirkenden Zuchtverbände nicht möglich. Dafür wurden bei dieser einmaligen Beurteilung Sauen aller Altersklassen beurteilt.

4.1 Phänotypische Betrachtung des Exterieurs/der Bewegungsfähigkeit

Insgesamt wurden 1.310 Sauen durch fünf Zuchtwarten mit Hilfe des neuen Exterieurbeurteilungsschemas beurteilt. Die deskriptiven Ergebnisse aus dieser Datenerfassung wurden bereits im zweiten Zwischenbericht dargestellt (S. 19, Kapitel 2.1.1 Datenerfassung). Für die weitere Analyse wurden die Sauenplanerdaten um die Geburt sowie das Absetzen, die Ferkelgewichte, die Aufzeichnungen über die Ferkelverluste und deren Ursachen mit den Daten zur Exterieurbeurteilung zusammengefasst. Die Beurteilung durch die Zuchtwarte erfolgte je Sau nur einmal. Während der einjährigen Projektlaufzeit ferkelten manche Sauen jedoch mehrmals ab und kamen daher in den anderen Datensätzen mehrfach vor. Daher wurde für die Analyse der Exterieurbeurteilung jeweils der Datensatz einer Sau ausgewählt, bei dem das Abferkeldatum am nächsten zum Beurteilungsdatum lag. Nach dieser Bereinigung und dem Zusammenführen mit den anderen Daten verblieben n=1.292 Sauen für die weiteren Analysen. Die weitere Aufbereitung für die Modellierung umfasste

neben der Plausibilitätsprüfung auch die Überprüfung der Klassenbesetzung für die zu testenden Effekte. Wie bei der Aufbereitung für die Analyse der maternalen Verhaltensmerkmale wurden auch hier Abferkelmonate zu Saisonen zusammengefasst und Altersklassen erstellt sowie die Anteile an erdrückten und von der Sau getöteten Ferkeln berechnet (analog zu der Beschreibung in Kapitel **Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden.**).

In dem Beurteilungsschema wurden die Sauen anhand von Buchstabencodes beurteilt (z.B. G für ‚gebeugt‘ oder GG für ‚stark gebeugt‘). Für die Modellierung wurden diese Codes auf Zahlen zwischen -2 und 2 umkodiert, wobei 0 jeweils den Idealzustand darstellte. Dabei wurde darauf geachtet, Merkmale, die gemeinsam auftreten und/oder miteinander in Verbindung stehen, mit dem gleichen Vorzeichen zu versehen (Beurteilungs- und Kodierungsschema siehe Tabelle 12).

Tabelle 12 Schema zur Beurteilung des Exterieurs und der Bewegungsfähigkeit der Sau (Exterieurbeurteilung). Die Ziffern -2 bis 2 entsprechen der Zahlenkodierung für die Modellierung.

Merkmals	-2	-1	0	1	2
Ganzes Bein vorne, Seitenansicht	Stark geknickt	Geknickt	Neutral	Gebeugt	Stark gebeugt
Ganzes Bein hinten, Seitenansicht	Sehr steil	Steil	Neutral	Durchtrittig	Stark durchtrittig
Fesselstellung vorne, Seitenansicht	Sehr steil	Steil	Neutral	Durchtrittig	Stark durchtrittig
Fesselstellung hinten, Seitenansicht	Sehr steil	Steil	Neutral	Durchtrittig	Stark durchtrittig
Klauen hinten, Seitenansicht			Normal	Lang	Zu lang
Beinstellung hinten, Hinteransicht		O-Beine	Normal	X-Beine	
Lahmheit			Nein	Ja	

Tabelle 13 zeigt die Prävalenzen für die Beurteilungsstufen der unterschiedlichen Exterieurmerkmale sowie der Bewegungsfähigkeit.

Tabelle 13 Relative Auftretenshäufigkeit der einzelnen Beurteilungsstufen der Merkmale zur Beurteilung des Exterieurs sowie der Bewegungsfähigkeit der Sau. N = Anzahl beurteilter Sauen je Merkmal.

Merkmal	-2	-1	0	1	2	N
Ganzes Bein vorne, Seitenansicht	0,00%	4,04%	87,4%	8,39%	0,16%	1.288
Ganzes Bein hinten, Seitenansicht	0,23%	9,93%	70,8%	18,8%	0,31%	1.289
Fesselstellung vorne, Seitenansicht	0,00%	1,01%	67,7%	28,5%	2,72%	1.289
Fesselstellung hinten, Seitenansicht	0,00%	0,47%	55,1%	41,0%	3,49%	1.289
Klauen hinten, Seitenansicht	-	-	85,5%	13,2%	1,25%	1.285
Beinstellung hinten, Hinteransicht	-	0,47%	81,7%	17,9%	-	1.288
Lahmheit	-	-	96,5%	3,48%	-	1.292

Sauen mit schlechtem Fundament (Beinstellung, Lahmheit) haben ein höheres Risiko für Ferkelverluste, da sie sich nicht kontrolliert ablegen können. Dies gilt insbesondere für enge Aufstallungssysteme oder Kastenstände (Damm et al., 2005; Pluym et al., 2013). Daher wurden zunächst die Saugferkelverluste der Sauen in den jeweiligen Beurteilungskategorien deskriptiv ausgewertet. Dafür wurde der Anteil an erdrückten sowie von der Sau getöteten Ferkel in Prozent am Tag der Geburt, innerhalb der ersten drei Lebenstage und während der gesamten Säugeperiode (bis max. Tag 35. Die Auswertung erfolgte in SAS mittels PROC MEANS und die Ergebnisse sind in den Tabelle 14 bisTabelle 20 dargestellt.

Tabelle 14 Saugferkelverluste in Abhängigkeit von den einzelnen Beurteilungskategorien des Exterieurmerkmals **ganzes Bein vorne, Seitenansicht**. Dargestellt sind Mittelwert (MW), Standardabweichung (Stabw), kleinster Wert (Min), größter Wert (Max) sowie Anzahl Sauen in der jeweiligen Beurteilungskategorie (N).

Bewertungskategorie	Verluste	MW	Stabw	Min	Max	N
Geknickt	Erdrückt	4,84%	±6,80%	0,00%	28,6%	52
Geknickt	Erdrückt Tag 1	2,13%	±3,69%	0,00%	13,3%	52
Geknickt	Erdrückt Tag 1-3	2,28%	±3,76%	0,00%	13,3%	52
Geknickt	Getötet	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	52
Geknickt	Getötet Tag 1	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	52
Geknickt	Getötet Tag 1-3	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	52
Neutral	Erdrückt	3,90%	±7,12%	0,00%	60,0%	1126
Neutral	Erdrückt Tag 1	1,12%	±3,48%	0,00%	33,3%	1126
Neutral	Erdrückt Tag 1-3	1,26%	±3,66%	0,00%	33,3%	1126
Neutral	Getötet	0,18%	±2,79%	0,00%	58,3%	1126
Neutral	Getötet Tag 1	0,01%	±0,30%	0,00%	7,69%	1126
Neutral	Getötet Tag 1-3	0,01%	±0,30%	0,00%	7,69%	1126
Gebeugt	Erdrückt	4,19%	±7,12%	0,00%	28,6%	108
Gebeugt	Erdrückt Tag 1	1,10%	±3,44%	0,00%	25,0%	108
Gebeugt	Erdrückt Tag 1-3	1,39%	±3,78%	0,00%	25,0%	108
Gebeugt	Getötet	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	108
Gebeugt	Getötet Tag 1	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	108
Gebeugt	Getötet Tag 1-3	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	108
Stark gebeugt	Erdrückt	4,17%	±5,89%	0,00%	8,33%	2
Stark gebeugt	Erdrückt Tag 1	4,17%	±5,89%	0,00%	8,33%	2
Stark gebeugt	Erdrückt Tag 1-3	4,17%	±5,89%	0,00%	8,33%	2
Stark gebeugt	Getötet	7,69%	10,9%	0,00%	15,4%	2
Stark gebeugt	Getötet Tag 1	7,69%	10,9%	0,00%	15,4%	2
Stark gebeugt	Getötet Tag 1-3	7,69%	10,9%	0,00%	15,4%	2

Tabelle 15 Saugferkelverluste in Abhängigkeit der Beurteilungskategorien des Exterieurmerkmals **ganzes Bein hinten, Seitenansicht**. Dargestellt sind Mittelwert (MW), Standardabweichung (Stabw), kleinster Wert (Min), größter Wert (Max) sowie Anzahl Sauen in der jeweiligen Beurteilungskategorie (N).

Bewertungskategorie	Verluste	MW	Stabw	Min	Max	N
Sehr steil	Erdrückt	6,75%	±1,54%	5,26%	8,33%	3
Sehr steil	Erdrückt Tag 1	2,78%	±4,81%	0,00%	8,33%	3
Sehr steil	Erdrückt Tag 1-3	2,78%	±4,81%	0,00%	8,33%	3
Sehr steil	Getötet	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	3
Sehr steil	Getötet Tag 1	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	3
Sehr steil	Getötet Tag 1-3	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	3
Steil	Erdrückt	4,45%	±7,22%	0,00%	30,8%	128
Steil	Erdrückt Tag 1	1,45%	±3,36%	0,00%	13,3%	128
Steil	Erdrückt Tag 1-3	1,45%	±3,36%	0,00%	13,3%	128
Steil	Getötet	0,12%	±1,36%	0,00%	15,4%	128
Steil	Getötet Tag 1	0,12%	±1,36%	0,00%	15,4%	128
Steil	Getötet Tag 1-3	0,12%	±1,36%	0,00%	15,4%	128
Neutral	Erdrückt	3,62%	±7,14%	0,00%	60,0%	912
Neutral	Erdrückt Tag 1	1,17%	±3,65%	0,00%	33,3%	912
Neutral	Erdrückt Tag 1-3	1,35%	±3,87%	0,00%	33,3%	912
Neutral	Getötet	0,16%	±2,61%	0,00%	58,3%	912
Neutral	Getötet Tag 1	0,01%	±0,25%	0,00%	7,69%	912
Neutral	Getötet Tag 1-3	0,01%	±0,25%	0,00%	7,69%	912
Gebeugt	Erdrückt	5,03%	±6,88%	0,00%	37,5%	242
Gebeugt	Erdrückt Tag 1	0,99%	±2,97%	0,00%	15,4%	242
Gebeugt	Erdrückt Tag 1-3	1,13%	±3,10%	0,00%	15,4%	242
Gebeugt	Getötet	0,23%	±3,24%	0,00%	50,0%	242
Gebeugt	Getötet Tag 1	0,03%	±0,43%	0,00%	6,67%	242
Gebeugt	Getötet Tag 1-3	0,03%	±0,43%	0,00%	6,67%	242
Stark gebeugt	Erdrückt	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	4

Bewertungskategorie	Verluste	MW	Stabw	Min	Max	N
Stark gebeugt	Erdrückt Tag 1	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	4
Stark gebeugt	Erdrückt Tag 1-3	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	4
Stark gebeugt	Getötet	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	4
Stark gebeugt	Getötet Tag 1	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	4
Stark gebeugt	Getötet Tag 1-3	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	4

Tabelle 16 Saugferkelverluste in Abhängigkeit der Beurteilungskategorien des Exterieurmerkmals **Fesselstellung vorne, Seitenansicht**. Dargestellt sind Mittelwert (MW), Standardabweichung (Stabw), kleinster Wert (Min), größter Wert (Max) sowie Anzahl Sauen in der jeweiligen Beurteilungskategorie (N).

Bewertungskategorie	Verluste	MW	Stabw	Min	Max	N
Steil	Erdrückt	3,51%	±5,40%	0,00%	17,6%	13
Steil	Erdrückt Tag 1	1,09%	±2,72%	0,00%	8,33%	13
Steil	Erdrückt Tag 1-3	1,09%	±2,72%	0,00%	8,33%	13
Steil	Getötet	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	13
Steil	Getötet Tag 1	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	13
Steil	Getötet Tag 1-3	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	13
Neutral	Erdrückt	3,87%	±7,19%	0,00%	60,0%	873
Neutral	Erdrückt Tag 1	1,14%	±3,54%	0,00%	33,3%	873
Neutral	Erdrückt Tag 1-3	1,29%	±3,74%	0,00%	33,3%	873
Neutral	Getötet	0,11%	±1,81%	0,00%	50,0%	873
Neutral	Getötet Tag 1	0,02%	±0,34%	0,00%	7,69%	873
Neutral	Getötet Tag 1-3	0,02%	±0,34%	0,00%	7,69%	873
Durchtrittig	Erdrückt	4,11%	±6,96%	0,00%	40,0%	368
Durchtrittig	Erdrückt Tag 1	1,12%	±3,35%	0,00%	25,0%	368
Durchtrittig	Erdrückt Tag 1-3	1,30%	±3,49%	0,00%	25,0%	368
Durchtrittig	Getötet	0,29%	±4,00%	0,00%	58,3%	368
Durchtrittig	Getötet Tag 1	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	368
Durchtrittig	Getötet Tag 1-3	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	368

Bewertungskategorie	Verluste	MW	Stabw	Min	Max	N
Stark durchtrittig	Erdrückt	4,88%	±6,97%	0,00%	26,7%	35
Stark durchtrittig	Erdrückt Tag 1	2,22%	±4,03%	0,00%	13,3%	35
Stark durchtrittig	Erdrückt Tag 1-3	2,42%	±4,39%	0,00%	13,3%	35
Stark durchtrittig	Getötet	0,44%	±2,60%	0,00%	15,4%	35
Stark durchtrittig	Getötet Tag 1	0,44%	±2,60%	0,00%	15,4%	35
Stark durchtrittig	Getötet Tag 1-3	0,44%	±2,60%	0,00%	15,4%	35

Tabelle 17 Saugferkelverluste in Abhängigkeit der Beurteilungskategorien des Exterieurmerkmals **Fesselstellung hinten, Seitenansicht**. Dargestellt sind Mittelwert (MW), Standardabweichung (Stabw), kleinster Wert (Min), größter Wert (Max) sowie Anzahl Sauen in der jeweiligen Beurteilungskategorie (N).

Bewertungskategorie	Verluste	MW	Stabw	Min	Max	N
Steil	Erdrückt	3,15%	±5,10%	0,00%	11,8%	6
Steil	Erdrückt Tag 1	1,11%	±2,72%	0,00%	6,67%	6
Steil	Erdrückt Tag 1-3	1,11%	±2,72%	0,00%	6,67%	6
Steil	Getötet	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	6
Steil	Getötet Tag 1	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	6
Steil	Getötet Tag 1-3	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	6
Neutral	Erdrückt	4,03%	±7,65%	0,00%	60,0%	709
Neutral	Erdrückt Tag 1	0,69%	±2,86%	0,00%	22,2%	709
Neutral	Erdrückt Tag 1-3	0,86%	±3,31%	0,00%	31,3%	709
Neutral	Getötet	0,16%	±2,36%	0,00%	58,3%	709
Neutral	Getötet Tag 1	0,03%	±0,65%	0,00%	15,4%	709
Neutral	Getötet Tag 1-3	0,03%	±0,65%	0,00%	15,4%	709
Durchtrittig	Erdrückt	3,80%	±6,40%	0,00%	37,5%	528
Durchtrittig	Erdrückt Tag 1	0,65%	±2,73%	0,00%	31,8%	528
Durchtrittig	Erdrückt Tag 1-3	0,90%	±3,52%	0,00%	33,3%	528
Durchtrittig	Getötet	0,20%	±3,08%	0,00%	50,0%	528
Durchtrittig	Getötet Tag 1	0,01%	±0,29%	0,00%	6,67%	528

Bewertungskategorie	Verluste	MW	Stabw	Min	Max	N
Durchtrittig	Getötet Tag 1-3	0,01%	±0,29%	0,00%	6,67%	528
Stark durchtrittig	Erdrückt	4,89%	±6,19%	0,00%	20,0%	45
Stark durchtrittig	Erdrückt Tag 1	0,29%	±1,99%	0,00%	13,3%	45
Stark durchtrittig	Erdrückt Tag 1-3	0,44%	±2,98%	0,00%	20,0%	45
Stark durchtrittig	Getötet	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	45
Stark durchtrittig	Getötet Tag 1	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	45
Stark durchtrittig	Getötet Tag 1-3	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	45

Tabelle 18 Saugferkelverluste in Abhängigkeit der Beurteilungskategorien des Exterieurmerkmals **Klauen hinten, Seitenansicht**. Dargestellt sind Mittelwert (MW), Standardabweichung (Stabw), kleinster Wert (Min), größter Wert (Max) sowie Anzahl Sauen in der jeweiligen Beurteilungskategorie (N).

Bewertungskategorie	Verluste	MW	Stabw	Min	Max	N
Normal	Erdrückt	3,84%	±7,21%	0,00%	60,0%	1099
Normal	Erdrückt Tag 1	1,20%	±3,59%	0,00%	33,3%	1099
Normal	Erdrückt Tag 1-3	1,36%	±3,79%	0,00%	33,3%	1099
Normal	Getötet	1,15%	±2,42%	0,00%	58,3%	1099
Normal	Getötet Tag 1	0,02%	±0,52%	0,00%	15,4%	1099
Normal	Getötet Tag 1-3	0,02%	±0,52%	0,00%	15,4%	1099
Lang	Erdrückt	4,76%	±6,58%	0,00%	33,3%	170
Lang	Erdrückt Tag 1	0,84%	±2,76%	0,00%	15,4%	170
Lang	Erdrückt Tag 1-3	0,99%	±2,89%	0,00%	15,4%	170
Lang	Getötet	0,29%	±3,83%	0,00%	50,0%	170
Lang	Getötet Tag 1	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	170
Lang	Getötet Tag 1-3	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	170
Zu lang	Erdrückt	3,68%	±5,32%	0,00%	15,4%	16
Zu lang	Erdrückt Tag 1	1,61%	±3,61%	0,00%	11,1%	16
Zu lang	Erdrückt Tag 1-3	1,61%	±3,61%	0,00%	11,1%	16

Bewertungskategorie	Verluste	MW	Stabw	Min	Max	N
Zu lang	Getötet	0,42%	±1,67%	0,00%	6,67%	16
Zu lang	Getötet Tag 1	0,42%	±1,67%	0,00%	6,67%	16
Zu lang	Getötet Tag 1-3	0,42%	±1,67%	0,00%	6,67%	16

Tabelle 19 Saugferkelverluste für Bewertungskategorien des Merkmals **Beinstellung hinten, Hinteransicht**. Dargestellt sind Mittelwert (MW), Standardabweichung (Stabw), kleinster Wert (Min), größter Wert (Max) sowie Anzahl Sauen in der jeweiligen Bewertungskategorie (N).

Bewertungskategorie	Verluste	MW	Stabw	Min	Max	N
O-Beine	Erdrückt	2,50%	±4,00%	0,00%	9,09%	6
O-Beine	Erdrückt Tag 1	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	6
O-Beine	Erdrückt Tag 1-3	0,98%	±2,40%	0,00%	5,88%	6
O-Beine	Getötet	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	6
O-Beine	Getötet Tag 1	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	6
O-Beine	Getötet Tag 1-3	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	6
Normal	Erdrückt	3,72%	±6,90%	0,00%	40,0%	1052
Normal	Erdrückt Tag 1	1,17%	±3,56%	0,00%	33,3%	1052
Normal	Erdrückt Tag 1-3	1,33%	±3,77%	0,00%	33,3%	1052
Normal	Getötet	0,15%	±2,46%	0,00%	58,3%	1052
Normal	Getötet Tag 1	0,03%	±0,57%	0,00%	15,4%	1052
Normal	Getötet Tag 1-3	0,03%	±0,57%	0,00%	15,4%	1052
X-Beine	Erdrückt	5,10%	±7,93%	0,00%	60,0%	230
X-Beine	Erdrückt Tag 1	1,17%	±3,21%	0,00%	15,4%	230
X-Beine	Erdrückt Tag 1-3	1,26%	±3,28%	0,00%	17,6%	230
X-Beine	Getötet	0,26%	±3,36%	0,00%	50,0%	230
X-Beine	Getötet Tag 1	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	230
X-Beine	Getötet Tag 1-3	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	230

Tabelle 20 Saugferkelverluste in Abhängigkeit der Beurteilungskategorien des Merkmals **Lahmheit**. Dargestellt sind Mittelwert (MW), Standardabweichung (Stabw), kleinster Wert (Min), größter Wert (Max) sowie Anzahl Sauen in der jeweiligen Beurteilungskategorien (N).

Bewertungskategorie	Verluste	MW	Stabw	Min	Max	N
Nicht lahm	Erdrückt	4,00%	±7,16%	0,00%	60,0%	1247
Nicht lahm	Erdrückt Tag 1	1,16%	±3,49%	0,00%	33,3%	1247
Nicht lahm	Erdrückt Tag 1-3	1,32%	±3,68%	0,00%	33,3%	1247
Nicht lahm	Getötet	0,14%	±2,28%	0,00%	58,3%	1247
Nicht lahm	Getötet Tag 1	0,02%	±5,22%	0,00%	15,4%	1247
Nicht lahm	Getötet Tag 1-3	0,02%	±5,22%	0,00%	15,4%	1247
Lahm	Erdrückt	3,66%	±7,31%	0,00%	38,5%	45
Lahm	Erdrückt Tag 1	1,88%	±4,86%	0,00%	23,1%	45
Lahm	Erdrückt Tag 1-3	1,88%	±4,86%	0,00%	23,1%	45
Lahm	Getötet	1,62%	±8,14%	0,00%	50,0%	45
Lahm	Getötet Tag 1	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	45
Lahm	Getötet Tag 1-3	0,00%	±0,00%	0,00%	0,00%	45

Um die Beurteilung der Exterieurmerkmale als Einflussfaktor für die Modellierung der Erdrückungsverluste zu verwenden, wurden diese vorkorrigiert. Dafür wurde für jedes Exterieurmerkmal ein lineares gemischtes Modell (PROC MIXED) mit Saurasse, Jahr-Saison der Abferkelung, Beurteiler, Beurteilungszeitpunkt und Altersklasse*Wurfnummer der Sau als fixe Effekte und Betrieb als zufälligem Effekt berechnet: Die Residuen aus dem Modell wurden auf den ursprünglichen Mittelwert und die Standardabweichung der jeweiligen Exterieurbeurteilungskategorie standardisiert und die so korrigierten Exterieurbeurteilungen konnten schließlich als Einflussvariablen für die Modellierung der Erdrückungsverluste sowie der von der Sau getöteten Ferkel herangezogen werden.

Um den Einfluss des Exterieurs auf die Erdrückungsverluste sowie die Anzahl der durch die Sau getöteten Ferkel zu untersuchen, wurde ein generalisiertes lineares gemischtes Modell (PROC GLIMMIX) mit Saurasse (Edelschwein, Landrasse, F1), Altersklasse*Wurfnummer der Sau, einer Variable aus der Kombination von Jahr und Saison der Abferkelung (Jahre: 2017, 2018; Saison: jeweils zwei aufeinanderfolgende Monate zu einer Saison zusammengefasst), Abferkelverhalten (ruhig, unruhig, nicht beobachtet) und Gute Mutter (ja, nein, nicht beurteilbar) als fixe Effekte und Betrieb als zufälligem Effekt erstellt. Vorab wurden Spearman

Rangkorrelationen zwischen den vorkorrigierten Exterieurmerkmalen berechnet, um Multikollinearität der Einflussvariablen zu untersuchen (Muns et al. 2013). Die im vergleichsweise höheren Bereich gelegenen Korrelationen ($\rho > 0,22$) entsprachen den erwarteten Zusammenhängen der Merkmalskomplexe: „Ganzes Bein vorne, Seitenansicht (GBVS)“ korrelierte mit „Fesselstellung vorne, Seitenansicht (FVS)“ ($\rho = 0,23$, $p < 0,001$), „Ganzes Bein hinten, Seitenansicht (GBHS)“ korrelierte mit „Fesselstellung hinten, Seitenansicht (FHS)“ ($\rho = 0,31$, $p < 0,001$) und „Klauen hinten, Seitenansicht (KLS)“ korrelierte mit „Beinstellung hinten, Hinteransicht (BSH)“ ($\rho = 0,23$, $p < 0,001$). Auf Basis dieser Ergebnisse wurden mehrere Modelle formuliert, in welche unterschiedliche Kombinationen der Exterieurmerkmale als Kovariablen eingingen:

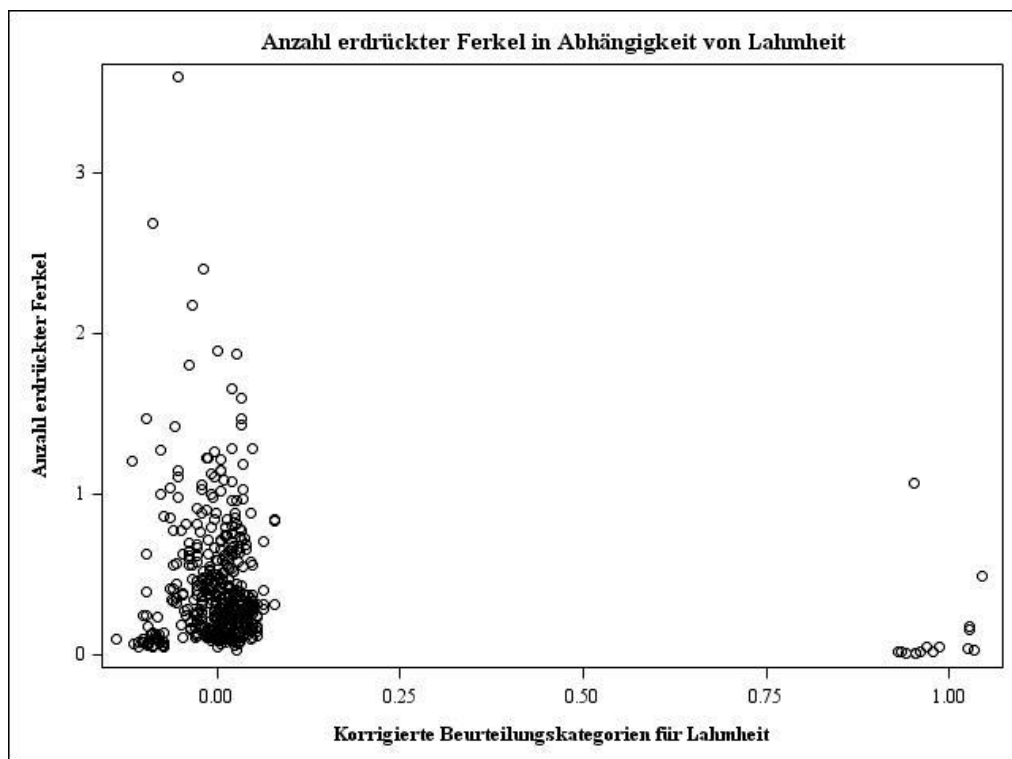
1. Alle Exterieurmerkmale wurden als Kovariablen in das Modell genommen.
2. Alle Exterieurmerkmale sowie deren quadratische Funktionen wurden als Kovariablen in das Modell genommen.
3. GBVS, GBHS, KLS und Lahmheit wurden als Kovariablen in das Modell genommen.
4. GBVS, GBHS sowie deren quadratische Funktionen und KLS und Lahmheit wurden als Kovariablen in das Modell genommen.
5. FVS, FHS, BSH und Lahmheit wurden als Kovariablen in das Modell genommen.
6. FVS, FHS, BSH sowie deren quadratische Funktionen und wurden als Kovariablen in das Modell genommen.

Diese Modelle wurden für die Erdrückungsverluste bzw. die von der Sau getöteten Ferkel über die gesamte Säugeperiode hinweg, für den ersten Tag nach der Geburt sowie für Tag 1 bis 3 nach der Geburt berechnet. Die Modellauswahl erfolgte nach dem Akaike Informationskriterium. Für die Modellierung der Erdrückungsverluste erwies sich das dritte Modell als das passendste. Sowohl die Altersklasse der Sau in Kombination mit der Wurfnummer ($p = 0,015$) als auch das Verhaltensmerkmal Gute Mutter ($p < 0,001$) hatten einen signifikanten Einfluss auf die Anzahl erdrückter Ferkel während der gesamten Säugeperiode. Die Anzahl erdrückter Ferkel am ersten Tag wurde durch Jahr-Saison ($p = 0,030$) sowie durch das Verhaltensmerkmal Gute Mutter ($p = 0,015$) signifikant beeinflusst. Auf die Anzahl erdrückter Ferkel von Tag 1 bis 3 konnte im Modell nur für das Verhaltensmerkmal gute Mutter ein signifikanter Effekt gefunden werden. Für die von der Sau getöteten Ferkel konvergierte der Algorithmus nicht, was an der geringen Prävalenz dieser Verlustursache in Kombination mit der niedrigen Variabilität innerhalb der Exterieurmerkmale gelegen haben könnte.

Unter der Annahme, dass Sauen mit schlechtem Fundament und schlechten Leistungen bzw. hohen Ferkelverlusten vorzeitig ausscheiden, wurde ein Datensatz mit 530 Jungsauen bis zum zweiten Wurf erstellt. Die Erdrückungsverluste wurden in Analogie zum gesamten Datensatz

analysiert. Hier zeigte sich ebenfalls ein signifikanter Einfluss des Verhaltensmerkmals Gute Mutter ($p < 0.001$). Im Unterschied zum gesamten Datensatz konnte jedoch ein signifikanter Einfluss von Lahmheit gefunden werden ($p = 0,016$). Abbildung 1 zeigt, dass lahme Sauen im Durchschnitt weniger Ferkel erdrückten als nicht lahme Sauen. Dies widerspricht der anfänglich aufgestellten Hypothese, dass lahme Sauen aufgrund ihrer eingeschränkten Bewegungsfähigkeit Probleme beim Abliegen hätten und es daher vermehrt zu Erdrückungsverlusten kommen könnte. Der beobachtete Effekt könnte sich allerdings damit erklären lassen, dass lahme Sauen mehr Zeit im Liegen verbringen, um unnötige Belastungen zu vermeiden, und daher weniger Ferkel erdrücken als Sauen, die mehrmals aufstehen und abliegen. Dies ist lediglich ein möglicher Erklärungsansatz, der weiterer Untersuchungen bedarf.

Abbildung 1 Aus dem Modell vorhergesagte Werte für Anzahl erdrückter Ferkel (y-Achse) in Abhängigkeit von den korrigierten Beurteilungskategorien für Lahmheit (x-Achse).



4.2 Genetische Parameter für Exterieurmerkmale bzw. Bewegungsfähigkeit der Sau

Ein gutes Fundament bei Sauen ist sowohl aus ökonomischer als auch aus Sicht des Tierwohls ein wichtiger Faktor. Neben den Schmerzen für das Tier und den daraus resultierenden abnormalen Bewegungsmustern führt ein schlechtes Fundament auch oft zu einem frühen Ausscheiden der betroffenen Sauen und damit zu einer höheren Remontierungsrate. Lahme Sauen zeigen oft weniger Rauschesymptome und weisen somit eine niedrigere Trächtigkeitsrate auf. Aber auch das Wohlergehen der Ferkel ist durch ein schlechtes Fundament der Muttersau beeinträchtigt. Sauen mit schwachen Hintergliedmaßen können sich oft nicht kontrolliert ablegen, wodurch vermehrt Ferkel verletzt oder erdrückt werden können.

Die Ursachen für Fehlstellungen der Extremitäten sind vielfältig. Vor allem schlechte Haltungsbedingungen sowie unausgewogene Rationen, aber auch genetische Einflussfaktoren spielen dabei eine wesentliche Rolle. Häufig ist es eine Kombination von mehreren Ursachen. Auch das Auftreten von Osteochondrose, Apo- oder Epiphysiolyse können mit einem schlechten Fundament zusammenhängen. Insgesamt wurden 1.310 Sauen von fünf Zuchtwarten mit den im ersten Zwischenbericht präsentierten Exterieurmerkmalen sowie hinsichtlich Bewegungsfähigkeit/Lahmheit beurteilt. Die Daten für die Erdrückungsverluste in Prozent stammten aus dem Sauenplaner.

Der Großteil der Sauen konnte in die unterschiedlichen Fundamentmerkmale im Optimalbereich (0) eingestuft werden (54,9 – 96,5%). Zwischen einigen Merkmalen konnten signifikante genetische Korrelationen im mittleren bis hohen Bereich (0,67 – 0,79) gefunden werden. Die Korrelation von 0,67 zwischen Fessel vorne und Fessel hinten zeigt beispielsweise, dass Sauen mit durchtrittigen vorderen Fesseln auch an den hinteren Fesseln durchtrittig waren. Außerdem bestand ein Zusammenhang zwischen durchtrittigen Fesseln an der Hinterhand und zu langen Klauen. Sauen mit zu langen Klauen bzw. langen Afterklauen können leichter in Spalten hängenbleiben und sich auf diese Weise Verletzungen zuziehen, welche Eintrittspforten für Keime darstellen und in Folge zu Infektionen führen können. Ein guter Zustand der Klauen ist also insbesondere in einstreulosen Haltungssystemen mit eingeschränkter Bewegungsfreiheit für die Sau eine wichtige Voraussetzung, um das Risiko für solche Verletzungen zu minimieren.

Die Heritabilitäten für die Fundamentmerkmale waren mit 0,03-0,16 in dieser Studie als eher niedrig einzustufen (siehe Table 22 in Kapitel 4.3.1). Eine Selektion auf ein gutes Fundament kann nicht nur Leistung sowie Wohlergehen der Sauen erhöhen, sondern auch den

Arbeitsaufwand für Managementmaßnahmen wie Klauenpflege merklich verringern. Darüber hinaus konnte bereits in Studien gezeigt werden, dass Fundamentmerkmale stark mit der Nutzungsdauer zusammenhängen. Je besser das Fundament ist, umso länger ist die Nutzungsdauer der Sauen.

Die Erdrückungsverluste in den ersten 48 Stunden nach der Geburt betragen im Mittel 1,78% mit einer Standardabweichung von $\pm 0,48\%$ und während der gesamten Säugeperiode 3,99% mit einer Standardabweichung von $\pm 7,60\%$. Auch die Heritabilitäten für die Erdrückungsverluste können als niedrig eingestuft werden (0,03 für Erdrückungsverluste innerhalb der ersten 48 Stunden nach der Geburt bzw. 0,04 für die Erdrückungsverluste über die gesamte Säugeperiode; siehe Table 22 in Kapitel 4.3.1). Die Erdrückungsverluste sind zwar genetisch verankert, dennoch spielen andere Faktoren wie zum Beispiel strenge Geburtsüberwachung und die Ferkelvitalität eine große Rolle.

Neben den genetischen Korrelationen sowie Heritabilitäten wurden auch Zuchtwerte für die Erdrückungsverluste innerhalb der ersten 48 Stunden nach Geburt sowie über die gesamte Säugeperiode geschätzt (siehe Table 22 bis Table 23 in Kapitel 4.3.1). Je höher der geschätzte Zuchtwert einer Sau für dieses Merkmal ist, umso weniger Erdrückungsverluste sind zu erwarten. Die Zuchtwerte für die Erdrückungsverluste wurden auch für jede Beurteilungsstufe der einzelnen Fundamentmerkmale geschätzt. Dabei zeigte sich, dass für Sauen mit einer optimalen Beurteilung der vorderen Fessel im Mittel ein höherer Zuchtwert für die Erdrückungsverluste über die gesamte Säugeperiode geschätzt werden konnte als für Sauen mit durchschnittigen Fesseln. Oder anders ausgedrückt: laut Zuchtwertschätzung ist von Sauen mit optimalen Fesseln zu erwarten, dass sie weniger Ferkel während der Säugeperiode erdrücken. Derselbe Effekt zeigte sich auch bei den Merkmalen Lahmheit und Seitenansicht ganzes Bein, vorne.

Zusammenfassend lässt sich sagen, dass die Aufnahme von Fundamentmerkmalen in das derzeitige Zuchtprogramm für die Mutterlinien der Rassen Landrasse und Edelschwein empfehlenswert ist und ein Zuchtfortschritt erzielt werden kann. Darüber hinaus kann eine gute Fundamentbeurteilung einer Sau auch als Indikator für eine verlängerte Nutzungsdauer sowie geringere Erdrückungsverluste herangezogen werden.

4.3 Publikationen

In diesem Kapitel werden die seit dem vorhergehenden Zwischenbericht entstandenen Publikationen angeführt. Detaillierte Literaturangaben finden sich in Kapitel 8.

4.3.1 Genetic analysis of feet and leg conformation and proportion of crushed piglets in Austrian Large White and Landrace sows

Abstract

Selection for feet and leg traits can increase longevity as well as several performance traits in sows. Moreover, good feet and leg quality contributes to improve animal welfare not only for sows, but also for piglets. Sows with feet and leg problems have a higher risk of crushing their piglets when lying down. Therefore, a feet and leg scoring scheme was derived and applied by trained assessors. Furthermore, piglet mortality rate by crushing was recorded. Genetic parameters as well as breeding values were estimated and the effect of the traits on piglet mortality rate by crushing was investigated. Data of 993 Large White and 299 Landrace sows of 23 nucleus farms were analyzed. Heritabilities ranged from 0.03 to 0.16 for piglet mortality rate by crushing and pastern fore legs. Some genetic correlations between feet and leg traits were significantly highly correlated (0.69 to 0.79). Sows with favorable scores for almost all feet and leg scores had higher estimated breeding values for piglet mortality rate. Higher values indicate less crushed piglets and are thus favorable. An introduction of a feet and leg scoring scheme into routine genetic evaluation may thus contribute to animal welfare improvement for sows and piglets.

Introduction

Besides economic losses, weak feet and legs present a serious welfare issue in various livestock species. They can lead to abnormal locomotion behavior as well as lameness. Animals experience distress and pain, which may reduce performance and finally lead to early culling (e.g. Hellbrügge, 2007; Köck et al., 2019). The culling rate in productive sows due to lameness ranges from 10 to 20% (Anil et al., 2009). Anil et al. (2009) found that there were fewer live born piglets in litters from lame sows compared to sows showing no signs of lameness. Le et al. (2015) estimated genetic correlations between eight feet, leg and toe traits and production traits of first and second parity purebred Yorkshire sows. The authors found positive genetic correlations between the number of live born piglets and sows with better feet, leg and toe scores ($r_a=0.20$ to 0.36). Furthermore, piglets of sows with weak feet and legs or lame sows may have a higher risk of being crushed by their mother. Sows with weak extremities, particularly of the hindquarters, are not able to lie down in a controlled and slow manner, which leads to a higher risk for injured and crushed piglets, especially in narrow farrowing pens or farrowing pens with crates (Damm et al., 2005; Pluym et al., 2013). Reasons for weak feet and legs, abnormal locomotion behavior and lameness can be manifold. Poor

housing conditions, unbalanced nutritional diets as well as genetic factors often cause weak feet and legs along with the consequences mentioned above (Luther et al., 2007; Heinonen et al., 2013). Furthermore, osteochondrosis lesions have an impact on feet and leg quality. Several authors estimated genetic parameters for osteochondrosis and feet and leg traits and found them to be moderately heritable and genetically correlated (Koning et al., 2012; Luther et al., 2007, Jørgensen and Andersen, 2000). Therefore, Koning et al. (2012) proposed to use several characteristics of feet and leg traits for selection. In Austria, boars and gilts are currently selected based on phenotypic overall characteristics by the official breeding organizations. However, no breeding values for feet and leg traits are available at time of selection when pigs are on average six months old. Additionally, Austrian animal welfare legislation currently allows sows to be crated for ten days during the insemination period, for five days before birth and during the whole suckling period. New legislation demands that as of 2033, sows are only allowed to be in farrowing pens five days before the expected farrowing date and can be crated until the critical phase for survival of the piglets is over (BMFG Austria, 2019). In the light of these developments, Austrian pig breeding organizations established a feet and leg scoring scheme as part of a more animal welfare friendly pig breeding program. The aims of this study were the application of a feet and leg scoring scheme in the Austrian nucleus population of Large White and Landrace sows, the estimation of genetic parameters for six derived feet and leg traits and to investigate how these traits affect piglet mortality rate by crushing during suckling period.

Animals, material and methods

The assessment was carried out on 23 nucleus farms in the three main pig producing counties in Austria (Styria, Lower, and Upper Austria) between October 2017 and July 2018. The 23 nucleus farms participated in a larger project, which was launched by the pig breeding organizations and BOKU University. Altogether, 1,309 Large White, Landrace, F1 and Duroc sows were assessed for this study. All sows on the breeding units were kept in compliance with Austrian animal welfare legislation (BMFG Austria, 2019).

Feet and leg scoring

A scoring scheme comprising six traits was established based on already existing feet and legs scoring schemes (Brandt and Henne, 2004; Fernández et al., 2005; Hellbrügge, 2007; Table 21).

Table 21 Feet and leg scoring scheme for Large White and Landrace sows.

Trait	Definition of trait	Range	Optimum
Side view fore legs	Extremely buckled to extremely sickled	-2 to 2	0
Pastern fore legs	Extremely high to extremely weak	-2 to 2	0
Side view hind legs	Extremely steep to extremely standing under	-2 to 2	0
Pasterns hind legs	Extremely high to extremely weak	-2 to 2	0
Claws	Equally long, one side is slightly longer, one or both sides are too long	0,1,2	0
Lameness	Not lame, lame	0 to 1	0

This feet and leg scoring scheme has not been applied on Austrian pig breeding farms before. Five employees of the breeding organizations were assigned to perform the assessment and were trained in one training session comprising a theoretical and a practical part. For the practical part, they had to assess 30 sows in different stages of production (gilt, waiting area, farrowing pen) using the above described feet and leg scoring scheme. These 30 sows were tagged with numbers and had been selected and assessed by the trainer from BOKU University beforehand. The scores of the trainer served as gold standard. To assess the agreement of the five employees with the gold standard, bias-adjusted kappa coefficients (Byrt et al., 1993) or percentage of agreement (for claws and lameness) were calculated. Employees had to obtain a kappa value or agreement, respectively, of at least 0.60 for each trait, otherwise employees were retrained. Routine data collection was carried out using an adopted application of the routine data collection software package 'Sauenplaner' (Intelicon, 2019). Each breeding unit was visited once during the data collection period. During this visit, one of the five employees scored the entire productive stock.

Piglet mortality by crushing

Austrian pig breeders collected fertility traits as well as piglet mortality routinely using the software package 'Sauenplaner' (Intelicon, 2019). In the course of this project, breeders were trained twice to assess the cause of death. A detailed description of training and recording of piglet mortality can be found in Schodl et al. (2019). For the present study, only the number of piglets which died by crushing of the sow were extracted and divided by the number of live born piglets to obtain piglet mortality rate by crushing. Two traits were defined for further genetic analyses. The first trait was defined as the piglet mortality rate by crushing within the first two days postpartum (CP_2D) and the second trait was defined as the piglet mortality

rate by crushing until the end of the suckling period (CP_35D). Litters with suckling periods longer than 35 days were discarded. Data of fertility traits and piglet mortality were recorded for the period of one year. Several sows farrowed more than once during this period and thus more than one observation for the traits CP_2D and CP_35D was available for these sows.

Statistical analysis

Data of leg scoring sows and piglet mortality were merged for Large White and Landrace, resulting in a final data set of 993 Large White and 299 Landrace sows from 20 farms. For CP_2D and CP_35D 1,672 records were available. Additionally, farrowing classes were derived based on the farrowing age of the sow (in months), resulting in eight different farrowing classes. Six farrowing seasons were defined to account for the month of farrowing, summarizing two consecutive months. All sows with parity equal to or higher than ten were summed up in one parity class, yielding ten parity classes. The five employees of the breeding organizations scored the sows over a period of almost a year. Therefore, classes for the time of scoring were created by combining two months, resulting in six scoring time classes. Furthermore, 15 classes were defined to correct for pregnancy stage. The pedigree was traced back as far as possible, yielding 13,961 animals. For all models, preliminary least squares analyses using the PROC MIXED of SAS version 9.4 (SAS Institute Inc., 2013) were used to select significant fixed effects to be included in the genetic analyses. Subsequently, random effects were added and analyses were conducted applying an average information algorithm using ASReml 3.0 (Gilmour et al., 2009). Heritabilities and breeding values were estimated fitting a univariate linear animal model. Genetic and phenotypic correlations for feet and leg traits were calculated fitting a bivariate linear animal model. The following models were fitted for feet and leg traits (Model 1) and for piglet mortality by crushing (Model 2).

Model 1:

$$yfl = \text{employee (farm)} + \text{farm} + \text{breed} + \text{farrowing class} * \text{parity} + \text{scoring time} + \text{pregnancy stage} + a + e$$

Model 2:

$$y_{cp} = \text{farm} + \text{breed} + \text{farrowing class} * \text{parity} + \text{farrowing season} + b * \text{npig} + a + p + e$$

where yfl and ycp are the phenotypic observations for feet and leg traits and piglet mortality by crushing, respectively; employee is the fixed effect for the employee of the breeding organizations. One employee visited different farms and thus the fixed effect farm was nested in the fixed effect employee. Breed accounts for the fixed effect of the sow breed Large White or Landrace. Further fixed effects were farrowing class, parity, scoring time, season of

farrowing and pregnancy stage. Furthermore, a represents the random additive genetic effect of the sow, p is the permanent environmental effect of the sow and e represents the residual effect. To account for litter size, the total number of born piglets was fitted as a covariate in the second model ($npig$). Breeding values for all traits were calculated as relative estimated breeding values (EBVs) on a rolling base with a mean of 100 and 20 points for one genetic standard deviation where higher values are desirable. For CP_2D and CP_35 breeding values were multiplied with -1 because higher EBVs are favorable, indicating less crushed piglets. And a lower proportion of crushed piglets should result in higher EBVs.

Due to the intermediate optimum of zero, a straightforward estimation of genetic and phenotypic correlations between feet and leg traits and crushed piglets was not performed in this study. Nevertheless, a simple ANOVA was conducted using PROC GLM of SAS version 9.4 (SAS Institute Inc., 2013) fitting the following model:

$$yEBV = score + e$$

where $yEBV$ represents the estimated breeding values of CP_2D and CP_35D, $score$ is the fixed effect of the score of all six feet and leg traits and e represents the residual effect. Tukey-Kramer was applied to test for significant differences between feet and leg traits.

Results

The bias-adjusted kappa coefficients for the employees ranged from 0.23 to 0.70 and differed between traits. High bias-adjusted kappa coefficients were achieved for front and hind pastern whereas kappa coefficients for side view of the front and hind legs were comparatively low. The percentage of agreement for lameness and claws ranged from 0.83 to 0.90. One employee was retrained and was able to achieve sufficient values afterwards. The distributions of the six feet and leg scores were narrow. For the traits side view fore legs 87.2%, pastern fore legs 67.6%, side view hind legs 70.6% and pastern hind legs 54.9% of the sows were scored 0, which reflects the intermediate optimum. On average, the means of the six feet and leg traits were close to zero. Regarding lameness, 96.5% of the sows were scored 0 (not lame) and 85.0% of the sows had equally long claws (score of 0). The descriptive statistics, heritabilities as well as EBVs of all traits are presented in Table 22. The percentage of crushed piglets almost doubled from day 1 to the end of the suckling period. Both, heritabilities and piglet mortality rate by crushing until day 2 and until the end of the suckling period were low. Heritabilities for feet and leg traits ranged from 0.03 for lameness to 0.16 for pastern fore legs. Standard errors were rather high and heritabilities were not significantly different from zero for the traits side view fore legs, claws, lameness and piglet mortality rate by crushing until day 2. EBVs were around the mean of 100. Table 3 presents genetic correlations of the six feet and leg traits. Almost all genetic correlations between feet and leg traits were moderate to high, but almost half of them were not significantly different from zero. A strong and significant genetic correlation was found between side view fore legs and

pastern fore legs ($r_a=0.77$), pastern fore legs and pastern hind legs ($r_a=0.77$), pastern fore legs and pastern hind legs ($r_a=0.67$), side view hind legs and pastern hind legs ($r_a=0.71$) and pastern hind legs and claw length ($r_a=0.79$), respectively. This means, that for example sows with weak fore leg pasterns also showed weak hind leg.

Table 22 Mean and standard deviation (SD) for feet and leg score and crushed piglets [%], respectively, and corresponding Minimum and Maximum (Min to Max). Corresponding heritability estimates (h^2) and their standard errors (SE). Mean estimated breeding values (EBV) and SD for feet and leg score and crushed piglets [%], respectively, and corresponding Min to Max.

Trait	Mean \pm SD	Min to Max	$h^2 \pm$ SE	EBV \pm SD	Min to Max
Side view fore legs	0.05 \pm 0.36	-1 to 2	0.09 \pm 0.05	98.1 \pm 7.6	67.7 to 138.6
Pastern fore legs	0.33 \pm 0.54	-1 to 2	0.16 \pm 0.05	97.9 \pm 9.2	69.1 to 135.6
Side view hind legs	0.09 \pm 0.55	-2 to 2	0.13 \pm 0.06	99.8 \pm 8.6	68.7 to 129.2
Pastern hind legs	0.47 \pm 0.57	-1 to 2	0.13 \pm 0.05	98.2 \pm 8.8	73.3 to 128.6
Claws	0.16 \pm 0.40	0 to 1	0.07 \pm 0.05	99.5 \pm 6.8	60.0 to 116.4
Lameness	0.03 \pm 0.17	0 to 1	0.03 \pm 0.04	100 \pm 4.7	71.3 to 110.8
Piglet mortality rate by crushing until day 2	1.78 \pm 0.48	5.00 to 40.0	0.03 \pm 0.02	101.8 \pm 6.2	74.0 to 125.0
Piglet mortality rate by crushing until weaning	3.99 \pm 7.60	5.00 to 40.0	0.04 \pm 0.02	105.2 \pm 19.5	35.0 to 170.0

Due to the fact that extreme scores (-2, 2, respectively) were rarely scored, they were subsumed under one score (-1, 1, respectively) to conduct the simple ANOVA. No significant differences for EBVs for piglet mortality rate by crushing until day 2 were found between feet and legs scores and thus results are not presented. Table 23 presents the Least squares means (LS-means) for the EBVs for piglet mortality rate by crushing until day 35 for the six phenotypic feet and leg traits. LS-means for EBVs for CP_35D for the traits SV_FL, P_FL and LA showed some significant differences between scores (p -values ranged from 0.011 to 0.023; Table 24).

Table 23 Estimated genetic correlations for the six feet and leg traits side view fore legs (SV_FL), pastern fore legs (P_FL), side view hind legs (SV_HL), pastern hind legs (P_HL), claw length (CL) and lameness (LA).

	P_FL	SV_HL	P_HL	CL	LA
SV_FL	0.77±0.24	-0.28±0.34	0.70±0.34	0.50±0.44	0.85±0.82
P_FL		-0.11±0.30	0.67±0.23	0.20±0.38	0.72±0.57
SV_HL			0.71±0.24	0.72±0.57	0.35±0.69
P_HL				0.79±0.34	0.52±0.49
CL					0.74±0.53

Table 24 Least-squares-means (LSM) for estimated breeding values for crushed piglets until day 35 for the six feet and leg traits side view fore legs (SV_FL), pastern fore legs (P_FL), side view hind legs (SV_HL), pastern hind legs (P_HL), claw length (CL) and lameness (LA).

Score	LSM SV_FL	LSM P_FL	LSM SV_HL	LSM P_HL	LSM CL	LSM LA
-1	102,6	96,5	109,9	104,6	-	-
0	105,9a	106,4a	106,1	104,7	105,4	105,5a
1	99,7b	103,1b	104,2	107,5	105,2	98,0b

^{a,b} indicate a significant difference between scores ($p < 0.05$)

Discussion

Training for the employees of the breeding organizations was important. Biased-adjusted kappa value showed a relatively high variation. However, a high-quality phenotypic measurement is crucial for producing reliable estimates and therefore assessors should be trained regularly to avoid assessment bias. Brennikmeyer et al. (2007) showed that agreement of assessment increased significantly with the number of training sessions. Heritabilities for feet and legs were low to moderate (0.03 to 0.16) and similar to previous studies, although slightly different definition of the traits and scoring schemes were applied (e.g. Brandt et al., 2004; Le et al., 2015; Luther et al., 2007). The used data sets were fairly small, nevertheless feet and leg traits may respond to selection when traits will be included into the breeding program in future. Also, the low heritabilities for piglet mortality rate by crushing were similar

to other studies (e.g. Grandinson et al., 2010). A larger number of records as well as repeated measurements of sows may yield higher heritabilities. However, not all nucleus sows in Austria have been scored for feet and leg traits yet and thus piglet mortality rate by crushing was only considered for sows with feet and leg scores. A higher heritability (0.07 ± 0.03) for the trait CP_35D was found when using a larger data set of the Austrian nucleus population (2,900 records). Furthermore, piglet mortality rate by crushing may also be used as one among other traits describing good maternal behavior. Between feet and leg traits, only few high and significant genetic correlations (0.67 to 0.79) were observed. Weak pastern seemed to be highly correlated with overgrown claws. This finding was also reported by Jørgenson and Andersen (2000). Sows with overgrown claws have a higher risk to get stuck in the slats of slatted floors which may lead to lesions and subsequent infections. In particular intensive conditions in pig farming, e.g. slatted floors and no bedding, restricted possibility to move around would therefore require good claw conditions to prevent further clinical problems. Selection for a good quality of feet and legs may not only increase performance and welfare of the sows, it may also reduce time needed for certain management practices, for example claw trimming. Sows that were scored with the optimum of zero for the traits SV_FL, P_FL, P_HL and CL as well as LA had higher or significantly higher EBVs for CP_35D, which is favorable (higher EBVs indicate less crushed piglets). Regarding the traits SV_HL and P_HL this finding could not be confirmed. Until now, a routine scoring of feet and legs is not done in the Austrian breeding program for the maternal lines Large White and Landrace. Based on the findings of the present study and further scientific literature an introduction of the above-mentioned feet and leg traits into routine performance testing is recommended. Besides, Le et al. (2015) showed that longevity was improved in sows with good feet and legs ($r_a = 0.24$ to 0.88). In Austria's routine genetic evaluation for dairy cattle, several conformation traits are used as auxiliary traits for functional longevity because strong genetic correlations exist (Pfeiffer et al., 2014). If a routine genetic evaluation is implemented and these traits are considered in the breeding goal, a positive genetic trend may be possible. In compliance with good management, animal welfare, performance and longevity as well as farm economics may be improved. Nevertheless, further research regarding the relationship between performance traits and functional longevity is required for the Austrian pig population. However, a larger number of records is needed for these analyses.

Conclusion

Results of the study showed that feet and leg traits as well as piglet mortality rate by crushing have a genetic background and feet and leg traits are genetically correlated. Nevertheless, more data are needed to gain higher variation for phenotypic scores. Although scores for feet and leg traits were corrected for assessors in the genetic model, regular training sessions

should be conducted to guarantee high quality phenotypic data. Good Feet and leg quality may also serve as an early indicator for sows with increased longevity and lower percentage of crushed piglets during their productive period. Routine feet and leg scoring may easily be implemented in the selection process and carried out by employees of the breeding organizations together with back fat measuring and weighing of gilts.

4.4 Bedeutung für die züchterische Praxis

Ein gutes Exterieur ist aus Sicht des Tierwohl aber auch aus ökonomischen Gesichtspunkten von großer Bedeutung. Änderungen der Haltungssysteme in Richtung Gruppenhaltung der tragenden Sauen bzw. keine permanente Fixierung während der Säugezeit spielen in diesem Zusammenhang ebenfalls eine große Rolle. Es ist daher empfehlenswert, eine Exterieurbeurteilung in das Zuchtprogramm der Mutterrassen aufzunehmen, um die Merkmale nicht aus den Augen zu verlieren bzw. in Anlehnung an die Rinderzucht geeignete Merkmale als Hilfsmerkmale in der Zuchtwertschätzung berücksichtigen zu können.

Auch wenn der Zusammenhang zwischen Fundamentmerkmalen und Erdrückungsverlusten mit dem vorliegenden Datensatz nicht statistisch abgesichert werden konnte, könnte eine Beurteilung des Exterieurs auch hinsichtlich der Erdrückungsverluste relevant sein. Eine Ursache dafür könnte die geringe Variation innerhalb der Beurteilungskategorien in dem zu kleinen Datensatz sein. Wie das vorzeitige Ausscheiden von lahmen Sauen auf den Betrieben zeigt, könnte eine Beurteilung des Fundaments auch hinsichtlich der Nutzungsdauer relevant sein. Dieser genetischen Zusammenhang müsste noch geschätzt werden, wofür ein aufwändigere Modell wie in Pfeiffer (2015) vorgeschlagen, benötigt wird.

Derzeit ist die Berücksichtigung im Zuchtprogramm noch nicht möglich, weil die Kosten der Leistungsprüfung im Feld noch nicht über den Zuchtverband finanziert werden können.

5 AP3 – Wurfqualität

Projektziele

- Erhebung von Einzelferkelgewichten bei der Geburt und beim Absetzen, Ferkel unter 1 kg Geburtsgewicht, gesamtes Wurfgewicht bei Geburt und Absetzen; Anzahl gesamt geborener Ferkel, Anzahl lebend geborener Ferkel, Anzahl tot geborener Ferkel, Anzahl mumifizierte Ferkel, Ferkelverluste durch Erdrücken, Verhungern, sonstiges. Die Einzelferkelwiegeung wird über den Zeitraum von einem Jahr durchgeführt.
- Schätzung von Heritabilitäten, phänotypischen und genetischen Korrelationen für die im vorhergehenden Punkt genannten Merkmale sowie für die Streuung der Geburtsgewichte.
- Schätzung von phänotypischen und genetischen Korrelationen zu anderen bereits bestehenden Merkmalen im Gesamtzuchtwert von Mutterlinien.
- Vereinfachte Wurfbonitur durch die LandwirtInnen im Hinblick auf folgende Parameter: Wurfausgeglichenheit, Schätzung Anzahl Ferkel unter 1 kg, Schätzung gesamtes Wurfgewicht bei Geburt und beim Absetzen, Ferkelvitalität. Die Wurfboniturung durch die ZüchterInnen soll zwei Jahre durchgeführt werden.
- Schätzung von Heritabilitäten, phänotypischen sowie genetischen Korrelationen der im vorhergehenden Punkt genannten Merkmale.
- Überprüfung der Übereinstimmung der genetischen Parameter für die Gewichts- und Leistungsmerkmale sowie die Merkmale aus der Wurfbonitur.
- Bei positivem Ausgang der oben genannten Punkte Implementierung neuer Merkmale in die Zuchtwertschätzung bzw. eines neuen Merkmales bzgl. Ferkelvitalität (Ferkelvitalitätsindex) in den Gesamtzuchtwert.
- Vorarbeiten für die Einführung einer routinemäßigen Feldleistungsprüfung zur Erhebung der Ferkelvitalität anhand der Ergebnisse aus Punkt 2 bis 6.

Alle Projektziele wurden erreicht und werden in den folgenden Kapiteln detailliert beschrieben.

5.1 Wurfvitalität

Bisher wurde bei der Zucht der Mutterlinien vor allem auf große Würfe geachtet, welche allerdings oft durch heterogene oder generell niedrige Geburtsgewichte gekennzeichnet sind. Vor allem die untergewichtigen Ferkel haben eine weitaus geringere Überlebenschance, was

zumeist zu höheren Sterblichkeitsraten während der Säugeperiode führt. Im Hinblick auf die Wurfqualität wurden im Rahmen dieses Projekts potentielle Selektionskriterien basierend auf Überlebensrate, Vitalität und Wachstum untersucht. Vitalität beschreibt die Stärke und Lebenskraft eines Ferkels und ist damit bestimmend für dessen Überlebensfähigkeit (Baxter et al. 2008; Mota-Rojas et al. 2005). Dafür wurde das im zweiten Zwischenbericht vorgestellte Beurteilungsschema, anhand dessen die ZüchterInnen die Vitalität eines Wurfes beurteilten (siehe Tabelle 25), anhand der Mortalitätsrate bis zum Absetzen validiert. Darüber hinaus wurden Heritabilitäten sowie genetische und phänotypische Korrelationen für die Vitalitätsbeurteilung, die Mortalitätsrate und die Anzahl gesamtgeborener Ferkel berechnet.

Tabelle 25 Schema zur Beurteilung der Ferkelvitalität auf Wurfebene durch die ZüchterInnen. Ferkel mit verringerter Vitalität sind schwach, blass, zeigen verminderte Aktivität und ungenügendes Säugen.

Kategorie	Definition
1	Mehr als vier Ferkel im Wurf mit weisen eine verringerte Vitalität auf
2	Drei bis vier Ferkel im Wurf weisen eine verringerte Vitalität auf
3	Ein bis zwei Ferkel im Wurf weisen eine verringerte Vitalität auf
4	Alle Ferkel im Wurf erscheinen vital

Die Saugferkelmortalität wurde anhand folgender Formel berechnet:

$$\text{Mortalität [\%]} = (\text{Saugferkelverluste bis zum Absetzen}) / (\text{lebendgeborene Ferkel}) \times 100$$

Weitere Details zur Datenerhebung können dem zweiten Zwischenbericht entnommen werden.

Die statistischen Analysen wurden mit SAS 9.4 (Gilmour et al. 2009) durchgeführt und es wurde ein Signifikanzniveau von $p < 0.05$ festgelegt. Um den Zusammenhang zwischen der Vitalitätsbeurteilung und Mortalitätsrate darzustellen, wurde der Spearman Rangkorrelationskoeffizient (PROC CORR) berechnet. Außerdem wurde ein gemischtes lineares Modell (PROC MIXED) für die Saugferkelmortalität [%] als abhängige Variable angepasst, welches die Vitalitätsbeurteilung (Kategorien 1 bis 4), Betrieb (1 bis 23), Geburtshilfe (ja, nein), Saison (Juli-August, September-Oktober, November-Dezember, Jänner-Februar, März-April, Mai-Juni), Saurasse (Edelschwein, Landrasse) und Wurfnummer (1, 2-3, 4-5, 6-7, 8-13) als fixe sowie Eber (1-284) und Sau (1970) innerhalb Betrieb (23) als zufällige Effekte beinhaltete. Paarweise Vergleiche wurden mittels Tukey's Test angestellt. Darüber

hinaus wurde außerdem eine logistische Regression (PROC GLIMMIX) durchgeführt, um die Odds Ratios und Wahrscheinlichkeiten für Saugferkelmortalität in jeder Vitalitätskategorie zu berechnen. Das endgültige Modell enthielt die binäre abhängige Variable Saugferkelmortalität (0 für Würfe ohne Saugferkelverluste, 1 für Würfe mit mindestens einem toten Ferkel), die fixen Effekte Betrieb, Geburtshilfe, Saison, Saurasse, Vitalitätsbeurteilung und Wurfnummer sowie die zufälligen Effekte Eber und Sau innerhalb Betrieb. Die Effektstufen entsprechen jenen des linearen gemischten Modells. Die genetischen Analysen wurden für 2.900 Würfe von 22 Betrieben aus dem Gesamtdatensatz durchgeführt. Außerdem wurden Ferkelklassen aus der Kombination von Erstferkelalter der Sau (in Monaten) und Wurfnummer abgeleitet. Der Pedigree wurde soweit wie möglich aufgebaut und umfasste 9.772 Tiere. Heritabilitäten sowie phänotypische und genotypische Korrelationen wurden anhand eines trivariaten linearen Tiermodells in ASReml (Koeck et al. 2010) geschätzt. Trotz der Ordinalskalierung der Vitalitätsbeurteilung wurde ein lineares Modell herangezogen, da diese aufgrund ihrer Robustheit gegen Abweichungen zur Normalverteilungsannahme üblicherweise in der Routinezuchtwertschätzung eingesetzt werden (Marchant et al. 2000). Folgendes Modell (Formel 1) wurde dabei angewandt:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wp} + \mathbf{e}$$

Formel 1 Trivariates lineares Tiermodell

wobei \mathbf{y} für die Merkmale Vitalitätsbeurteilung, Saugferkelmortalität (%) und Anzahl gesamtgeborene Ferkel steht. \mathbf{b} ist der Vektor der fixen Effekte (Betrieb, Saurasse, Saison, Ferkelklasse), \mathbf{a} der Vektor der zufälligen additiven genetischen Effekte der Sau, \mathbf{p} der Vektor der permanenten Umwelteffekte der Sau und \mathbf{e} bezeichnet die zufälligen Resteffekte. Für Vektor \mathbf{a} wurde eine multivariate Normalverteilung (MNV) mit $MNV(0, G=G_0 \otimes A)$ angenommen, wobei G_0 eine 3 x 3 additiv genetische Varianz-Kovarianzmatrix und A die Verwandtschaftsmatrix darstellt. Den Vektoren \mathbf{p} und \mathbf{w} wurde eine Normalverteilung (N) mit der Annahme $N(0, Ivp)$ bzw. $N(0, Ive)$ unterstellt, wobei I für die Identitätsmatrix, V_p für die permanente Umweltvarianz der Sau und V_e für die Residualvarianz stehen. X , Z und W stehen für die Inzidenzmatrizen der fixen, zufälligen und permanenten Umwelteffekte.

Die durchschnittliche Mortalitätsrate lag bei 12,6% mit einer Standardabweichung von 9,10%. Der mittlere Wert aus der Vitalitätsbeurteilung lag bei $3,64 \pm 0,59$. Mehr als die Hälfte aller erfassten Würfe wurde bei der Vitalitätsbeurteilung in Kategorie 4 (69,7%) eingestuft. Ein Viertel der Würfe befand sich in Kategorie 3 (25,6%), 4,04% in Kategorie 2 und 0,69% in Kategorie 1. Tabelle 26 zeigt die Ferkelmortalität für die vier Vitalitätsbeurteilungskategorien. Mit $\rho = -0,331$ erwies sich die Korrelation zwischen Saugferkelmortalität und

Vitalitätsbeurteilung als negativ. Das bedeutet, dass Würfe, welche in eine niedrigere Vitalitätskategorie eingestuft wurden, eine höhere Mortalitätsrate aufwiesen und umgekehrt. Das lineare gemischte Modell ergab einen signifikanten Einfluss der Vitalitätsbeurteilung, des Betriebs, der Saison sowie der Wurfnummer auf die Mortalitätsrate. Die Ferkelverluste in den Kategorien 1 und 2 waren in etwa gleich hoch. In allen anderen Kategorien unterschieden sie sich signifikant voneinander, wobei die Verluste in Kategorie 4 am geringsten ausfielen.

Tabelle 26 Anzahl Würfe, Kleinste-Quadrate-Mittelwerte sowie Standardfehler der Saugferkelmortalität [%] je Vitalitätsbeurteilungskategorie. Signifikante Unterschiede ($p < 0,05$, Tukey Test) zwischen Kategorien sind durch Hochbuchstaben gekennzeichnet.

	Kategorie 1	Kategorie 2	Kategorie 3	Kategorie 4
Anzahl Würfe	22	128	813	2.209
Saugferkelmortalität (%)	29,12 ^a	22,85 ^{ab}	15,72 ^c	7,98 ^d
Standardfehler	2,64	1,26	0,76	0,67

Tabelle 27 zeigt die Odds Ratios für die Vitalitätsbeurteilungskategorien 1 bis 3 im Vergleich zu Kategorie 4, die jeweiligen Schätzwerte und 95% Konfidenzintervalle sowie die Wahrscheinlichkeiten für Ferkelverluste in jeder der vier Vitalitätsbeurteilungskategorien. Die 95% Konfidenzintervalle zeigen an, dass sich die Kategorien 1 bis 3 alle signifikant von Kategorie 4 unterschieden. Die höchste Wahrscheinlichkeit für Ferkelverluste wurde für Kategorie 2 geschätzt.

Tabelle 27 Odds Ratios für Saugferkelmortalität in Wurfen der Vitalitätsbeurteilungskategorien 1-3 im Vergleich zu jenen der Kategorie 4, Wahrscheinlichkeiten [%] für Ferkelverluste je Vitalitätsbeurteilungskategorie und zugehörige Standardfehler.

Kategorie	Referenz 1	Odds Ratio	95% Konfidenzintervall	W für Ferkelverluste	Standardfehler
1	4	4,173	1,217 – 14,311	0,812	0,104
2	4	8,671	4,160 – 18,074	0,900	0,039
3	4	3,690	2,946 – 4,621	0,972	0,032
4	-	-	-	0,508	0,040

Der mittlere Wert für die Vitalitätsbeurteilung der Stichprobe für die genetischen Analysen lag bei $3,66 \pm 0,57$. Im Durchschnitt lag die Anzahl gesamt geborener Ferkel je Sau bei $14,10 \pm 3,3$ und die durchschnittliche Mortalitätsrate lag bei $12,8\% \pm 10,4\%$. Heritabilitäten sowie genotypische und phänotypische Korrelationen sind in Tabelle 28 dargestellt. Alle genetischen Parameter unterschieden sich signifikant von null und wiesen kleine Standardfehler auf.

Tabelle 28 Genetische Parameter für die Merkmale Vitalität, Anzahl gesamt geborener Ferkel und Mortalitätsrate. Heritabilitäten sind auf der Diagonale in fetter Schrift dargestellt, genetische Korrelationen finden sich oberhalb und phänotypische Korrelationen unterhalb der Diagonale.

	Vitalitätsbeurteilung	Anzahl gesamt geborener Ferkel	Mortalitätsrate
Vitalitätsbeurteilung	0,11 ±0,04	-0,68 ±0,16	-0,65 ±0,18
Anzahl gesamt geborener Ferkel	-0,28 ±0,02	0,19 ±0,04	0,59 ±0,16
Mortalitätsrate	-0,33 ±0,02	0,32 ±0,02	0,09 ±0,03

Die Vitalitätsbeurteilung durch die ZüchterInnen erfolgte innerhalb von 24 Stunden postpartum. Der größte Anteil der Saugferkelverluste ereignet sich bereits in den ersten 48 Stunden nach der Geburt. Erfolgte die Wurfbeurteilung gegen Ende der 24 Stunden, wäre es möglich, dass die ZüchterInnen nur mehr die lebenden Ferkel beurteilten und daher eine höhere Vitalitätsbeurteilungskategorie wählten. Im Gegensatz dazu könnte eine Beurteilung während der Geburt zu einem schlechteren Ergebnis geführt haben, wenn dabei eine hohe Anzahl an totgeborenen Ferkeln zu beobachten war. Um verlässlichere Ergebnisse zu erhalten, sollte in Zukunft auch der Zeitpunkt der Beurteilung postpartum sowie die Anzahl der zwischen Geburt und Beurteilung verendeten Ferkel angegeben werden.

Die Kleinste-Quadrate-Mittelwerte der Saugferkelverluste für die einzelnen Vitalitätsbeurteilungskategorien zeigen, dass die Anzahl von Kategorie 1 (geringste Vitalität) bis 4 (vital) sank. Dass es zwischen den Kategorien 1 und 2 keinen signifikanten Unterschied gab, könnte an der geringen Anzahl an Würfen in diesen beiden Kategorien gelegen haben. Bei der logistischen Regression zeigte sich ein ähnliches Ergebnis. Ferkel in den Vitalitätsbeurteilungskategorien 1 bis 3 hatten eine signifikant höhere Wahrscheinlichkeit zu sterben als jene in Kategorie 4. Der Wert in Kategorie 2 lag über jenem in Kategorie 1, was jedoch wiederum dem geringen Anteil an Würfen in Kategorie 1 geschuldet sein könnte. Eine weitere Erklärung könnte sein, dass Würfe in Kategorie 2 bereits wenig vital wirkten und daher eine Differenzierung zwischen Kategorie 1 und 2 für eine Vorhersage der Überlebenswahrscheinlichkeit nicht entscheidend wäre. Demzufolge wäre eine

Zusammenfassung dieser beiden Kategorie im Rahmen einer Anwendung auf Betrieben denkbar, auch wenn dies eine geringere Variabilität für dieses Merkmal bedeuten würde.

Das Ergebnis der Korrelation zwischen Vitalitätsbeurteilungskategorie und Saugferkelmortalität spiegelt die Ergebnisse der beiden Modelle wider, da ein mittelstarker negativer Zusammenhang gefunden wurde (De Roth and Downie 1976). Andere Studien, welche den Zusammenhang zwischen Ferkelvitalität und Mortalitätsrate untersuchten, konnten ähnliche Ergebnisse erzielen (Trujilo-Ortega et al. 2001 und 2007). Die in dieser Studie nicht allzu stark ausgeprägte Korrelation könnte dem Effekt unterschiedlicher BeurteilerInnen auf den verschiedenen Betrieben geschuldet sein.

Die Ergebnisse zeigen, dass das verwendete Beurteilungsschema ein valides Schema zur Beurteilung der Ferkelvitalität darstellt. Der Effekt unterschiedlicher BeurteilerInnen sollte so gering wie möglich gehalten werden, was durch regelmäßiges Training (z.B. anhand von Online-Ressourcen oder regulären Workshops) erzielt werden könnte. Ein Online-Training würde außerdem eine fortwährende Beurteilung der Übereinstimmung der BeurteilerInnen ermöglichen.

Die in dieser Studie gefundenen Heritabilitäten waren ähnlich zu jenen in anderen Studien. Gorssen et al. (Gorssen et al. 2018) beurteilten Pietrain-Würfe in Belgien und errechneten eine Heritabilität von $h^2=0,11$. Klein et al. (2018) wandten ein ähnliches Beurteilungsschema bei biologisch wirtschaftenden Betrieben mit Kreuzungssauen Deutscher Landrasse x Deutsches Edelschwein an und schätzten eine Heritabilität von $h^2=0,17$ $0,03$. Stratz et al. (2016) hingegen fanden niedrigere Heritabilitäten von $0,03 \pm 0,01$ bzw. $0,07 \pm 0,02$ nach Anwendung eines gemischten linearen bzw. eines Grenzwertmodells. Hervorzuheben ist, dass trotz unterschiedlicher Beurteilungsschemata, Anzahl an Beurteilern sowie Modellierungsansätzen ähnliche Heritabilitäten für dieses Merkmal gefunden werden konnten. Auch für die Anzahl gesamt geborener Ferkel wurden ähnliche Heritabilitäten bei Sauen der Rassen Landrasse ($0,11 \pm 0,01$) und Yorkshire ($0,14 \pm 0,02$) gefunden (Lund et al. 2002). Die negative genetische Korrelation zwischen Ferkelvitalität und Anzahl gesamt geborener Ferkel deutet darauf hin, dass die Zucht auf große Würfe die Vitalität der Ferkel negativ beeinflusst. Die positive Korrelation zwischen Anzahl gesamt geborener Ferkel und Mortalitätsrate deutet ebenfalls auf einen solchen Zusammenhang hin. Dies spiegelt die Ergebnisse anderer Studien wider, welche ähnliche genetische Korrelationen untersuchten (Klein et al. 2018; Lund et al. 2002). Die Ergebnisse zeigen somit, dass ausgehend von den geschätzten Heritabilitäten ein Zuchtfortschritt für Ferkelvitalität erreicht werden kann. Gleichzeitig würde die Anzahl gesamt geborener Ferkel aber auch die Mortalitätsrate während der Säugeperiode verringert werden. Auch wenn die Wurfgröße niedriger wäre, könnte die

verringerte Ferkelsterblichkeit einen eventuellen negativen Effekt auf die Anzahl abgesetzter Ferkel abfangen.

Die Integration des Ferkelvitalitätsmerkmals in Zuchtprogramme für Mutterlinien könnte zur Verbesserung des Wohlergehens von Schweinen beitragen. Ausgehend von dem in dieser Studie vorgeschlagenen Beurteilungsschema, wäre eine Kombination mit anderen Wurfqualitätsmerkmalen zu einem Ferkelvitalitätsindex wichtig, um ein nachhaltiges Zuchtprogramm zu erstellen.

5.2 Genetische Parameter Geburtsgewicht

Das Geburtsgewicht beeinflusst die Ferkelvitalität, somit auch die Ferkelverluste und die Wachstumsleistung der Tiere (Muns et al., 2013). Eines der Projektziele war es den genetischen Hintergrund dieses Merkmales besser zu verstehen. Dafür wurden insgesamt drei verschiedene Modelle angepasst:

- Modell 1: direkter additiv genetischer Effekt der Saugferkel
- Modell 2: direkter und maternaler genetischer Effekt
- Modell 3: direkter additiver genetischer Effekt der Sau sowie Wurfefekt

Das Merkmal individuelles Geburtsgewicht (IGG) wurde unterschiedlich definiert und jeweils mit allen drei Modellen ausgewertet:

- kontinuierlich, so wie aus den Wiegedaten hervorgegangen
- binär: 0 = Ferkel unter 1 kg, 1 = Ferkel ab 1 kg
- ordinalskaliert: 1 = Ferkel unter 1 kg, 2 = Ferkel zwischen 1 und 1,8 kg, 3 = Ferkel ab 1,8 kg

Zudem wurden die IGG aller Ferkel aus Reinzucht- und Kreuzungsanpaarungen gemeinsam sowie getrennt nach Reinzuchtanpaarungen (Edelschwein und Landrasse) ausgewertet. Im zweiten Zwischenbericht wurden bereits genetische Parameter für die ordinalskalierte Wurfbonitur präsentiert. Es hat sich gezeigt, dass es zu einer deutlichen Unterschätzung der Heritabilitäten kam. Da immer wieder die Diskussion auftritt, ob eine Bonitur der Wurfausgeglichenheit anhand einer Notenskala (siehe vorhergehende Zwischenberichte) ausreichend ist, soll hier anhand der IGG-Daten gezeigt werden, in welchem Ausmaß Varianzen durch diese Art von binäre bzw. ordinale Kategorisierung unterschätzt werden.

Insgesamt wurden individuelle Geburtsgewichte von 40.436 Ferkeln (Datensatz Gesamt), wovon 8.963 von Reinzucht-Edelschwein (Datensatz ES) und 1.755 von Reinzucht-Landrasse (Datensatz LR) stammten, ausgewertet.

Modell 1 und Modell 2: Der Pedigree wurde soweit als möglich aufgebaut und umfasste 54.631 Tiere im Datensatz Gesamt, 14.023 Tiere im Datensatz ES und 5.320 Tiere im Datensatz LR. Modell 3: Der Pedigree wurde soweit als möglich aufgebaut und umfasste 8.580 Tiere im Datensatz Gesamt, 12.508 Tiere im Datensatz ES und 3.801 Tiere im Datensatz LR.

Für die Schätzung der genetischen Parameter wurde die Software VCE 6.0 (Groeneveld et al., 2010) verwendet. Für alle drei Schätzmodelle wurde ein lineares Tiermodell angepasst:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Z_d a_d} + \mathbf{e}$$

Formel 2 Modell 1 individuelle Geburtsgewichte

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Z_d a_d} + \mathbf{Z_m a_m} + \mathbf{e}$$

Formel 3 Modell 2 individuelle Geburtsgewichte

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Z_d a_d} + \mathbf{Wc} + \mathbf{e}$$

Formel 4 Modell 3 individuelle Geburtsgewichte

wobei y das Merkmal IGG (kontinuierlich, binär bzw. ordinal) bezeichnet. B steht für den Vektor der fixen Effekte (Jahr-Saison, Ferkelklasse, Wurfnummer, Betrieb), Vektor $a(d)$ für den zufälligen direkten additiv genetischen Effekt der Ferkel, $a(m)$ für den zufälligen maternalen genetischen Effekt, Vektor c für den zufälligen, nicht-genetischen Wurfefekt der gemeinsam geborenen Ferkel und Vektor e für den zufälligen Resteffekt. X , Z und W stehen für die Inzidenz-Matrizen. Die Anzahl der gesamtgeborenen Ferkel wurde in allen drei Modellen als Kovariable angepasst. Es wurde angenommen, dass die Vektoren $a(d)$ und $a(m)$ einer univariaten Normalverteilung (N) mit der Annahme $N(0, AV_d)$ und $N(0, AV_m)$ entsprechen,

wobei A die additiv genetische Verwandtschaftsmatrix, Vd die direkte additiv genetische Varianz und Vm die maternal genetische Varianz darstellen. Vektor c und e wurde eine Normalverteilung (N) mit der Annahme $N(0, IVc)$ und $N(0, IVe)$ unterstellt, wobei I die Identitätsmatrix, Vc die zufällige Wurfvarianz der gemeinsam geborenen Ferkel und Ve die Residualvarianz darstellt. Bei Modell 2 wurde zudem eine Kovarianz (Vdm) zwischen direkten additiv genetischen und maternalen genetischen Effekt angenommen.

Tabelle 29 zeigt die Ergebnisse der durchschnittlichen Individuellen Geburtsgewichte und ihre Standardabweichung (Stabw), Minimum sowie Maximum aller Ferkel (Gesamt), der Edelschwein-Ferkel und der Landrasse-Ferkel. Tabelle 30 bis Tabelle 32 zeigen die genetischen Parameter aus den unterschiedlichen Schätzmodellen und Merkmalsdefinitionen.

Tabelle 29 Mittlere individuelle Geburtsgewichte (IGG) und deren Standardabweichung (Stabw) sowie Minimum und Maximum für Ferkel aus dem gesamten Datensatz (Edelschwein und Landrasse gemeinsam) sowie nach Edelschwein und Landrasse getrennt.

Rasse	IGG \pm Stabw	Minimum	Maximum
Gesamt	1,42 \pm 0,37	0,10	3,26
Edelschwein	1,44 \pm 0,38	0,10	2,78
Landrasse	1,49 \pm 0,37	0,50	2,86

Tabelle 30 Genetische Parameter für das individuelle Geburtsgewicht, der binären Variable Geburtsgewicht (0 = Ferkel unter 1 kg, 1 = Ferkel ab 1 kg) sowie der ordinalskalierten Variable Geburtsgewicht (1 = Ferkel unter 1 kg, 2 = Ferkel zwischen 1 und 1,8 kg, 3 = Ferkel ab 1,8 kg) aus dem direkten Schätzmodell. V=Varianz, h²=Heritabilität.

Rasse	Merkmal	V Ferkel	V Residual	h ² Ferkel
Alle	Gewicht	0,042	0,074	0,36 \pm 0,05
Alle	Binär	0,010	0,100	0,10 \pm 0,02
Alle	Ordinal	0,070	0,190	0,26 \pm 0,04
Edelschwein	Gewicht	0,052	0,071	0,42 \pm 0,12
Edelschwein	Binär	0,016	0,099	0,14 \pm 0,07
Edelschwein	Ordinal	0,074	0,199	0,27 \pm 0,09
Landrasse	Gewicht	0,090	0,033	0,73 \pm 0,08

Rasse	Merkmal	V Ferkel	V Residual	h ² Ferkel
Landrasse	Binär	0,013	0,073	0,15±0,04
Landrasse	Ordinal	0,083	0,173	0,32±0,35

Tabelle 31 Genetische Parameter für das individuelle Geburtsgewicht, der binären Variable Geburtsgewicht (0 = Ferkel unter 1 kg, 1 = Ferkel ab 1 kg) sowie der ordinalskalierten Variable Geburtsgewicht (1 = Ferkel unter 1 kg, 2 = Ferkel zwischen 1 und 1,8 kg, 3 = Ferkel ab 1,8 kg) aus dem direkt-maternalen Schätzmodell. V=Varianz, h²=Heritabilität.

Rasse	Merkmal	V Ferkel	V Sau	V Residual	h ² Ferkel	h ² Sau
Alle	Gewicht	0,024	0,037	0,083	0,18 ±0,03	0,27 ±0,04
Alle	Binär	0,006	0,110	0,100	0,05±0,01	0,09 ±0,02
Alle	Ordinal	0,035	0,052	0,210	0,12 ±0,02	0,18 ±0,03
Edelschwein	Gewicht	0,027	0,049	0,085	0,21 ±0,05	0,39 ±0,08
Edelschwein	Binär	0,006	0,005	0,104	0,05 ±0,03	0,05 ±0,02
Edelschwein	Ordinal	0,041	0,052	0,218	0,13 ±0,04	0,17 ±0,05
Landrasse	Gewicht	0,010	0,016	0,124	0,01 ±0,09	0,13 ±0,06
Landrasse	Binär	0,001	0,003	0,079	0,01 ±0,04	0,04 ±0,05
Landrasse	Ordinal	0,030	0,05	0,200	0,11 ±0,10	0,20 ±0,03

Tabelle 32 Genetische Parameter für das individuelle Geburtsgewicht, die binäre Variable Geburtsgewicht (0 = Ferkel unter 1 kg, 1 = Ferkel ab 1 kg) sowie die ordinalskalierte Variable Geburtsgewicht (1 = Ferkel unter 1 kg, 2 = Ferkel zwischen 1 und 1,8 kg, 3 = Ferkel ab 1,8 kg) aus dem direkt der Sau zugeordneten Schätzmodell. V=Varianz, h²=Heritabilität, Wurfvarianz (C²).

Rasse	Merkmal	V Wurf	V Sau	V Residual	C ² Wurf	h ² Sau
Alle	Gewicht	0,018	0,019	0,091	0,14 ±0,01	0,15 ±0,01
Alle	Binär	0,007	0,004	0,104	0,06 ±0,01	0,04 ±0,53
Alle	ordinal	0,028	0,030	0,220	0,10 ±0,01	0,11 ±0,01
Edelschwein	Gewicht	0,020	0,016	0,095	0,15 ±0,02	0,12 ±0,02
Edelschwein	Binär	0,005	0,004	0,106	0,04 ±0,01	0,04 ±0,01

Rasse	Merkmal	V Wurf	V Sau	V Residual	C ² Wurf	h ² Sau
Edelschwein	ordinal	0,032	0,024	0,289	0,11 ±0,02	0,08 ±0,02
Landrasse	Gewicht	0,005	0,028	0,11	0,05 ±0,03	0,15 ±0,05
Landrasse	Binär	0,001	0,001	0,079	0,01 ±0,01	0,07 ±0,02
Landrasse	ordinal	0,005	0,028	0,077	0,05 ±0,03	0,26 ±0,05

Die durchschnittlichen IGG lagen in ähnlichen Bereichen wie bei anderen Edelschwein- und Landrasse-Population (e.g. Kapell et al., 2011). Hohe Heritabilitäten wurden geschätzt, wenn IGG als kontinuierliches direktes Merkmal dem Saugferkel zugeordnet wurde. In allen Modellen zeigte sich – wie erwartet – der bereits bei der Wurfbonitur beobachtete Trend für die Merkmalsdefinition: im Falle einer binären und ordinalskalierten Merkmalsdefinition kam es zu einer deutlichen Unterschätzung der Varianz. Die Residualvarianz war für das kontinuierliche IGG-Merkmal in allen drei Modellen geringer. Dies bestätigt abermals, dass für die züchterische Bearbeitung dieses Merkmals das Wiegen der Ferkel unmittelbar nach der Geburt unumgänglich ist. Je nach Modell-Ansatz decken sich die Heritabilitäten bzw. auch die Wurfvarianz der gemeinsam geborenen Saugferkel mit anderen wissenschaftlichen Arbeiten (z.B. Roehe und Kalm, 2000, Knol et al., 2002).

5.3 Genetische Parameter für Gewichtsmerkmale, Wurfvitalität und Wurfgröße

5.3.1 Absetzgewicht

Die Ferkel wurden kurz vor oder direkt beim Absetzen wurfweise gewogen. Nachdem sowohl Wiege- als auch Absetzzeitpunkt zwischen den Betrieben variierten, wurde zunächst untersucht, ob zwischen dem Gewicht der Ferkel und dem Wiegezeitpunkt ein linearer Zusammenhang besteht. Dafür wurde ein gemischtes Modell (PROC MIXED) für das durchschnittliche Absetzgewicht berechnet. Als fixe Effekte wurden Saurasse (Edelschwein, Landrasse, F1), Ferkelklasse*Wurfnummer, Wiegesaison, Gute Mutter (ja, nein, nicht beobachtet) und Oxytocingabe (ja, nein) berücksichtigt. Ferkelklasse*Wurfnummer sowie Wiegesaison wurden analog zu den Effekten Ferkelklasse*Wurfnummer bzw. Jahr-Saison (mit Wiegedatum anstelle des Abferkeldatums) im Modell für die Erdrückungsverluste in Abhängigkeit der Exterieurbeurteilung in Kapitel 4.1 (S. 35f) erstellt. Die Anzahl verletzter Zitzen, das Alter beim Wiegen, die Anzahl lebend geborener Ferkel sowie das durchschnittliche Geburtsgewicht wurden als Kovariablen definiert. Zufällige Faktoren waren

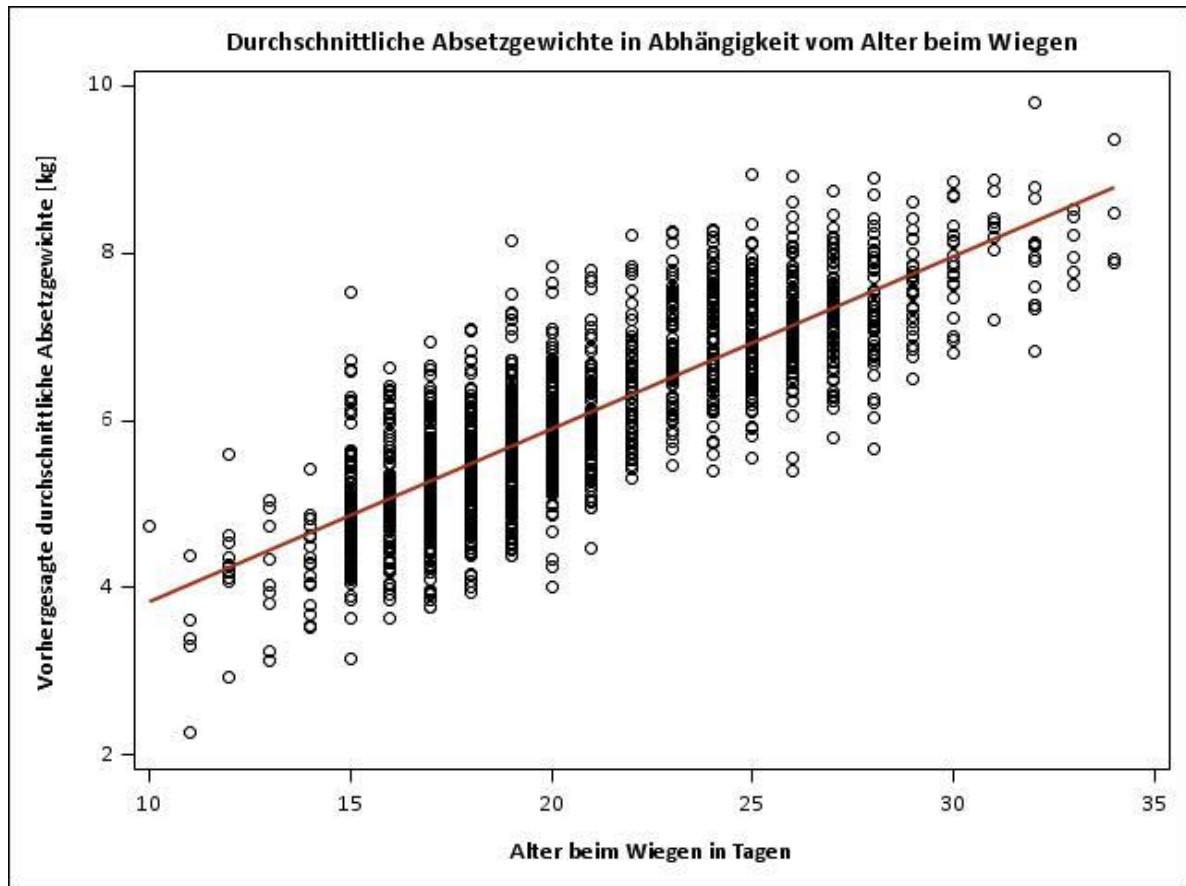
Betrieb und die wiederholte Beobachtung je Sau innerhalb Betrieb. Die Ergebnisse der Modelle sind in Tabelle 33 dargestellt.

Tabelle 33 Ergebnisse des gemischten Modells für das durchschnittliche individuelle Absatzgewicht. LSM = Kleinste-Quadrate-Mittelwerte für durchschnittliches Absatzgewicht in kg. SE = Standardfehler in kg.

Effekt	p-Wert	Effektstufe	LSM	SE
Saurasse	<0,001	Edelschwein	5,65 ^a	0,12
		Landrasse	5,87 ^a	0,14
		F1	5,05 ^b	0,18
FC*WN	<0,001			
Wiegesaion	<0,001			
Gute Mutter	<0,001	Ja	5,78 ^a	0,12
		Nein	5,56 ^b	0,14
		Nicht beurteilbar	5,24 ^b	0,18
Oxytocin	0,013	Ja	5,46	0,13
		Nein	5,59	0,13
Anzahl verletzte Zitzen	0,106			
Alter beim Wiegen	<0,001			
Durchschnittliches Geburtsgewicht	<0,001			
Anzahl lebend geborene Ferkel	<0,001			

Abbildung 2 zeigt, dass zwischen dem Alter der Ferkel beim Wiegen und deren Gewicht ein linearer Zusammenhang besteht. Vor diesem Hintergrund können die Daten für die Parameterschätzung verwendet werden, solange auf das Alter der Tiere beim Wiegen korrigiert wird.

Abbildung 2 Durchschnittliches individuelles Absetzgewicht in Abhängigkeit vom Alter der Ferkel beim Wiegen.



Insgesamt wurden 3.309 Datensätze von 1.964 Sauen für die Parameterschätzung herangezogen. Tabelle 34 zeigt die deskriptive Statistik der verwendeten Daten.

Tabelle 34 Mittelwert, Standardabweichung (Stabw), Minimum und Maximum der Gewichtsmerkmale und der Wurfvitalität.

Merkmal	Mittelwert ± Stabw	Minimum	Maximum
Durchschnittliches Geburtsgewicht (kg)	1,45±0,26	0,70	3,1
Streuung der Geburtsgewichte (kg)	0,28±0,10	0,10	0,80
Wurfvitalität (Punkte)	3,60±0,59	1,00	4,00
Wurfgewicht Geburt (kg)	18,5±4,33	4,33	35,3
Durchschnittliches Absetzgewicht (kg)	6,00±1,34	3,00	10,0
Wurfgewicht Absetzen (kg)	72,7±20,4	5,4	138

Heritabilitäten wurden univariat, die phänotypischen und genetischen Korrelationen bivariat geschätzt. Für die Parameterschätzung wurde folgende lineare Tiermodelle angepasst:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wp} + \mathbf{e}$$

Formel 5 Lineares Tiermodell für die Merkmale durchschnittliches Geburtsgewicht, Streuung der Geburtsgewichte, gesamtes Wurfgewicht bei der Geburt, gesamtes Wurfgewicht beim Absetzen, durchschnittliches Absetzgewicht je Wurf

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wp} + \mathbf{Sz} + \mathbf{e}$$

Formel 6 Lineares Tiermodell für das Merkmal Wurfvitalität

wobei \mathbf{y} die Merkmale durchschnittliches Geburtsgewicht (DGG), Streuung der Geburtsgewichte (SDGG), Wurfvitalität (WV), Wurfgewicht Geburt (WGG), Wurfgewicht beim Absetzen (WGA) und durchschnittliches Absetzgewicht (DAG) darstellt. Vektor \mathbf{b} steht für den Vektor der fixen Effekte (Ferkelklasse, Rasse, Betrieb) und Wiegesaison-Absetzen (nur für das durchschnittliche Absetzgewicht und Wurfgewicht beim Absetzen), Vektor \mathbf{z} für den zufälligen Effekte (Belegeber), Vektor \mathbf{p} für den permanenten Umwelteffekt der Sau, \mathbf{a} für den additiv genetischen Effekt der Sau und Vektor \mathbf{e} für den zufälligen Resteffekt. \mathbf{X} , \mathbf{S} , \mathbf{W} und \mathbf{Z} stehen für die Inzidenzmatrizen. Die Anzahl der gesamtgeborenen Ferkel wurde für die Merkmale DGG, SDGG, WV und WGG als Kovariable angepasst. Für das Merkmale DAG wurde das Wiegealter, die Anzahl lebend geborene Ferkel und das durchschnittliche Geburtsgewicht als Kovariable ins Modell genommen. Für das Merkmal WGA wurde das Wiegealter, Anzahl lebend geborener Ferkel, Anzahl abgesetzter Ferkel sowie das Wurfgewicht zur Geburt als Kovariable ins Modell genommen. Es wurde angenommen, dass Vektor \mathbf{a} einer multivariaten Normalverteilung (MNV) mit $\text{MNV}(\mathbf{0}, \mathbf{G} = \mathbf{G}_0 \otimes \mathbf{A})$ entspricht, wobei \mathbf{G}_0 eine 2×2 additiv genetische Varianz-Ko-Varianzmatrix und \mathbf{A} die Verwandtschaftsmatrix präsentiert. Vektor \mathbf{z} , \mathbf{p} und \mathbf{e} wurde eine Normalverteilung (N) mit der Annahme $N(\mathbf{0}, \mathbf{I}v_z)$, $N(\mathbf{0}, \mathbf{I}v_p)$ und $N(\mathbf{0}, \mathbf{I}v_e)$ unterstellt, wobei \mathbf{I} die Identitätsmatrix, V_z die Belegebervarianz, V_p die permanente Umweltvarianz der Sau und V_e die Residualvarianz darstellen.

Tabelle 35 Additiv genetische Varianz (Va), Belegeber-Varianz (Vz), permanente Umweltvarianz der Sau (Vp), Residualvarianz (Ve) sowie die Heritabilitäten (h²) und ihre Standardfehler (SE) für die Gewichtsmerkmale und die Wurfvitalität.

Merkmal	Va	Vz	Vp	Ve	h ² ±SE
Durchschnittliches Geburtsgewicht (kg)	0,017		0,003	0,026	0,37 ±0,03
Streuung der Geburtsgewichte (kg)	0,014		3,20E-12	0,006	0,18 ±0,02
Wurfvitalität (Punkte)	0,015	<0,001	0,027	0,227	0,06 ±0,02
Wurfgewicht Geburt (kg)	2,582	-	0,76	7,06	0,25 ±0,04
Durchschnittliches Absetzgewicht (kg)	0,115		0,075	0,481	0,17 ±0,04
Wurfgewicht Absetzen (kg)	9,358		11,165	51,62	0,13 ±0,04

Tabelle 36 Korrelationsmatrix für die bivariaten Schätzungen der Merkmale Wurfgewicht Geburt (WGG), durchschnittliches Geburtsgewicht (DGG), Streuung der Geburtsgewicht (SDGG), Wurfvitalität (WV), Wurfgewicht Absetzen (WGA) und durchschnittliches Absetzgewicht (DAG). Genetische Korrelationen und ihre Standardfehler finden sich auf der oberen und phänotypische Korrelationen auf der unteren Dreiecksmatrix. Univariat geschätzte Heritabilitäten und ihre Standardfehler sind auf der Diagonalen dargestellt.

	WGG	DGG	SDGG	WV	WGA	DAG
WGG	0,37 ±0,05	0,98 ±0,02	0,45 ±0,11	0,84 ±0,09	0,27 ±0,16	0,71 ±0,10
DGG	0,75	0,25 ±0,04	0,37 ±0,08	0,68 ±0,13	0,43 ±0,13	0,65 ±0,09
SDGG	0,10	0,06	0,18 ±0,02	0,14 ±0,18	0,29 ±0,15	0,45 ±0,14
WV	0,32	0,34	-0,17	0,06 ±0,02	0,51 ±0,26	0,63 ±0,22
WGA	0,03	0,21	0,08	0,01	0,13 ±0,04	1 ±0,00
DAG	0,30	0,34	0,11	0,08	0,97	0,17 ±0,04

5.4 Wurfvitalitätsindex

Aufgrund der unzureichenden Übereinstimmung der Beurteilung der Wurfausgeglichenheit mit den Einzelgeburtsgewichten der Ferkel wurde gemeinsam mit den Zuchtverbänden beschlossen, für die künftige Feldleistungsprüfung der Sauen die Ferkel einzeln zu wiegen. Die Ergebnisse der genetischen Parameter der Wurfbonitur sowie die Übereinstimmung mit den tatsächlichen Ferkelgewichten wurden im zweiten Zwischenbericht im Kapitel 3.1.1.3.3. beschrieben.

Den Zuchtverbänden wurde am 28.08.2019 eine mögliche Gewichtung der Merkmale durchschnittliches Geburtsgewicht (DGG), Standardabweichung durchschnittliches Geburtsgewicht (SDGG) sowie Wurfvitalität (WV) präsentiert. Aufgrund der Heritabilitäten, genetischen Korrelationen zueinander bzw. zu anderen wichtigen Merkmalen der Fruchtbarkeit und der Genauigkeit der Datenerfassung auf den Zuchtbetrieben wurde die relative Gewichtung (in Prozent) 30:50:20 für DGG:SDGG:WV beschlossen.

Für die Erstellung des Wurfvitalitätsindex für die Routinezuchtwertschätzung wurde abermals eine Parameter- und anschließend eine Zuchtwertschätzung durchgeführt. Die Varianz-Kovarianz-Struktur der Parameterschätzung wurde der ÖSPA für die ZWS zur Verfügung gestellt. Die ZWS diente zur Überprüfung der ZW mit den phänotypischen Leistungen der Sauen und Eber sowie zur Überprüfung der Umrangierung der Tiere durch die neue ZWS. In den nachstehenden Kapiteln 5.4.1 und 5.4.2 sind Tiere, Material und Methoden beschrieben. Im Anschluss erfolgt eine gemeinsame Diskussion für die praktische Zuchtarbeit.

5.4.1 Parameterschätzung Wurfvitalitätsindex

Insgesamt wurden 2.552 Datensätze von 1.571 Sauen (1.980 Edelschwein und 572 Landrasse) für die Schätzung der genetischen Parameter verwendet. Die fixen und zufälligen Effekte im linearen Tiermodell wurden von der ÖSPA übernommen und um weitere wichtige Effekte ergänzt. Folgendes trivariates Tiermodell wurde angepasst:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Sz} + \mathbf{Wp} + \mathbf{Za} + \mathbf{e}$$

Formel 7 Lineares Tiermodell Wurfvitalitätsindex

wobei y für die Merkmale DGG, SDGG und WV steht. Vektor b ist der Vektor für die fixen Effekte (Wurfnummer, $\text{Wurfnummer} \cdot \text{Erstferkelalter}$, Abferkelsaison, Rasse), Vektor z für die zufälligen Effekte (Jahres-Betriebseffekt, bzw. bei WV Belegeber), Vektor p für den permanenten Umwelteffekt der Sau, Vektor a für den additiv genetischen Effekt der Sau und Vektor e für den zufälligen Resteffekt. X , S , W und Z präsentieren die Inzidenzmatrizen. Die Anzahl der gesamtgeborenen Ferkel wurde in allen drei Modellen als Kovariable angepasst. Es wurde angenommen, dass Vektor a einer multivariaten Normalverteilung (MNV) mit $\text{MNV}(0, G = G_0 \otimes A)$ folgt, wobei G_0 eine 3×3 additiv genetische Varianz-Ko-Varianzmatrix und A die Verwandtschaftsmatrix präsentiert. Für Vektor z , p und e wurde eine Normalverteilung (N) mit der Annahme $N(0, I_{vz})$, $N(0, I_{vp})$ und $N(0, I_{ve})$ angenommen, wobei I die Identitätsmatrix, V_z die Belegebervarianz bzw. Jahres-Betriebseffektvarianz, V_p die permanente Umweltvarianz der Sau und V_e die Residualvarianz darstellen.

Der Pedigree wurde soweit wie möglich aufgebaut und umfasste 7.942 Tiere. Für die Schätzung der genetischen Parameter wurde die Software VCE 6.0 (Groeneveld et al., 2010) verwendet.

Nachstehende Tabelle 37 zeigt die deskriptive Statistik der Merkmale DGG, SDGG und WV.

Tabelle 37 Anzahl Datensätze (N), Mittelwert, Standardabweichung (Stabw), Minimum (Min) und Maximum (Max) der Merkmale Durchschnittliche Geburtsgewicht je Wurf in kg, Standardabweichung der Geburtsgewichte je Wurf in kg, Wurfvitalität.

Merkmal	N	Mittelwert	Stabw	Min	Max
Durchschnittliches Geburtsgewicht (kg)	2.550	1,45	0,25	0,70	2,50
Standardabweichung	2.418	0,28	0,10	0,10	0,80
Wurfvitalität	2.551	3,64	0,60	1,00	4,00

Tabelle 38 präsentiert die Heritabilitäten, ihre Standardfehler sowie phänotypische und genetische Korrelationen und ihre Standardfehler der Merkmale DGG, SDGG und WV.

Tabelle 38 Heritabilitäten und ihre Standardfehler auf der Diagonalen, genetische Korrelationen und ihre Standardfehler auf der oberen Dreiecksmatrix und phänotypische Korrelationen auf der unteren Dreiecksmatrix für die Merkmale Durchschnittliches Geburtsgewicht, Standardabweichung der Geburtsgewichte je Wurf und Wurfvitalität.

	Geburtsgewicht	Standardabweichung	Wurfvitalität
Geburtsgewicht	0,36 ±0,04	0,41 ±0,0004	0,60 ±0,003
Standardabweichung	0,10	0,15 ±0,03	-0,01 ±0,001
Wurfvitalität	0,33	-0,18	0,06 ±0,02

Die Gesamtvarianz, die genetische Varianz, die Standardabweichung sowie die Heritabilität des Wurfvitalitätsindex (WVI), unter der Berücksichtigung der Gewichtung der Merkmale, wurden ebenfalls berechnet. Für diese Berechnungen wurden die Varianzen und Kovarianzen der Merkmale herangezogen. Für die Zuchtplanungsrechnung wurde die gleichen Methoden gewählt, allerdings war der Datensatz etwas kleiner. Die Ergebnisse unterschieden sich erst ab der dritten Nachkommastelle, weshalb hier auf eine Darstellung verzichtet wurde.

Die Berechnung der genetischen Parameter für den WVI erfolgte unter Berücksichtigung der Gewichtung der einzelnen Merkmale (DGG, SDGG, WV). Die Heritabilität für den WVI betrug 0,21, die Gesamtvarianz 0,0127, die genetische Varianz 0,0026 und die additive genetische Standardabweichung 0,05.

5.4.2 Zuchtwertschätzung Wurfvitalitätsindex

Die ZWS erfolgte trivariat mit dem in Kapitel 5.4.1 beschriebenen Modell. Die angenommenen Varianz-Kovarianzmatrizen wurden der vorangegangenen Parameterschätzung entnommen. Die Zuchtwertschätzung erfolgte mit der Software pestf90 (Groeneveld et al., 1999). Die Naturalzuchtwerte wurden auf ein Populationsmittel von 100 und eine Streuung von 20 Punkten aufgrund der wahren genetischen Standardabweichung standardisiert. Die Basis der Zuchtwertschätzung wurde von der ÖSPA übernommen. Den Bezugspunkt für die geschätzten Zuchtwerte stellten alle Herdebuchsaunen und -eber mit einem Alter zwischen drei und fünf Jahren dar. Die Naturalzuchtwerte wurden gedreht, damit alle Merkmale des Indexes züchterisch in die wünschenswerte Richtung zeigen. Für die Berechnung des WVI wurden die standardisierten ZW der Merkmale DGG, SDGG und WV mit ihrem Gewicht (30:50:20) multipliziert und dann addiert. Die Sicherheiten der ZW wurden mit der Predicted Error Varianz berechnet. Auch die Sicherheit des WVI wurde nach diesem approximativen Ansatz berechnet. Für weitere Auswertungen zur Überprüfung der Zuchtwerte werden nur Saunen mit phänotypischen Leistungen in den Merkmalen (DGG, SDGG und WV) herangezogen.

Abbildung 3 zeigt die Verteilung der Wurfvitalitätsindizes der Sauen mit phänotypischer Leistung (n=1.571).

Abbildung 3 Verteilung der Wurfvitalitätsindizes der 1.571 Sauen mit phänotypischer Leistung.

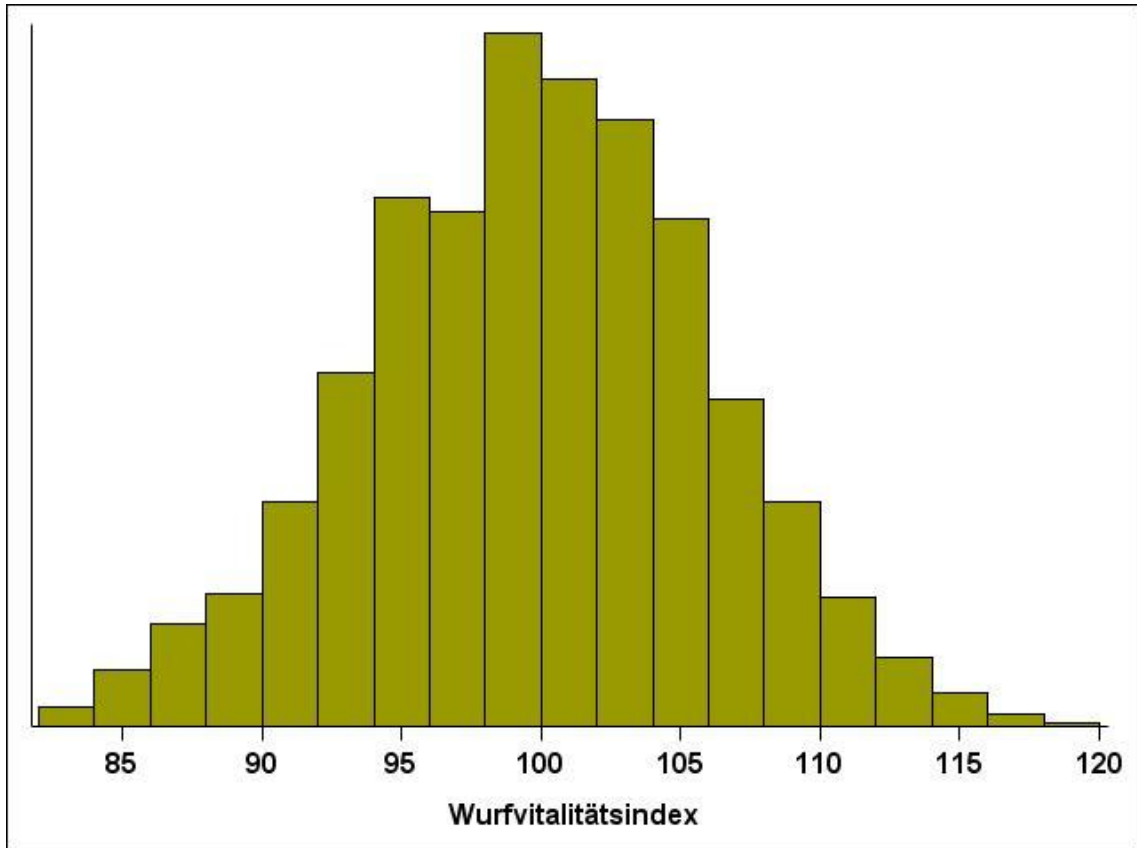


Tabelle 39 präsentiert die Mittelwerte, Standardabweichung, Minimum und Maximum der ZW und Sicherheiten für DGG, SDGG, WV und WVI der Sauen mit phänotypischer Leistung. Tabelle 39 zeigt die Ergebnisse der beiden Mutterlinien gemeinsam, Tabelle 40 und Tabelle 41 jeweils getrennt für die Rassen Edelschwein bzw. Landrasse.

Tabelle 39 Mittelwert, Standardabweichung (Stabw), Minimum (Min) und Maximum (Max) der Zuchtwerte (ZW) und Sicherheiten (SI) für die Merkmale durchschnittliches Geburtsgewicht, Standardabweichung durchschnittliches Geburtsgewicht, Wurfvitalität und Wurfvitalitätsindex der Edelschwein- (ES) und Landrasse-Sauen (LR) mit phänotypischer Leistung.

Merkmale für ES und LR	Mittelwert	Stabw	Min	Max
ZW durchschnittliches Geburtsgewicht	99,9	15,6	55,5	148
SI durchschnittliches Geburtsgewicht	0,53	0,07	0,12	0,74
ZW Standardabweichung	99,9	12,1	43,7	135
SI Standardabweichung	0,34	0,06	0,06	0,58
ZW Wurfvitalität	99,5	9,93	58,4	131
SI Wurfvitalität	0,24	0,05	0,06	0,41
ZW Wurfvitalitätsindex	99,8	6,14	82,2	120
SI Wurfvitalitätsindex	0,39	0,06	0,08	0,59

Tabelle 40 Mittelwert, Standardabweichung (Stabw), Minimum (Min) und Maximum (Max) der Zuchtwerte (ZW) und Sicherheiten (SI) für die Merkmale durchschnittliches Geburtsgewicht, Standardabweichung durchschnittliches Geburtsgewicht, Wurfvitalität und Wurfvitalitätsindex der Edelschwein-Sauen (ES) mit phänotypischer Leistung.

Merkmale für ES	Mittelwert	Stabw	Min	Max
ZW durchschnittliches Geburtsgewicht	101	14,3	59,5	146
SI durchschnittliches Geburtsgewicht	0,54	0,07	0,12	0,74
ZW Standardabweichung	99,1	12,2	43,7	135
SI Standardabweichung	0,37	0,06	0,06	0,58
ZW Wurfvitalität	100	10,3	58,4	131
SI Wurfvitalität	0,25	0,05	0,09	0,41
ZW Wurfvitalitätsindex	99,8	6,2	83,9	120
SI Wurfvitalitätsindex	0,40	0,06	0,08	0,59

Tabelle 41 Mittelwert, Standardabweichung (Stabw), Minimum (Min) und Maximum (Max) der Zuchtwerte (ZW) und Sicherheiten (SI) für die Merkmale durchschnittliches Geburtsgewicht, Standardabweichung durchschnittliches Geburtsgewicht, Wurfvitalität und Wurfvitalitätsindex der Landrasse-Sauen (LR) mit phänotypischer Leistung.

Merkmale für LR	Mittelwert	Stabw	Min	Max
ZW durchschnittliches Geburtsgewicht	97,7	15,2	55,5	148,2
SI durchschnittliches Geburtsgewicht	0,50	0,06	0,37	0,64
ZW Standardabweichung	102,3	11,5	70,4	131
SI Standardabweichung	0,32	0,06	0,16	0,46
ZW Wurfvitalität	97,9	8,58	71,2	124
SI Wurfvitalität	0,21	0,04	0,06	0,31
ZW Wurfvitalitätsindex	100	5,93	82,2	115
SI Wurfvitalitätsindex	0,35	0,05	0,20	0,48

Zur weiteren Überprüfung der Zuchtwerte wurden die Väter (n=259) der Parameterschätzpopulation (n=1.571) herangezogen. Die Eber wurden wieder in eine Top- und Flop-Liste zunächst nach ihren Einzelzuchtwerten für DGG, SDGG und WV und anschließend nach WVI eingeteilt. Die zehn besten Eber wurden als Top-Väter und die zehn schlechtesten Eber als Flop-Eber kategorisiert. Nachstehende Tabelle 42 bis Tabelle 49 zeigen die Anzahl Eber je nach Zuchtwert-Kategorisierung, den durchschnittlichen Zuchtwert im jeweiligen Merkmal, die durchschnittliche Sicherheit im jeweiligen Merkmal, den WVI, Anzahl Töchter der Eber, durchschnittlichen Zuchtwert der Eber und ihrer Töchter, die durchschnittliche Sicherheiten der Eber und ihren Töchtern, sowie die durchschnittliche phänotypische Leistung der Töchter in den Merkmalen DGG, SDGG, WV sowie den WVI der Töchter.

Tabelle 42 Top-Zuchtwertliste für Eber und ihre Töchter für das Merkmal durchschnittliches Geburtsgewicht in kg (DGG kg). Anzahl (N) Eber und ihrer Töchter, Mittelwert der Zuchtwerte (MW ZW) für das Merkmal, durchschnittliche Standardabweichung (Stabw) der MW ZW, die durchschnittliche Sicherheit (r^2) der ZW, die durchschnittliche Standardabweichung der r^2 , die durchschnittliche phänotypische Leistung (MW DGG kg), die durchschnittliche Standardabweichung von MW DGG kg, der durchschnittliche Wurfvitalitätsindex (MW WVI) sowie die durchschnittliche Standardabweichung des WVI.

Top	N	MW ZW	Stabw ZW	MW r^2	Stabw r^2	MW DGG kg	Stabw DGG kg	MW WVI	Stabw WVI
Väter	10	130	6,36	0,46	0,13			105	6,16
Töchter	74	120	13,0	0,52	0,06	1,65	0,24	103	5,85

Tabelle 43 Flop-Zuchtwertliste für Eber und ihre Töchter für das Merkmal durchschnittliches Geburtsgewicht in kg (DGG kg). Anzahl (N) Eber und ihrer Töchter, Mittelwert der Zuchtwerte (MW ZW), durchschnittliche Standardabweichung (Stabw) der MW ZW, die durchschnittliche Sicherheit (r^2) der ZW, die durchschnittliche Standardabweichung der r^2 , die durchschnittliche phänotypische Leistung für das Merkmal (MW DGG kg), die durchschnittliche Standardabweichung von MW DGG kg, der durchschnittliche Wurfvitalitätsindex (MW WVI) sowie die durchschnittliche Standardabweichung des WVI.

Flop	N	MW ZW	Stabw ZW	MW r^2	Stabw r^2	MW DGG kg	Stabw DGG kg	MW WVI	Stabw WVI
Väter	10	71,4	6,78	0,51	0,17			93,6	5,60
Töchter	96	84,5	10,8	0,55	0,06	1,3	0,19	96	5,73

Tabelle 44 Top-Zuchtwertliste für Eber und ihre Töchter für das Merkmal Streuung der individuellen Geburtsgewichte in kg (SDGG). Anzahl (N) Eber und ihrer Töchter, Mittelwert der Zuchtwerte (MW ZW), durchschnittliche Standardabweichung (Stabw) der MW ZW, die durchschnittliche Sicherheit (r^2) der ZW, die durchschnittliche Standardabweichung der r^2 , die durchschnittliche phänotypische Leistung für das Merkmal (MW SDGG kg), die durchschnittliche Standardabweichung von MW SDGG kg, der durchschnittliche Wurfvitalitätsindex (MW WVI) sowie die durchschnittliche Standardabweichung des WVI.

Top	N	MW ZW	Stabw ZW	MW r^2	Stabw r^2	MW SDGG kg	Stabw SDGG kg	MW WVI	Stabw WVI
Väter	10	120	2,64	0,40	0,16			105	7,48
Töchter	111	113	8,74	0,37	0,05	0,24	0,08	103	7,01

Tabelle 45 Flop-Zuchtwertliste für Eber und ihre Töchter für das Merkmal Streuung der individuellen Geburtsgewichte in kg (SDGG). Anzahl (N) Eber und ihrer Töchter, Mittelwert der Zuchtwerte (MW ZW), durchschnittliche Standardabweichung (Stabw) der MW ZW, die durchschnittliche Sicherheit (r^2) der ZW, die durchschnittliche Standardabweichung der r^2 , die durchschnittliche phänotypische Leistung für das Merkmal (MW SDGG kg), die durchschnittliche Standardabweichung von MW SDGG kg, der durchschnittliche Wurfvitalitätsindex (MW WVI) sowie die durchschnittliche Standardabweichung des WVI.

Flop	N	MW ZW	Stabw ZW	MW r^2	Stabw r^2	MW SDGG kg	Stabw SDGG kG	MW WVI	Stabw WVI
Väter	10	74,0	4,90	0,35	0,19			93,1	6,4
Töchter	113	80,7	10,9	0,37	0,06	0,35	0,10	94,5	6,10

Tabelle 46 Top-Zuchtwertliste für Eber und ihre Töchter für das Merkmal Wurfvitalität (WV). Anzahl (N) Eber und ihrer Töchter, Mittelwert der Zuchtwerte (MW ZW), durchschnittliche Standardabweichung (Stabw) der MW ZW, die durchschnittliche Sicherheit (r^2) der ZW, die durchschnittliche Standardabweichung der r^2 , die durchschnittliche phänotypische Leistung für das Merkmal (MW WV), die durchschnittliche Standardabweichung von MW WV, der durchschnittliche Wurfvitalitätsindex (MW WVI) sowie die durchschnittliche Standardabweichung des WVI.

Top	N	MW ZW	Stabw ZW	MW r^2	Stabw r^2	MW WV	Stabw WV	MW WVI	Stabw WVI
Väter	10	115	4,85	0,25	0,12			113	2,48
Töchter	100	110	7,81	0,24	0,04	3,77	0,45	109	7,81

Tabelle 47 Flop-Zuchtwertliste für Eber und ihre Töchter für das Merkmal Wurfvitalität (WV). Anzahl (N) Eber und ihrer Töchter, Mittelwert der Zuchtwerte (MW ZW), durchschnittliche Standardabweichung (Stabw) der MW ZW, die durchschnittliche Sicherheit (r^2) der ZW, die durchschnittliche Standardabweichung der r^2 , die durchschnittliche phänotypische Leistung für das Merkmal (MW VIT), die durchschnittliche Standardabweichung von MW WV, der durchschnittliche Wurfvitalitätsindex (MW WVI) sowie die durchschnittliche Standardabweichung des WVI.

Flop	N	MW ZW	Stabw ZW	MW r^2	Stabw r^2	MW WV	Stabw WV	MW WVI	Stabw WVI
Väter	10	82,5	12,7	0,33	0,12			86,7	1,70
Töchter	150	93,2	12,1	0,26	0,04	3,50	0,60	92,2	4,55

Tabelle 48 Top-Zuchtwertliste für den Wurfvitalitätsindex (WVI) für Eber und ihre Töchter. Anzahl Eber (N) und ihrer Töchter, mittlerer WVI (MW WVI), durchschnittliche Standardabweichung (Stabw) des WVI, durchschnittliche Sicherheit (r^2), durchschnittliche Standardabweichung der r^2 , die durchschnittlichen phänotypischen Leistungen für die Merkmale durchschnittliche Geburtsgewicht in kg (MW DGG kg), Streuung der Geburtsgewichte in kg (MW SDGG kg) sowie Wurfvitalität (MW WV) und die dazugehörigen durchschnittlichen Standardabweichungen.

Top	N	MW WVI	Stabw WVI	MW r^2	Stabw r^2	MW DGG kg	Stabw kg	MW SDGG	Stabw SDGG	MW WV	Stabw WV
Väter	10	113	2,48	0,38	0,16						
Töchter	100	109	4,26	0,39	0,05	1,51	0,26	0,24	0,08	3,77	0,45

Tabelle 49 Flop-Zuchtwertliste für den Wurfvitalitätsindex (WVI) für Eber und ihre Töchter. Anzahl Eber (N) und ihrer Töchter, mittlerer WVI (MW WVI), durchschnittliche Standardabweichung (Stabw) des WVI, durchschnittliche Sicherheit (r^2), durchschnittliche Standardabweichung der r^2 , die durchschnittlichen phänotypischen Leistungen für die Merkmale durchschnittliche Geburtsgewicht in kg (MW DGG kg), Streuung der Geburtsgewichte in kg (MW SDGG kg) sowie Wurfvitalität (MW WV) und die dazugehörigen durchschnittlichen Standardabweichungen .

Flop	N	MW WVI	Stabw WVI	MW r^2	Stabw r^2	MW DGG kg	Stabw kg	MW SDGG	Stabw SDGG	MW WV	Stabw WV
Väter	10	86,70	1,72	0,48	0,16						
Töchter	9	87,3	9,10	0,37	0,04	1,50	0,29	0,36	0,05	3,56	0,46

Weiters wurden gleiche Top- und Flop-Listen für die zehn besten und zehn schlechtesten Sauen für die Zuchtwerte DGG, SDGG und WV erstellt (Tabelle 50).

Tabelle 50 Top- und Flop-Liste für die zehn besten bzw. schlechtesten Sauen für die Zuchtwerte (ZW) und phänotypischen Daten der Merkmale durchschnittliches Geburtsgewicht (DGG), Streuung der Geburtsgewichte (SDGG) und Wurfvitalität (WV) sowie die Anzahl gesamt geborener Ferkel (GGF) und der Wurfvitalitätsindex (WVI) und ihre Standardabweichungen (Stabw).

	GGF ±Stabw	ZW DGG ±Stabw	DGG ±Stabw	ZW SDGG ±Stabw	SDGG ±Stabw	ZW WV ±Stabw	WV ±Stabw	WVI ±Stabw
DGG Top	14,8±7,5	144±2,5	1,98±0,218	73,6±14,56	0,41±0,169	119±6,34	3,9±0,34	104±9,49
DGG Flop	13,3±1,3	62,01±3,17	1,04±0,13	113±5,79	0,247±0,07	72,3±7,97	2,90±0,61	89,3±3,96
SDGG Top	15,0±5,5	78,5±482	1,23±0,19	131±2,64	0,161±0,06	96,0±5,79	3,7±0,63	108±1,91
SDGG Flop	12,1±3,4	131±9,34	1,89±0,263	54,45±7,34	0,54±0,13	112,4±5,01	3,6±0,42	90,4±4,54
WV Top	16,9±6,3	129±11,5	1,72±0,13	91,6±15,6	0,31±0,08	126±1,98	3,9±0,16	110±8,0
WV Flop	14,6±2,2	67,0±6,4	1,04±0,09	109±4,9	0,29±0,03	67,2±4,3	2,3±0,61	88,0±3,4

Nachstehende Tabelle 51 zeigt die Top- und Flop-Liste der zehn besten und schlechtesten Sauen gereiht nach dem WVI und die durchschnittlichen phänotypischen Leistungen und ihre Standardabweichungen für die Merkmale DGG, SDGG und WV.

Tabelle 51 Top- und Flop-Liste der zehn besten bzw. schlechtesten Sauen gereiht nach dem Wurfvitalitätsindex (WVI) und die Anzahl gesamt geborener Ferkel (GGF), durchschnittliches Geburtsgewicht (DGG), Streuung der Geburtsgewichte (SDGG), Wurfvitalität (WV) und deren Standardabweichungen (Stabw).

	GGF ±Stabw	WVI ±Stabw	DGG ±Stabw	SDGG ±Stabw	WV ±Stabw
Top	16,1±7,0	116±1,47	1,71±0,18	0,20±0,06	3,9±0,32
Flop	13,7±3,6	84,1±1,0	1,26±0,21	0,41±0,07	3,2±0,79

Da die Streuung der Geburtsgewichte vor allem mit steigender Wurfgröße zunahm, wurden die Zuchtwerte und phänotypischen Leistungen der Merkmale DGG, SDGG und WV von Sauen mit mehr als 19 gesamt geborenen Ferkeln separat ausgewertet. Von insgesamt 2.552 Würfen hatten 155 Sauen Würfe mit mehr als 19 gesamt geborenen Ferkeln. Nachstehende Tabelle 52 zeigt die Ergebnisse der Auswertung dieser Sauen getrennt nach den Rassen Edelschwein und Landrasse.

Tabelle 52 Zuchtwerte (ZW) und phänotypische Leistungen in den Merkmalen durchschnittliches Geburtsgewicht (DGG), Streuung der Geburtsgewichte (SDGG), Wurfvitalität sowie die Anzahl gesamtgeborener Ferkel (GGF) und deren Standardabweichungen (Stabw) für Sauen der Rassen Edelschwein (ES) und Landrasse (LR) mit Würfen mit mehr als 19 Ferkeln.

Rasse	N	GGF	ZW DGG ±Stabw	DGG ±Stabw	ZW SDGG ±Stabw	SDGG ±Stabw	ZW WV ±Stabw	WV ±Stabw	WVI ±Stabw
ES	144	21,2±1,8	104±14,0	1,27±0,19	101±11,7	0,30±0,06	101±10,6	3,2±0,81	102±6,0
LR	11	20,8±1,3	94,0±9,6	1,21±0,08	95,0±9,02	0,31±0,07	93,6±7,3	3,5±0,70	94,4±5,7

Weiters wurden die Zuchtwerte und phänotypischen Leistungen von Sauen mit einer geringen Streuung der Geburtsgewichte ausgewertet. Tabelle 53 stellt die Ergebnisse der insgesamt 508 Würfe von 459 Sauen (267 ES und 192 LR) dar, welche eine Streuung kleiner 0,20 kg aufwiesen.

Tabelle 53 Zuchtwerte (ZW) und phänotypische Leistungen in den Merkmalen durchschnittliches Geburtsgewicht (DGG), Streuung der Geburtsgewichte (SDGG), Wurfvitalität sowie die Anzahl gesamtgeborener Ferkel (GGF) deren Standardabweichungen (Stabw) für Sauen der Rassen Edelschwein (ES) und Landrasse (LR) mit einer geringen Streuung der Geburtsgewichte.

Rasse	N	GGF	ZW DGG ±Stabw	DGG ±Stabw	ZW SDGG ±Stabw	SDGG ±Stabw	ZW WV ±Stabw	WV ±Stabw	WVI ±Stabw
ES	267	13,3±3,2	98,8±14,6	1,51±0,29	108±9,6	0,16±0,03	101±10,6	3,8±0,51	102±6,0
LR	192	11,8±2,5	97,0±14,9	1,49±0,25	108,0±9,2	0,11±0,05	99,1±8,1	3,9±0,28	103±4,2

Insgesamt wurden 255 Würfe von 235 Sauen des Schätzdatensatzes mit Wurfnote 1 oder 2 beurteilt. Nachstehende Tabelle 54 zeigt die Ergebnisse der Zuchtwerte sowie die phänotypischen Leistungen von 222 Edelschweinsauen und 13 Landrasse Sauen.

Tabelle 54 Zuchtwerte (ZW) und phänotypische Leistungen in den Merkmalen durchschnittliches Geburtsgewicht (DGG), Streuung der Geburtsgewichte (SDGG), Wurfvitalität sowie die Anzahl gesamtgeborener Ferkel (GGF) sowie deren Standardabweichungen (Stabw) für Würfe mit Wurfnote 1 oder 2 von Sauen der Rassen Edelschwein (ES) und Landrasse (LR).

Rasse	N	GGF	ZW DGG ±Stabw	DGG ±Stabw	ZW SDGG ±Stabw	SDGG ±Stabw	ZW WV ±Stabw	WV ±Stabw	WVI ±Stabw
ES	222	15,6±3,3	98,4±15,3	1,33±0,25	98,7±15,3	0,31±0,08	95,0±12,6	1,85±0,35	97,9±6,6
LR	192	15,5±3,2	93,4±12,7	1,39±0,21	98,2±13,2	0,33±0,08	91,5±7,5	2,0±0,0	95,3±6,4

5.4.3 Routinezuchtwertschätzung

Im letzten Validierungsschritt wurden von der ÖSPA zwei Testläufe zur Berechnung des Gesamtzuchtwertes (GZW=mathematische Definition des Zuchtzieles) durchgeführt. Die Zuchtwertschätzläufe wurden mit Hilfe des ssGBLUP-Verfahrens (single-step- genomic best linear unbiased prediction) mit und ohne Wurfvitalitätsindex durchgeführt. Die Schätzung des Wurfvitalitätsindex erfolgte mittels eines trivariaten ssGBLUP-Tiermodells mit dem in Kapitel 5.4.2 beschriebenen Modell. Alle anderen Schätzmodelle blieben unverändert. Tabelle 55 zeigt die Gewichtung der Einzelmerkmale im Gesamtzuchtwert mit und ohne Wurfvitalitätsindex. Aufgrund des Beschlusses der damaligen Zuchtverbände in der Sitzung vom 28.08.2019 und den Ergebnissen der Zuchtplanungsrechnungen (Kapitel 6.1) wurde der WVI mit 20 Prozent im GZW gewichtet.

Tabelle 55 Gewichtung der Einzelmerkmale in Prozent (%) im Gesamtzuchtwert (GZW) mit und ohne Wurfvitalitätsindex (WVI).

Merkmal	GZW ohne WVI Gewichtung in %	GZW mit WVI Gewichtung in %
Tägliche Zunahme [g]	14,0	11,2
Futtermverwertung [kg/kg]	7,20	5,80
Muskelfleischanteil [%]	6,80	5,40
Intramuskulärer Fettgehalt [%]	6,00	4,80
Fleischbeschaffenheitszahl	6,00	4,80
Anzahl lebend geborene Ferkel	13,5	10,8
Anzahl abgesetzte Ferkel	31,5	25,2
Nutzungsdauer	15,0	12,0
Wurfvitalitätsindex	0,00	20,0

Die Spearman-Rangkorrelation zwischen den Gesamtzuchtwerten mit und ohne WVI betrug für alle Sauen mit phänotypischen Leistungen 0,92 und für alle aktiven Besamungseber 0,95. Vor allem Eber mit hohen ZW für die Fruchtbarkeitsmerkmale LGF und AGF verloren zwei bis 11 GZW-Punkte. Eine Umrangierung der Zuchttiere durch die Neuausrichtung des Zuchtzieles war zu erwarten, da die Fruchtbarkeitsmerkmale moderat negativ mit den Merkmalen des WVI korrelierten (siehe zweiter Zwischenbericht Kapitel 3.1.1.5.1).

5.5 Bedeutung für die züchterische Praxis

Die Zuchtwertschätzung für den Wurfvitalitätsindex erfolgte für die beiden Mutterrassen Edelschwein und Landrasse gemeinsam. Bei einer zusätzlich durchgeführten nach Rassen getrennten Auswertung zeigten die durchschnittlichen ZW für die Merkmale des WVI kaum Unterschiede. Die Sicherheiten der ZW fielen für die Rasse Landrasse etwas niedriger aus, da auch weniger Daten in die Zuchtwertschätzung eingingen. Ebertöchter mit hohen phänotypischen Leistungen bei DGG, SDGG und WV erhielten auch hohe ZW und vice versa. Die Sicherheiten der Eber und ihrer Töchter waren moderat zuverlässig. Für die praktische Zuchtarbeit müssen die phänotypischen durchschnittlichen Geburtsgewichte regelmäßig überprüft werden, damit diese nicht zu hoch werden. Zu hohe Geburtsgewichte können, insbesondere bei Jungsaunen oder Saunen mit Wehenschwäche, zu Schweregeburten führen. Je höher das DGG ausfiel, umso höher war auch die Streuung der Geburtsgewichte ($r_g=0,41$).

Möglicherweise waren darunter vor allem Würfe mit vielen schweren und einigen leichten Ferkeln. Durch die starke Gewichtung von 50% des Merkmals SDGG und die moderate genetische Korrelation sollen die Streuung verringert und die DGG nicht zu hoch werden. Für das Merkmal DGG gilt es in der praktischen Zuchtarbeit einen optimalen Bereich zu finden und zu halten. Die Ergebnisse zeigten, dass Eber und auch ihre Töchter einen hohen WVI haben, wenn das DGG im optimalen Bereich (von rund $\geq 1,0$ und $\leq 1,8$ kg), die SDGG kleiner als jene der Flop-Tiere und die WV hoch ist.

Die Datenerfassung im Projekt wurde von Juni 2017 bis Juli 2018 durchgeführt. Nach dem Beschluss, den WVI im Zuchtziel zu berücksichtigen, wurde die Datenerfassung wieder aufgenommen. Derzeit werden auf 26 Betrieben Ferkel gewogen, bis Jahresende 2020 sollen es 35 Betriebe werden. Seit 01.02.2020 ist der Wurfvitalitätsindex im Gesamtzuchtwert implementiert. Die ZüchterInnen können die Einzelzuchtwerte DGG, SDGG, und WV sowie den WVI im Zuchtwertschätzinformationssystem abrufen. Dieses Software-Programm dient den österreichischen HerdebuchzüchterInnen für die Anpaarungsplanung. Seit diesem Zeitpunkt wird auch beim Zukauf neuer Besamungseber für die drei Besamungsstationen Steinhaus, Hohenwarth und Gleisdorf auf den WVI geachtet und es werden nur mehr Eber mit einem WVI größer 100 eingestellt.

Im Zuge der Datenerfassung wurden die Projektbetriebe mit einer Tierwaage und einem Tablet ausgerüstet. Für den Wiegevorgang wurde die Sauenplaner-APP um das Modul OptiZucht erweitert. Dieses Modul dient der Erfassung der Wurfgewichte, der Wurfvitalität sowie der Erfassung der maternalen Verhaltensmerkmale. Die Eingabe der Geburtsgewichte erfolgte im Projekt selbst manuell durch die ZüchterIn. Um den Wiegevorgang in den Betrieben zukünftig effizienter zu gestalten, wurde das Modul OptiZucht weiterentwickelt. Hierfür wurden neue Tierwaagen mit einer Bluetooth-Schnittstelle gekauft und die Sauenplaner-APP dahingehend weiterentwickelt, dass die Geburtsgewichte direkt über Bluetooth auf das Tablet bzw. Handy übertragen werden können. Dadurch wird den ZüchterInnen die manuelle Eingabe der Geburtsgewichte erspart und der Wiegevorgang beschleunigt. Durch die automatische Übertragung der Wiegedaten von der Waage in die Datenbank sollen auch Eingabefehler ausgeschlossen werden.

5.6 Publikationen

In diesem Kapitel werden die seit dem vorhergehenden Zwischenbericht entstandenen Publikationen angeführt. Detaillierte Literaturangaben finden sich in Kapitel 8.

5.6.1 Towards a pig breeding program aimed at improving animal welfare in Austria

Commercial pig breeding programs generally emphasize genetic gain in production and efficiency. However, selection for high production may result in co-selection of unfavourable behaviour and health traits. Therefore, the Austrian pig breeding organisation PIG Austria revised the breeding goal for maternal lines and implemented a litter vitality index (LVI) and a maternal ability index (MAI) into routine genetic evaluation. The breeding goal was defined beforehand using a participatory approach involving breeders, staff from the breeding organisations, other industry experts and scientists. Several phenotypic traits regarding piglet vitality and maternal ability were defined and data were collected by the breeders on 23 farms. Breeders were trained twice for data collection, first in group, then individually on-farm. After extensive validation studies, seven traits remained. Traits regarding piglets were mean individual birth weight, standard deviation of birth weight and litter vitality with a weighting of 30:50:20. The estimated heritability (h^2) of LVI was 0.22. Traits regarding MAI were farrowing behaviour, sow's aggressiveness towards piglets, percentage of crushed piglets and overall good maternal ability during suckling period with a weighting of 25:25:25:25. The estimated h^2 of MAI was 0.07. Due to the low level of h^2 , MAI has not been included in the total merit index (TMI), but can be used as additional selection criterion by breeders and/or multipliers. With the beginning of 2020 LVI has been implemented into the TMI with a weight of 20%, which entailed a re-ranking of breeding boars and sows. In particular pigs with high EBV for number of live born and weaned piglets lost some TMI points. Spearman rank correlations between the former TMI and the TMI since 2020 were 0.95 for the artificial insemination boars and 0.92 for the sows. Including LVI and MAI into routine genetic evaluation can contribute to improved sow and piglet welfare.

6 AP4 – Zuchtplanung

Projektziele

- Erstmalige Durchführung von Zuchtplanungsrechnungen für die Mutterrassen Edelschwein und Landrasse.
- Evaluierung verschiedener Szenarien bezüglich eines erweiterten Zuchtziels (Auswirkung der Einführung neuer Merkmale (aus AP3) auf den Gesamtzuchtwert).

Alle Projektziele wurden erreicht. Material, Methoden, Tiere, Ergebnisse und Diskussionen werden in den nachstehenden Unterkapiteln beschrieben.

6.1 Zuchtplanungsrechnungen

Als Entscheidungshilfe für die Einführung des Wurfvitalitätsindex in das Zuchtprogramm der österreichischen Edelschwein- und Landrassepopulation wurden Zuchtplanungsrechnungen durchgeführt. Die im Zuge des Projektes durchgeführten deterministischen Zuchtplanungsrechnungen basieren auf der Genflussmethode (Hill, 1974) sowie dem Konzept des Selektionsindex (Hazel, 1943). Für die komplexe Modellierung des Zuchtprogrammes werden Selektionsgruppen definiert und verschiedene populationspezifische und biologische Parameter angenommen. Die Ergebnisse einer Zuchtplanungsrechnung sind der naturale bzw. monetäre Zuchtfortschritt (ZF) je definierter Zeiteinheit von Einzelmerkmalen. Der naturale bzw. monetäre ZF ist die durchschnittliche Überlegenheit der Nachkommen der selektierten Tiere gegenüber der Ausgangspopulation. Der ZF wird in naturalen Einheiten für die Einzelmerkmale (natZF/J) oder relativ zu einander in additiv genetischen Standardabweichungen (s_a) pro Jahr ausgedrückt.

Hinweis zur Interpretation der Ergebnisse: Die mit Hilfe von ZPLAN berechneten absoluten Werte für den Zuchtfortschritt pro Jahr sind abhängig von der Qualität der Inputparameter, für die oftmals nur geschätzte Annahmen vorliegen. Die Stärke dieser Computer Software liegt insbesondere in der relativen Vergleichbarkeit von Zuchtprogrammszenarien und in seiner Flexibilität. ZPLAN-Modellrechnungen liefern Entscheidungsgrundlagen und/oder -hilfe für züchterische Maßnahmen. Die Ergebnisse können nur dann umgesetzt werden, wenn die unterstellten Maßnahmen auch in die züchterische Praxis umgesetzt werden.

Im vorliegenden Projekt wurden ein Referenzszenario (S0) sowie drei Alternativszenarien (S10, S15, S20) modelliert. Das Referenzszenario präsentiert das Zuchtziel für die Mutterrassen Edelschwein und Landrasse bis 31.01.2020. Die mathematische Definition des Zuchtzieles ist der Gesamtzuchtwert (GZW). Tabelle 56 zeigt die unterschiedliche Einzelmerkmalsgewichtung in Prozent im GZW der vier Szenarien sowie die dazugehörenden s_a . Die Werte für die s_a wurden im Zuge der Parameterschätzung für alle Einzelmerkmale im GZW geschätzt (Beschreibung unter Punkt Genetische Parameter). Im Referenzszenario S0 ist der Wurfvitalitätsindex (detaillierte Information in Kapitel 5.4) nicht berücksichtigt. In den Alternativszenarien S10, S15 und S20 erhielt der Wurfvitalitätsindex jedoch ein relatives Gewicht von 10, 15 oder 20 Prozent im GZW. Die vier Szenarien wurden auf Basis ihrer naturalen Zuchtfortschritte pro Jahr in den Einzelmerkmalen sowie relativ zu einander in additiv genetischen Standardabweichungen pro Jahr bewertet. Der monetäre Zuchtfortschritt auf Basis von wirtschaftlichen Gewichten in Euro wurde nicht berechnet, da für die jeweiligen Einzelmerkmale derzeit keine wirtschaftlichen Gewichte in Euro vorliegen. Es wurde lediglich der natZF/J der Einzelmerkmale mit den relativen Gewichten (% GZW) im GZW des jeweiligen Szenarios multipliziert und durch 100 dividiert, um den relativen monetären Zuchtfortschritt (monZF/J) pro Jahr abzubilden.

Tabelle 56 Additiv genetische Standardabweichung (sa) sowie die relative Gewichtung der Einzelmerkmale im Gesamtzuchtwert für das Referenzszenario S0 und die Alternativszenarien S10, S15 und S20.

Merkmal und Einheit	sa	% GZW	% GZW	% GZW	% GZW
Mast- und Schlachtleistung		S0	S10	S15	S20
Tägliche Zunahme g	46,1	14,0	12,6	11,9	11,2
Futtermwert kg/kg	0,12	7,20	6,50	6,10	5,80
Muskelfleischanteil %	2,10	6,80	6,10	5,80	5,40
Intramuskulärer Fettgehalt %	0,41	6,00	5,40	5,10	4,80
Fleischbeschaffenheitszahl*	0,20	6,00	5,40	5,10	4,80
Fruchtbarkeit					
Anzahl lebend geborene Ferkel	1,07	13,5	12,2	11,4	10,8
Anzahl abgesetzter Ferkel	0,68	31,5	28,4	26,8	25,2
Nutzungsdauer					
Nutzungsdauer **	0,37	15,0	13,5	12,8	12,0
Wurfvitalität					
Wurfvitalitätsindex*	0,05	0,00	10,0	15,0	20,0

*Additive genetische Standardabweichung berechnet aus den sa der Einzelmerkmale der Indices Fleischbeschaffenheit bzw. Wurfvitalitätsindex unter Berücksichtigung der Gewichtung innerhalb des jeweiligen Indexes. **Meszaros et al. 2010

Zudem wurden alle Einzelmerkmale der Indizes Fleischbeschaffenheitszahl und Wurfvitalitätsindex sowie die Lebendtagzunahme in den Modellberechnungen als Hilfsmerkmale berücksichtigt. Tabelle 57 präsentiert die Einzelmerkmale der Indizes Fleischbeschaffenheitszahl und Wurfvitalitätsindex sowie die Gewichtung innerhalb des jeweiligen Indexes und die dazugehörigen sa.

Tabelle 57 Additiv genetische Standardabweichung (sa) sowie die relative Gewichtung der Hilfsmerkmale innerhalb der Indices Fleischbeschaffenheitszahl und Wurfvitalitätsindex und dem Einzelmerkmal Lebendtagzunahme.

Merkmal und Einheit	sa	Gewichtung %
Fleischbeschaffenheitszahl		
Fleischfarbe	2,0	20,0
pH1-Karree	0,11	15,0
pH1-Schinken	0,14	15,0
Dripsaftverlust in %	1,1	50,0
Wurfvitalitätsindex		
Durchschnittliches Geburtsgewicht in kg	0,14	30,0
Streuung der Geburtstagsgewicht in kg	0,04	50,0
Wurfvitalität	0,15	20,0
Lebendtagzunahme	23,30	

Durchgeführt wurden die Zuchtplanungsrechnungen mit der Software ZPLAN (Willam et al., 2008).

6.1.1 Beschreibung der Modellpopulation

Die Edelschwein- und Landrassepopulationen wurden gemeinsam modelliert. Die Größe der Zuchtpopulation betrug 5.200 Tiere, mit einem durchschnittlichen Generationsintervall von 2,3 Jahren und einer durchschnittlichen Selektionsintensität von 1,22 (Selektionsintensität Eber von 1,40 und 1,05 bei Sauen). Insgesamt wurden acht Selektionsgruppen für die Durchführung der Gen-Flow-Methode (Hill, 1974) definiert. Nachstehende Tabelle 58 zeigt die wichtigsten Populations- und biologischen Parameter für die Rassen Edelschwein und Landrasse für das Referenzszenario (S0). Diese Zahlen wurden aus vorhanden Daten der Österreichischen Schweineprüfanstalt und des vormaligen Oberösterreichischen Schweinezuchtverbands zur Verfügung gestellt.

Tabelle 58 Wichtige Inputparameter für die Modellrechnung des Referenzszenarios.

Populations- und biologische Parameter	Edelschwein	Landrasse
Gesamtpopulation	3.640	1.560
Durchschnittliche Nutzungsdauer Sauen	2,8 Jahre	2,8 Jahre
Durchschnittliche Nutzungsdauer Eber	2,3 Jahre	2,3 Jahre
Durchschnittliches Alter der Sauen bei 1. Wurf	1 Jahr	1 Jahr
Durchschnittliches Alter der Eber bei 1. Wurf	0,95 Jahre	0,95 Jahre
Zwischenwurfzeit	0,41 Jahre	0,43 Jahre
Anteil leistungsgeprüfter Tiere	100%	100%
Anteil remontierter Sauen	35%	35
Anteil remontierter Eber	20%	20%

6.1.2 Genetische Parameter

Heritabilitäten, genetische und phänotypische Korrelationen sowie die s_a für die Berechnung des Selektionsindex wurden im Zuge der vorliegenden Projektumsetzung geschätzt. Hierfür wurden die phänotypischen Daten der jeweiligen Einzelmerkmale, die fixen und zufälligen Effekte, sowie Kovariablen und Modellansätze der Österreichischen Schweineprüfanstalt in Streitdorf herangezogen. Zum Erstellen der Datensätze für die Parameterschätzläufe wurden jene Sauen ausgewählt, die phänotypische Leistungen für die Merkmale durchschnittliche Geburtsgewicht je Wurf in kg (DGG), Streuung der Geburtsgewichte je Wurf in kg (SDGG) und Wurfvitalität (VIT) hatten. Für diese Sauen lagen auch die Daten für die Lebendtagzunahme zum Zeitpunkt der Selektion vor. Für die Erstellung des Datensatzes für die Schätzung der genetischen Parameter für die Mast- und Schlachtleistungsmerkmale wurden Nachkommen bzw. Voll- und Halbgeschwister dieser Sauen ausgewählt. Die Heritabilitäten wurden mittels eines univariaten linearen Tiermodells angepasst. Für die Einzelmerkmale innerhalb eines Merkmalsblocks (Mast- und Schlachtleistung, Fruchtbarkeit und Wurfvitalität) wurden multivariate lineare Tiermodelle angepasst. Die genetischen und phänotypischen Korrelationen für die Einzelmerkmale zwischen den Merkmalsblöcken wurden bivariat geschätzt. Das Merkmal Nutzungsdauer wird in der Routinezuchtwertschätzung mit einem Weibull-Regressionsmodell geschätzt und kann nicht direkt mit Merkmalen, für die die Annahmen eines linearen Tiermodells gelten, modelliert werden. Die optimale Methode wäre ein approximativ multivariater Zweischritt-Ansatz (Pfeiffer, 2015) mit der Berechnung von de-regressierten Zuchtwerten und Töchterleistungen, um direkte genetische und

phänotypische Korrelationen zu schätzen. Für die vorliegende Fragestellung wurde auf Grund des Arbeitsaufwandes ein einfacher approximativer Ansatz gewählt. Für alle Einzelmerkmale wurden univariate Zuchtwerte geschätzt bzw. die Indices Fleischbeschaffenheitszahl und Wurfvitalität kombiniert. Anschließend wurden die Zuchtwerte von Ebern mit mindestens 20 Nachkommen korreliert (SAS 9.4, PROC CORR spearman). Diese Zuchtwertkorrelationen zwischen den Einzelmerkmalen wurden als genetische Korrelationen angenommen. Die Heritabilität und sa der Nutzungsdauer stammen von Meszaros et al. (2010).

Datenmanagement sowie Standardisierung der Zuchtwerte und Berechnung der Spearman Rang-Korrelationen wurden mit der Statistik Software SAS 9.4 (SAS, 2013) durchgeführt. Die genetischen Parameter wurden mit der Computer Software VCE 6.0 (Groeneveld et al., 2010) und die Zuchtwerte mit pestf90 (Groeneveld et al., 1999) geschätzt. Abbildung 4 zeigt eine Übersicht über die Anzahl verwendeter Datensätze je Einzelmerkmale und die angepassten fixen und zufälligen Effekte so wie die Kovariablen im Modell.

Abbildung 4 Übersicht über die im Modell verwendeten Parameter.

		Fixe Effekte		Zufällige Effekte			Kovariablen		Additiv genetisch Tier
Merkmal	n	Rasse	Jahreszeitlicher Effekt	Wurf	Schlacht-datum	Jahr-Betrieb	Anfangs-gewicht	End-gewicht	
Tägliche Zunahme g (TGZ)	2.847	X	X	X			X		X
Futterverwertung kg/kg (FV)	2.847	X	X	X			X		X
Muskelfleischanteil % (MFA)	2.847	X	X	X			X	X	X
Intramuskulärer Fettgehalt % (IMF)	2.847	X	X	X			X	X	X
Fleischfarbe (OPTO)	2.847	X	X		X				X
pH1-Karree (pH1-K)	2.847	X	X		X				X
pH1-Schinken (pH1-S)	2.847	X	X		X				X
Drip Verlust in % (Drip)	2.847	X	X		X				X
Lebendtag-zunahme g (LTZU)	2.236	X	X	X		X			
		Fixe Effekte			Zufällige Effekte			Kovariablen	Additiv genetisch Tier
		Rasse	Jahreszeitlicher Effekt	Wurf-nummer	Erstferkelalter-Wurfnummer	Permanente Umwelt Sau	Betrieb-Jahr	Eber	Wurf-größe
Anzahl lebend geborener Ferkel (LGF)	2.236	X	X	X	X	X	X		X
Anzahl abgesetzter Ferkel (AGF)	2.236	X	X	X	X	X	X		X
Durchschnittliches Geburtsgewicht kg (DGG)	2.236	X	X	X	X	X	X	X	X
Streuung der Geburtsgewicht kg (SDGG)	2.236	X	X	X	X	X	X	X	X
Wurfvitalität (VIT)	2.236	X	X	X	X	X	X	X	X

Da die genetische Korrelationsmatrix nicht positiv definit war, wurde sie mit der Computer Software BENDING (Essl, 1991) gebendet. Die nachstehende Matrix (Abbildung 5) präsentiert die bereits gebendeten genetischen Korrelationen auf der oberen Dreiecksmatrix, Heritabilitäten auf der Diagonale sowie phänotypische Korrelationen auf der unteren Dreiecksmatrix. Diese wurden teilweise in die züchterisch wünschenswerte Richtung gedreht (gelb hinterlegt).

6.1.3 Ergebnisse und Diskussion

Anmerkung zu den Ergebnissen: In Zuchtplanungsrechnungen werden Zeiteinheiten (ZE) definiert. In den vorliegenden Modellrechnungen wurde eine Zeiteinheit von sechs Monaten angenommen. Für ein leichteres Verständnis wurden natZF/ZE und monZF/ZE auf natZF/J und monZF/J umgerechnet. In der beigelegten Publikation sind diese Ergebnisse jedoch je ZE dargestellt.

Da für beide Rassen kaum Unterschiede hinsichtlich natZF/J und monZF/J vorliegen, werden beide Rassen gemeinsam diskutiert. Tabelle XX und XX zeigen die natZF/J und den monZF/J für alle Einzelmerkmale und Indices für das Referenzszenario S0 und die Alternativszenarien S10, S15, S20 für die Rassen Landrasse und Edelschwein. Bei beiden Rassen ist im S0 der höchste natZF/J für die Merkmale Tägliche Zunahme, Magerfleischanteil und Anzahl abgesetzter Ferkel zu erwarten. Aufgrund der negativ genetischen Korrelationen zwischen Mast- und Schlachtleistungsmerkmalen und Fruchtbarkeit kommt es gleichzeitig zu einer unerwünschten Entwicklung im Einzelmerkmal Nutzungsdauer. Dies zeigen auch die Ergebnisse der Prüfanstalt sowie die genetischen Trends für die Einzelmerkmale Tägliche Zunahme und Abgesetzte Ferkel, die seit Jahren einen Anstieg aufweisen. Für das Einzelmerkmal Magerfleischanteil nahm der genetische Trend hingegen ab (ÖSPA, 2020). Dies zeigt, dass in den vergangenen Jahren stark auf wuchsfreudige und fruchtbare Mutterrassen selektiert wurde bzw. vor allem bei der Landrasse fruchtbare, fleischarme Tiere aus ausländischen Zuchtprogrammen importiert wurden. Bei Betrachtung der Abbildungen XX und XX ist ersichtlich, dass der höchste relative monZF/J für die Merkmalsblöcke Fruchtbarkeit bzw. Mast- und Schlachtleistung erzielt wird. Dieser Trend kann in allen Alternativszenarien beobachtet werden, jedoch sinkt der relative monZF/J.

Die Ergebnisse der Alternativszenarien S10 und S15 zeigen ein ähnliches Bild, hingegen ist der natZF/J für die Nutzungsdauer leicht positiv, da die Nutzungsdauer genetisch mit der Wurfvitalität in Verbindung steht und schon durch eine niedrige Gewichtung im Gesamtzuchtwert einen positiven Effekt auf den natZF/J zeigt. Brandt (2014) konnte zeigen, dass Sauenlinien aus Zuchtprogrammen mit einer starken Selektion auf hohe Ferkelzahlen eine deutlich verringerte Nutzungsdauer aufweisen.

Abbildung 5 Genetische Parameter für die Zuchtplanungsrechnungen.

	TGZ	FV	MFA	IMF	FBZ	LGF	AGF	ND	WVI	DGG	SDGG	VIT	LTZU	OPTO	pH1-K	pH1-S	Drip
TGZ	0,35	0,55	0,00	0,08	0,23	0,11	0,00	-0,18	0,00	0,00	0,00	0,00	0,08	0,00	0,00	0,00	0,00
FV	-0,43	0,44	0,55	-0,26	0,00	-0,23	-0,11	-0,12	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
MFA	-0,1	-0,51	0,64	-0,22	0,00	0,00	0,17	-0,15	-0,13	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
IMF	0,00	0,3	-0,34	0,63	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
FBZ	0,00	0,00	0,00	0,00	0,11	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,29	0,46	0,48	0,63
LGF	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,16	0,55	-0,18	0,00	0,00	0,00	0,00	0,08	0,00	0,00	0,00	0,00
AGF	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,63	0,11	0,21	0,17	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
ND	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,08	0,29	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
WVI	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,22	0,51	0,28	0,69	-0,09	0,00	0,00	0,00	0,00
DGG	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	-0,4	-0,17	0,00	0,00	0,33	-0,32	0,56	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
SDGG	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,12	0,00	0,00	0,00	0,00	0,13	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
VIT	0,00	0,41	0,00	0,00	0,00	-0,23	0,00	0,00	0,00	0,4	-0,2	0,07	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
LTZU	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,16	0,00	0,00	0,00	0,00
OPTO	0,00	0,00	-0,1	-0,14	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,18	0,00	0,00	0,29
pH1-K	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,17	0,68	0,53
pH1-S	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,64	0,08	0,5
Drip	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	-0,1	-0,4	-0,24	0,32

Auf der oberen Dreiecksmatrix befinden sich die genetischen Korrelationen, auf der Diagonalen die Heritabilitäten und auf der unteren Dreiecksmatrix die phänotypischen Korrelationen für die Merkmale tägliche Zunahme (TGZ), Futtermittelverwertung (FV), Muskelfleischanteil (MFA), Intramuskulärer Fettgehalt (IMF), Fleischbeschaffenheitszahl (FBZ), Anzahl lebend geborener Ferkel (LGF), Anzahl abgesetzter Ferkel (AGF), Wurfvitalitätsindex (WVI), Durchschnittliches Geburtsgewicht je Wurf (DGG), Streuung der Geburtsgewichte (SDGG), Wurfvitalität (VIT), Lebendtagzunahme (LTZU), Fleischfarbe (OPTO), pH1-Karree (pH1-K), pH1-Schinken (pH1-S) und Dripsaftverlust (Drip). Gelb hinterlegte Korrelationen wurden in die züchterisch wünschenswerte Richtung gedreht

Die Ergebnisse des Alternativszenarios S20 zeigen eindeutig, dass eine hohe Gewichtung des Wurfvitalitätsindex im Gesamtzuchtwert den dementsprechend gewünschten natZF/J bringt. Es wird nach wie vor der höchste monZF/J in den Merkmalsblöcken Fruchtbarkeit bzw. Mast- und Schlachtleistung erzielt, jedoch im Vergleich zu S0, S10 und S15 ist der Unterschied der relativen monZF/J nicht mehr so groß. Es muss berücksichtigt werden, dass Zuchtfortschritt für Merkmale mit hoher Heritabilität (z.B. TGZ, FV, MFA) rascher erzielt werden kann, als für solche mit niedrigerer Heritabilität (z.B. ND, WVI).

Bei konsequenter Umsetzung von S20 in das österreichische Zuchtprogramm kann damit gerechnet werden, dass sich zwar der Zuchtfortschritt für die Mast- und Schlachtleistungsmerkmale sowie für die Fruchtbarkeitsmerkmale reduziert bzw. verlangsamt, sich die Wurfvitalität jedoch verbessert.

6.1.4 Praktische Umsetzung in das PIG Austria Zuchtprogramm

Am 28.08.2019 wurden die Ergebnisse der Zuchtplanungsrechnung den damaligen VertreterInnen der Zuchtverbände in Herzogenburg präsentiert, erklärt und diskutiert. Mehrheitlich wurde beschlossen, für die Überarbeitung des Zuchtzieles der Mutterrassen das Alternativszenario S20 zu wählen. Dadurch erfolgte eine eindeutige Positionierung der österreichischen Schweinezuchtverbände hinsichtlich künftiger Produktionsbedingungen (beeinflusst durch z.B. Konsumentensensibilität; Tierschutzgesetze; Veränderungen von Haltungssystemen; Tierschutzlabel) und somit auch national und international wettbewerbsfähiger zu sein.

Zudem wurde den Zuchtverbänden angeraten, die Selektionsintensität zu erhöhen und das Generationsintervall etwas zu verkürzen um rascher Zuchtfortschritt in der Wurfvitalität zu erzielen. Eine weitere Stellschraube für den Zuchtfortschritt ist die Möglichkeit, die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung zu erhöhen. Dies kann durch eine Ausweitung der Datenerfassung auf weiteren Zucht- und Vermehrungsbetriebe, sowie durch die genomische BLUP-ZWS erfolgen.

Eine detaillierte Beschreibung der durchgeführten zusätzlichen Maßnahmen, basierend auf dieser Entscheidung der damaligen Zuchtverbände, erfolgte im vorhergehenden Kapitel 5.

Tabelle 59 Naturaler Zuchtfortschritt pro Jahr (natZF/J), ausgedrückt in additiv genetischen Standardabweichungen und monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr (monZF/J) für das Referenzszenario (S0) und die Alternativszenarien S10, S15 und S20 für die Merkmale tägliche Zunahme (TGZ), Futtermittelverwertung (FV), Muskelfleischanteil (MFA), Intramuskulärer Fettgehalt (IMF), Fleischbeschaffenheitszahl (FBZ), Anzahl lebend geborener Ferkel (LGF), Anzahl abgesetzter Ferkel (AGF) und Wurfvitalitätsindex (WVI) für die Rasse Landrasse mit einem Generationsintervall von 2,32 Jahren. ¹ Relative Gewichtung pro additiv genetische Standardabweichung.

Szenario Landrasse		TGZ	FV	MFA	IMF	FBZ	LGF	AGF	ND	WVI
S0	G %¹	14,0	7,20	6,80	6,00	6,00	13,5	31,5	15,0	0,00
	natZF/J	22,44	15,18	19,18	2,72	8,20	16,30	20,08	-1,10	0,00
	monZF/J	3,14	1,09	1,30	0,16	0,49	2,20	6,33	-0,17	0,00
S10	G %¹	12,6	6,60	6,10	5,40	5,40	12,2	28,4	13,5	10,0
	natZF/J	21,40	14,34	16,72	2,66	7,86	14,16	20,68	1,90	10,18
	monZF/J	2,70	0,93	1,02	7,86	0,42	1,72	1,90	0,26	1,05
S15	G %¹	11,9	6,10	5,80	5,10	5,10	11,4	26,8	12,8	15,0
	natZF/J	20,50	13,62	15,26	2,60	7,54	12,96	20,42	3,12	14,48
	monZF/J	2,44	0,38	0,86	0,13	0,38	1,48	5,47	0,40	2,17
S20	G %¹	11,2	5,80	5,40	4,80	4,80	10,8	25,2	12,0	20,0
	natZF/J	19,36	12,72	13,48	2,50	7,12	11,62	19,84	4,28	18,34
	monZF/J	2,17	0,74	0,73	0,12	0,34	1,25	5,00	0,51	3,67

Tabelle 60 Naturaler Zuchtfortschritt pro Jahr (natZF/J), ausgedrückt in additiv genetischen Standardabweichungen und monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr (monZF/J) für das Referenzszenario (S0) und die Alternativszenarien S10, S15 und S20 für die Merkmale tägliche Zunahme (TGZ), Futtermittelverwertung (FV), Muskelfleischanteil (MFA), Intramuskulärer Fettgehalt (IMF), Fleischbeschaffenheitszahl (FBZ), Anzahl lebend geborener Ferkel (LGF), Anzahl abgesetzter Ferkel (AGF) und Wurfvitalitätsindex (WVI) für die Rasse Edelschwein mit einem Generationsintervall von 2,29 Jahren. ¹ Relative Gewichtung pro additiv genetische Standardabweichung.

Szenario Edelschwein		TGZ	FV	MFA	IMF	FBZ	LGF	AGF	ND	WVI
S0	G %¹	14,0	7,20	6,80	6,00	6,00	13,5	31,5	15,0	0,00
	natZF/J	22,52	15,15	19,32	2,74	8,26	16,64	20,50	-1,02	0,00
	monZF/J	3,15	1,09	1,31	0,16	0,50	2,25	6,64	-0,15	0,00
S10	G %¹	12,6	6,60	6,10	5,40	5,40	12,2	28,4	13,5	10,0
	natZF/J	21,48	14,30	16,82	2,68	7,90	14,44	21,08	2,04	10,72
	monZF/J	2,71	0,93	1,03	0,14	0,43	1,75	5,89	0,28	1,07
S15	G %¹	11,9	6,10	5,80	5,10	5,10	11,4	26,8	12,8	15,0
	natZF/J	20,56	13,56	15,30	2,62	7,58	13,22	20,78	3,28	14,78
	monZF/J	2,45	0,83	0,89	0,13	0,39	1,51	5,57	0,42	2,22
S20	G %¹	11,2	5,80	5,40	4,80	4,80	10,8	25,2	12,0	20,0
	natZF/J	11,70	12,66	13,52	2,52	7,16	11,84	20,18	4,44	18,70
	monZF/J	1,31	0,73	0,73	0,12	0,34	1,28	5,09	0,53	3,74

Abbildung 6 Relativer monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr (monZF/J) (d.h. monZF/J/Gesamter monZF/J*100) für die Merkmalsblöcke Mast- und Schlachtleistung (MAS), Fruchtbarkeit (FR), Nutzungsdauer (ND) und Wurfvitalitätsindex (WVI) für das Referenzszenario (S0) und die Alternativszenarien S10, S15 und S20 für die Rasse Landrasse.

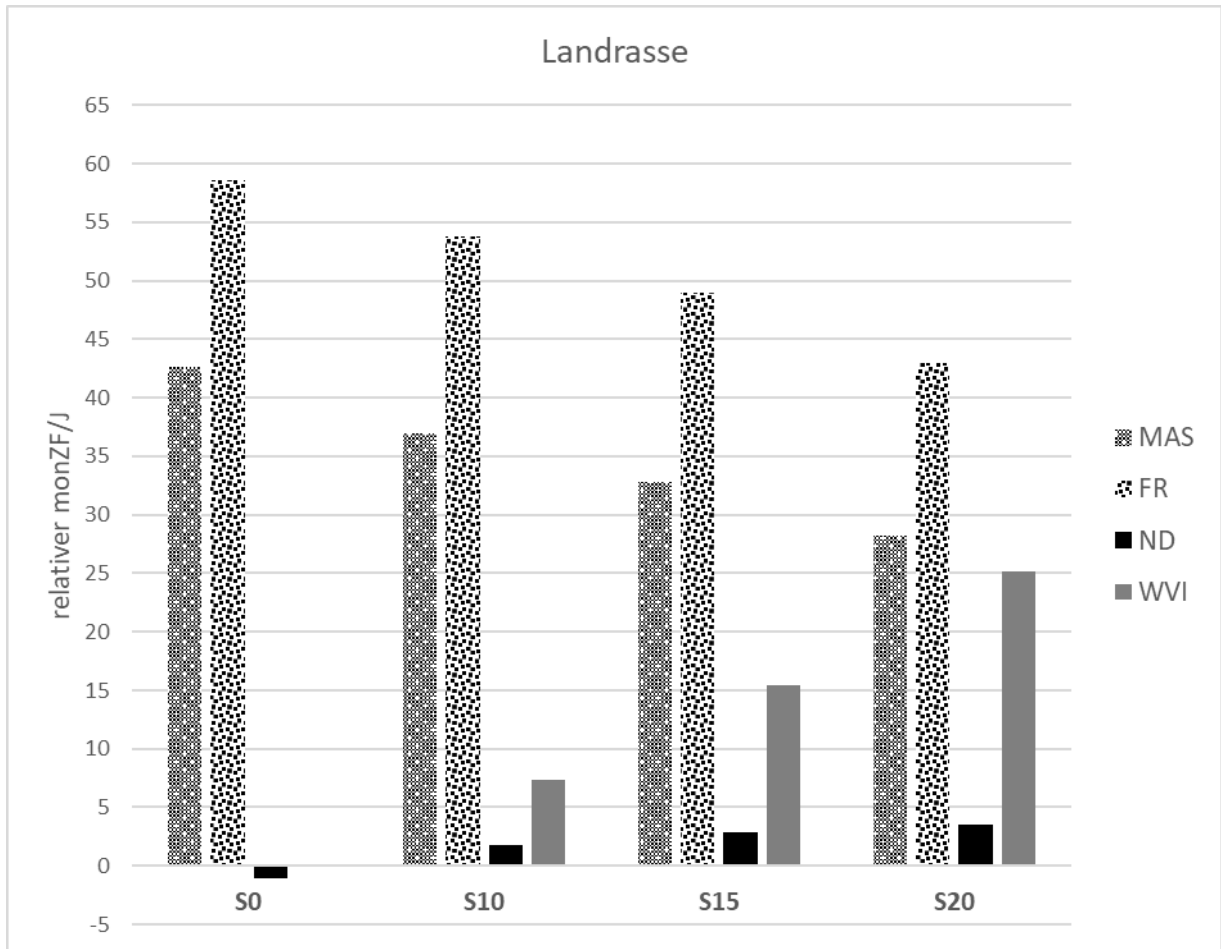
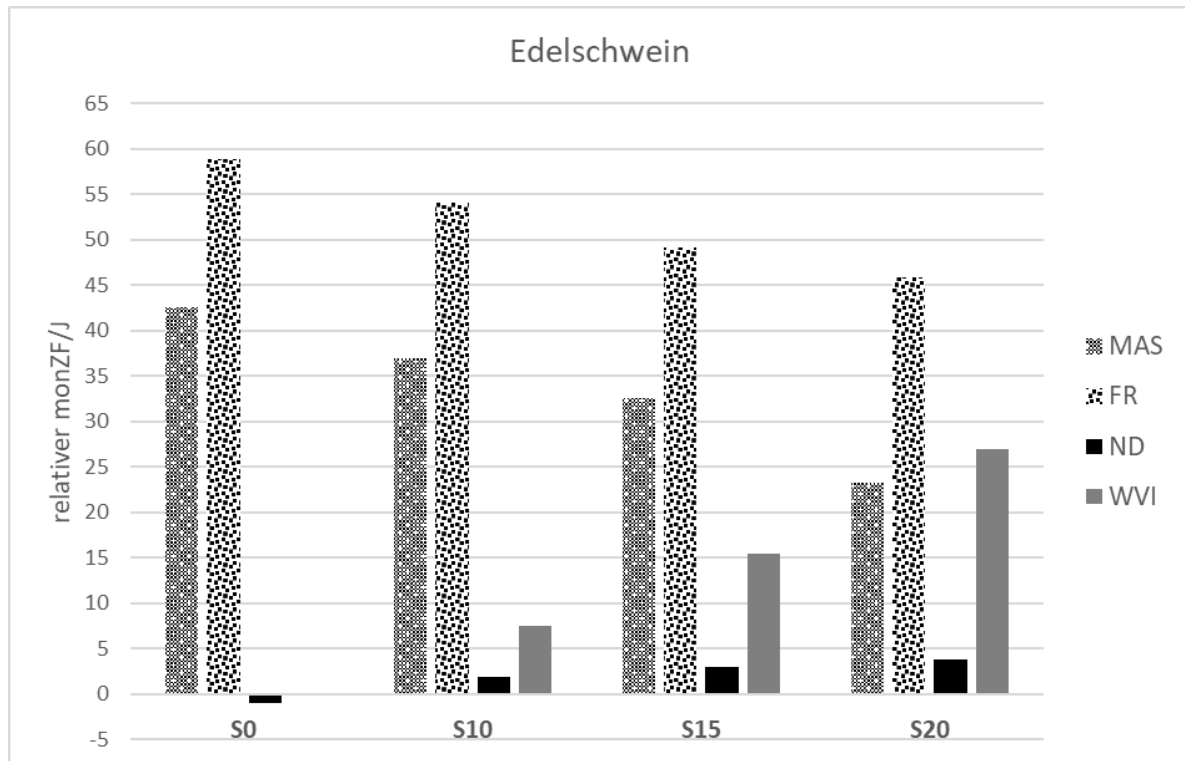


Abbildung 7 Relativer monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr (monZF/J) (d.h. monZF/J/Gesamter monZF/J*100) für die Merkmalsblöcke Mast- und Schlachtleistung (MAS), Fruchtbarkeit (FR), Nutzungsdauer (ND) und Wurfvitalitätsindex (WVI) für das Referenzszenario (S0) und die Alternativszenarien S10, S15 und S20 für die Rasse Edelschwein.



6.2 Publikationen

In diesem Kapitel werden die seit dem vorhergehenden Zwischenbericht entstandenen Publikationen angeführt. Detaillierte Literaturangaben finden sich in Kapitel 8.

6.2.1 Implementation of a litter vitality index into Austrian maternal pig breeding program

The strong focus of breeding goals for sows on prolificacy negatively affects welfare of sows and piglets. Therefore, the Austrian pig breeding organization revised the breeding program (BP) for the dam breeds Large White (LW) and Landrace (L) and implemented a litter vitality index (LVI). The aim of the study was to model various calculations focused on different weighting (in %) of LVI in the total merit index (reference scenario Sc0, and Sc10, Sc15, Sc20) to investigate the effect on the annual genetic gain (AGG = additive genetic S.D. x 100) of all other traits in the BP. A complex deterministic approach was used to model four scenarios

using the software ZPLAN. A breeding nucleus of 3,640 Large White and 1,560 Landrace sows, assuming a mean generation interval of 2.3 years each and a selection intensity of 1.40 (boars) and 1.05 (sows). The LVI comprises the three traits mean individual birth weight, standard deviation of birth weight and litter vitality with a weighting of 30:50:20. Other traits considered were number of live born and weaned piglets, functional longevity (LONG) of the sow and several fattening, meat and carcass traits. In total, 17 traits were included, their genetic and phenotypic (co)variances were estimated previously. The mean AGG of LW and L for LVI were 5.30, 7.32 and 9.26 Sc10, Sc15 and Sc20, respectively. Especially LONG benefited from the inclusion of LVI in all scenarios. AGG for LONG were -0.53 (Sc0), 0.99 (Sc10), 1.6 (Sc15) and 2.18 (Sc20). All fattening, meat and carcass traits showed a slight to moderate loss in AGG, but their AGG remained clearly positive. AGG for number of live born piglets were 8.24 (Sc0), 7.15 (Sc10), 6.55 (Sc15) and 5.87 (Sc20). AGG for weaned piglets were 10.15 (Sc0), 10.44 (Sc10), 10.30 (Sc15) and 10.00 (Sc20). Due to results and focusing on sows and piglet's welfare the Sc20 was recommended and finally accepted by the pig breeding organization. Genetic progress can be expected for litter quality and, simultaneously, for LONG, while that for litter size will be slightly reduced.

7 AP5 – Genotypisierung der Sauen

7.1 Projektziele

- Ziel der Genotypisierung ist die Identifizierung von Genen, die an der Ausprägung von direkten und indirekten maternalen Fähigkeiten, die die Überlebensfähigkeit der Ferkel beeinflussen, beteiligt sind.
- Ein weiteres projektübergreifendes Ziel der Genotypisierung der Sauen ist die Bereitstellung von genomischer Information für die Erweiterung der Kalibrierungsstichprobe. Zudem kann anhand der genomischen Information ein wesentlicher Beitrag zur Weiterentwicklung der genomischen Selektion sowie der genomisch optimierten Zuchtwertschätzung getätigt werden.

7.2 Genotypisierung der Sauen

Insgesamt wurden 826 Schweine mit einem Illumina Porcine SNP60 Chip genotypisiert. Die SNP-Genotypisierung diente zum einen der Optimierung der genomischen Selektion der Routinezuchtwertschätzung und zum anderen der Durchführung einer genomweiten Assoziationsstudie aller Fruchtbarkeits- und Wurfmerkmale sowie aller maternalen Verhaltensmerkmale.

Neben der Optimierung der Zuchtwertschätzung für die Fruchtbarkeit, wird der Wurfvitalitätsindex auch mittel Single-Step genomischer BLUP Zuchtwertschätzung (z.B. Legarra et al. 2014) geschätzt. Die Einführung der Single-Step GBLUP Zuchtwertschätzung in die Routine und die Veröffentlichung der Zuchtwerte durch die PIG Austria GmbH erfolgte am 01.02.2020.

7.3 Genomweite Assoziationsstudien

Für die Merkmale Anzahl lebend geborene Ferkel, Anzahl abgesetzter Ferkel, durchschnittliches Geburtsgewicht, Streuung der Geburtsgewichte, gesamtes Wurfgewicht, Wurfvitalität, Nestbauverhalten, Abferkelverhalten, Aggressives Verhalten der Sau gegenüber ihre Ferkel, Aggressives Verhalten der Sau gegenüber der TierbetreuerIn, Gesamteindruck der

maternalen Fähigkeit während der Säugeperiode (Gute Mutter) und Erdrückungsverluste bis zum Absetzen wurden genomweite Assoziationsstudien durchgeführt.

7.4 Publikationen

In diesem Kapitel werden die seit dem vorhergehenden Zwischenbericht entstandenen Publikationen angeführt. Detaillierte Literaturangaben finden sich in Kapitel 8.

7.4.1 Genetic and genomic background of maternal behavioral and reproduction traits in two maternal sow lines

Abstract

Good maternal abilities in sows are an important factor for piglet survival until weaning. However, they are not included in current breeding programs for maternal sow lines in Austria. Thus, the aim of this paper was to investigate the genetic and genomic background of five maternal behavioral traits as well as two reproduction traits and to discuss their potential for routine genetic evaluation. In total, 595 Large White and 212 Landrace performance-tested sows from 22 Austrian nucleus farms were genotyped and behavioral and reproduction traits were recorded by farmers after training. Estimated breeding values (EBV) were derived for all traits and used as pseudo-phenotypes in a genome-wide association (GWA) analysis. For the trait 'aggressive behavior towards stockpersons' promising associations were identified with genes involved in the expression of behaviors assessed in animal models for schizophrenia. Genes associated with number of live born and number of weaned piglets are important for embryogenesis and viability of offspring postpartum. However, further work is needed in terms of behavioral trait definition and investigation of the potential of these traits for genomic selection in maternal sow lines.

Keywords: pig; maternal behavior; genome-wide association study; maternal abilities; genetic parameters

Introduction

Good maternal abilities in sows are an important factor for the survival of piglets until weaning, even more so considering steadily increasing litter sizes (Grandinson et al., 2003). Raising large litters puts high demands on the sow – both in terms of physiology to nurse their offspring and also in terms of maternal behavior to prevent piglets from dying before weaning (Hellbrügge et al., 2008). Furthermore, sows expressing normal maternal behavior may have a higher welfare state (Rutherford et al., 2013). However, most of the current breeding programs focus on selection for prolificacy without taking maternal abilities into account. Consequently, the increase in litter size caused an increase of pre-weaning mortality rate (Grandinson et al., 2003). Pre-weaning mortality is strongly influenced by the vitality of the piglet itself and by the maternal behavior of the sow. Hence, the sow's behavior is a major component of maternal success in terms of survival rate and growth of piglets. Thus, beside litter quality traits, such as mean average birth weight, low variability of birth weights and vitality of newborn piglets (e.g. Schodl et al., 2019), maternal behavior traits need to be considered in balanced breeding programs.

According to scientific literature, maternal behavior comprises a wide range of behaviors such as nestbuilding behavior, lying down behavior, communication between sow and piglets, suckling behavior and protection of piglets towards stockpersons (Grandinson et al., 2003, Grandinson 2005, Marchant Forde 2002, Valros et al., 2002, Wechsler and Hegglin 1997). This makes reliable phenotyping of maternal behavior quite challenging, in particular with respect to trait formulation. Obviously, traits should be able cover all important aspects of maternal behavior and deliver sound results of high quality for genetic evaluation. At the same time, the aim of routine trait recording is to generate big data sets, which require cost-effective phenotypes (Egger-Danner et al., 2015). Thus, a standardized and objective assessment of maternal behavior may be too complex and time-consuming for routine trait recording, whereas a fairly general trait formulation to simplify recording also on a larger scale may be prone to subjective bias (Kramer et al., 2013). Furthermore, behavioral tests performed at a single occasion, e.g. the piglet screaming test (Grandinson et al., 2003), are highly influenced by the environment and may result in low estimated heritabilities. Therefore, highly standardized measures, which are observed for a longer time period, and big data sets are required (Grandinson 2005).

So far, information about the genetic and genomic background of maternal behavioral traits in sows is scarce and such traits are currently not included in the breeding program for maternal sow lines in Austria. Therefore, a joint project of a university and an Austrian breeding company aimed at deriving maternal behavioral traits for on-farm recording on a larger scale using standardized recording schemes for routine genetic and genomic selection and at implementing a maternal behavior index for routine genetic evaluation. Traits for maternal abilities were derived in a transdisciplinary approach together with farmers. These traits were recorded on 22 breeding farms. More details on trait formulation and recording are provided in Pfeiffer et al. (2018). The present paper aims at investigating the genetic and genomic background of maternal behavioral traits and at discussing their potential for routine genetic evaluation. Furthermore, a genome-wide association (GWA) analysis was applied to identify potential candidate genes for behavioral and reproduction traits and to discuss implications for genomic selection.

Animals, materials and methods

In total, 2,900 phenotypic records of 1,229 Large White and 407 Landrace sows were collected for behavioral and reproduction traits on 22 Austrian farms between June 2017 and July 2018. Five maternal behavioral traits, i.e. 'aggressiveness towards piglets' (ATP), 'aggressiveness towards stockperson' (ATS), 'percentage of piglets crushed until weaning' (PCW), 'demeanor at farrowing' (DAF), and overall maternal abilities (OMA), as well as two reproduction traits, 'number of live born piglets' (NLB) and 'number of weaned piglets' (NWP), were recorded per sow and litter by the farmers themselves after completing intensive training (Table 61). Details on training and trait recording by farmers can be found in Pfeiffer et al. (2018). For genomic analyses, a subsample of 595 Large White and 212 Landrace sows was additionally genotyped. Sows in the subsample were selected regarding age (≤ 24 months) and genetic relatedness based on pedigree information.

Table 61 Behavioral and reproduction traits recorded by trained farmers.

Aggressiveness towards piglets within 24 hours postpartum (ATP)	No (1) / Yes (2) Sows injured and/or killed their piglets by biting and/or application of the neuroleptic drug azaperone to protect piglets from further biting attacks by the sow.
Aggressiveness towards stockperson within 24 hours postpartum (ATS)	No (1) / Yes (2) Sows attacked the stockperson while he or she was approaching the sow or the newborn piglets. Attacks were defined as trying to bite and/or hit the stockperson during routine management procedures (e.g. newborn piglet care, feeding sows).
Percentage of piglets crushed until weaning (PCW)	(Number of piglets crushed during suckling period)/(Number of live born piglets)*100
Demeanor at farrowing in the peripartal period (DAF)	Calm (1) / Agitated (2) Farmers only record this trait if they were able to observe the farrowing. Calm: sows lie down antepartum, no or few postural changes while farrowing, no piglet crushing during farrowing. Agitated: no extended lying periods antepartum, many postural changes while farrowing, possibly one or more crushed piglets while farrowing.
Overall maternal abilities during suckling period (OMA)	Good (2) / Poor (1) Overall good maternal abilities during the postpartal period until weaning. Assessment by farmers was conducted intuitively for the entire suckling period, immediately after weaning. No further definition was provided for the farmers on purpose.
Number of live born piglets (NLB)	Counting the number of live born piglets
Number of weaned piglets (NWP)	Counting the number of weaned piglets

Genetic analysis of maternal traits

Genetic analysis comprised estimation of phenotypic and additive genetic variances and the estimation of breeding values (EBVs) for all behavioral traits. Descriptive statistics of behavioral traits are given in Table 61. A linear mixed model was fitted to test and select fixed

effects for further genetic analysis. PROC MIXED was applied using the program package SAS 9.4 (SAS 2013). In total, 2,900 records were used to fit a univariate animal model for behavioral traits applying an average information algorithm using the ASReml package (Gilmour et al. 2009). The pedigree was traced back as far as possible yielding 9,772 animals. Although behavioral traits were recorded as binary traits, a linear model was fitted. However, linear models are commonly used in routine genetic evaluation due to their robustness against deviations of the assumptions of normal distribution (Koeck et al. 2010). The following model was applied for the estimation of genetic parameters and breeding values:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wp} + \mathbf{e}$$

Formel 8 Linear animal model for maternal traits

where y indicates the vector of observations of the respective behavioral trait; b is the vector for the fixed effects farm, breed, year, season, farrowing-class (age of first farrowing combined with parity); a is the vector for the random animal additive genetic effect of the sow with $N(0, A\sigma_a^2)$ where A represents the numerator relationship matrix and σ_a^2 represents the animal variance; p is the vector of the permanent environmental effects of the sow; e is the vector of the random residual effects, with $N(0, I\sigma_e^2)$ where I is the identity matrix and σ_e^2 is the residual variance. X , Z and W represent the incidence matrices for fixed, random and permanent environmental effects, respectively. Total number of born piglets was added as a covariate in the model. Estimated breeding values were used as pseudo-phenotypes for the subsequent GWA analysis. Breeding values are corrected for systematic environmental effects and the animals' permanent environmental effect. Furthermore, they include the animal's own records as well as records of all measured animals in the pedigree (Becker et al., 2013). All genotyped animals in the present study had to have at least one phenotypic record for each trait. Reliabilities of EBVs were computed using predicted error variance (Gilmour et al., 2009).

$$\sqrt{1 - \frac{\sigma_e^2}{(1 + f_i)\sigma_A^2}}$$

Formel 9 Predicted error variance

where s^2 index I is the standard errors of the BLUP for individual I , f index I is the inbreeding coefficients and σ^2 index A is the additive genetic variance.

Table 62 Number of observations (N), mean, standard deviation (SD), minimum and maximum of the behavioral traits aggressiveness towards piglets (ATP), aggressiveness towards stockperson (ATS), demeanor at farrowing (DAF), overall good maternal abilities (OMA) and percentage of piglets crushed until weaning (PCW).

Trait	N	Mean	SD	Minimum	Maximum
ATP	2,848	1.03	0.169	1	2
ATS	2,838	1.02	0.136	1	2
DAF	2,207	1.09	0.287	1	2
OMA	2,338	1.91	0.294	1	2
PCW	2,897	3.99	7.60	0.00	100

Estimated breeding values of reproduction traits

For the reproduction traits, routinely computed EBVs of the genotyped 595 Large White and 212 Landrace sows were provided by the Austrian national performance testing station of pigs (OESPA). These EBVs for number of live born and weaned piglets had been estimated using a bivariate linear animal model (Draxl et al. 2007).

Genome-wide association analyses

For the genome-wide association (GWA) analysis ear tissue samples were taken from 807 sows for genotyping. Tissue samples were collected by employees of the Austrian breeding organization by applying a genomic tissue tag. This presents a standard procedure on breeding farms and thus no ethical approval was necessary.

The purified DNA samples were genotyped using Illumina PorcineSNP60 BeadChip V2 (Illumina Inc., San Diego, CA, USA), including 62,621 single nucleotide polymorphism (SNP) markers. The primary quality control was performed according to the Illumina Gen Call score (GC) and Gen Train score (GT). Genotypes with a GC below 0.15 were discarded. For GT no lower limit was set. PLINK 1.9 (Purcell et al., 2007, Chang et al., 2015) was used to conduct the standard

quality control of the SNPs. Samples with a missing genotype rate >0.1 (*--mind 0.1*) were discarded from the data set. Thus, one Large White sample had to be excluded from further analysis. Moreover, SNPs with a call rate <0.9 (*--geno 0.1*), minor allele frequency (MAF) <0.05 (*--maf 0.05*) and those markers, which deviated from Hardy-Weinberg Equilibrium with Fisher exact test and p-values <0.000001 (*--hwe 1e-6*) were discarded from the data sets. Finally, 44,960 SNPs from 806 pigs were used for further analysis.

Statistical Model for Genome-Wide Association Analysis

The genome-wide association analysis was performed on every single SNP marker (in total 44,960 analyses). The following univariate linear model was run in GEMMA software (Zhou and Stephens, 2012).

$$\mathbf{y} = \mathbf{1}\mu + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{s}\beta + \mathbf{e}$$

Formel 10 Model for the Genome-wide association analysis

where \mathbf{y} is the vector of the EBVs for the respective behavioral and reproduction trait; μ is the overall mean and $\mathbf{1}$ is the vector of 1; \mathbf{a} is the vector of polygenic effects of each animal with normal distribution $N(0, Gva)$ where G represents the genomic relationship matrix and Z is the incidence matrix for \mathbf{a} ; β is the SNP additive fixed effect and \mathbf{s} is the vector of genotypes for the corresponding SNP marker, coded as 0, 1 and 2 according to the number of the copies of the minor alleles; \mathbf{e} is the vector of residual effects with $N(0, Ive)$. All the models were fitted in GEMMA and the genome relationship matrix was also calculated and fitted in the model internally in GEMMA. Bonferroni correction was used to account for multiple testing, assuming independence between the markers. In total, 44,960 independent hypothesis tests were considered, resulting in a significance threshold of $p < 10^{-6}$. SNPs with $p < 10^{-4}$ were considered suggestive SNPs. QQ-plots were checked for potentially unaccounted population substructures and Manhattan plots of SNP p-values were used to visually identify spurious findings (Reed et al., 2015).

Gene Annotation

The region ± 0.5 mega base pairs up- and downstream the significant and suggestive SNPs were searched for protein coding genes. Potential candidate genes were identified based on

their functional annotations in the Ensembl genome browser (<https://www.ensembl.org>) and single scientific studies.

Results of genetic analysis

Table 63 presents additive genetic and permanent environmental variances, heritabilities, repeatabilities and means of EBVs and r^2 for all behavioral traits. Heritabilities ranged from 0.025 to 0.185 with lowest heritabilities estimated for ATP and ATS. Repeatabilities ranged from 0.077 to 0.428. Especially OMA showed a low repeatability of 0.077 indicating almost no permanent environmental variance. All other repeatabilities were moderate, ranging from 0.332 for ATS to 0.428 for DAF. Average reliabilities of EBVs were low for all behavioral traits, ranging from 0.100 to 0.287.

Table 63 Additive genetic (V_a) and permanent environmental (V_{pe}) variances, heritabilities (h^2), repeatabilities (t) and their standard errors (SE), means of estimated breeding values (EBVs) and reliability (r^2) and their standard deviations (SD) for behavioral traits ‘aggressiveness towards piglets’ (ATP), ‘aggressiveness towards stockman’ (ATS), ‘demeanor at farrowing’ (DAF), ‘overall maternal abilities’ (OMA), and ‘percentage of piglets crushed until weaning’ (PCW).

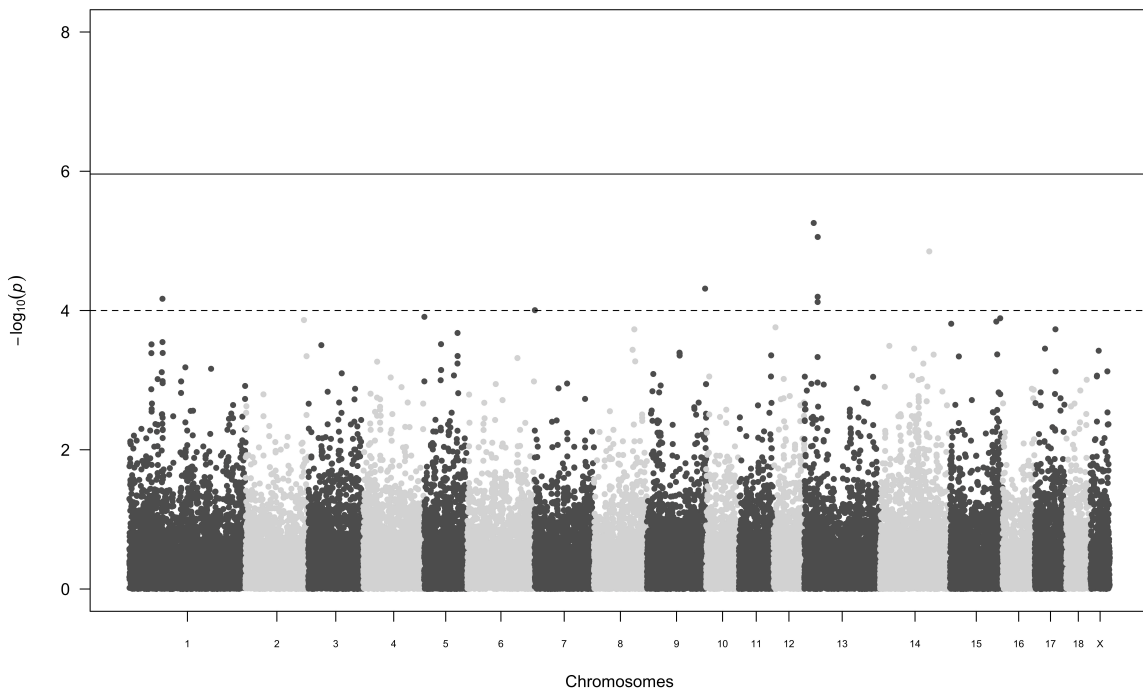
Trait	V_a	V_{pe}	$h^2 \pm SE$	$t \pm SE$	EBVs $\pm SE$	$r^2 \pm SE$
ATP	0.0007	0.0114	0.025 \pm 0.030	0.423 \pm 0.027	0.0006 \pm 0.006	0.100 \pm 0.024
ATS	0.0008	0.0049	0.047 \pm 0.031	0.332 \pm 0.028	0.0007 \pm 0.009	0.117 \pm 0.036
DAF	0.0140	0.0184	0.185 \pm 0.055	0.428 \pm 0.030	0.0155 \pm 0.053	0.287 \pm 0.076
OMA	0.0062	0.0001	0.078 \pm 0.026	0.077 \pm 0.026	0.0093 \pm 0.040	0.160 \pm 0.056
PCW	9.28	48.14	0.069 \pm 0.031	0.424 \pm 0.025	0.1690 \pm 0.391	0.112 \pm 0.031

Results of the genome-wide association analysis

Results of the genome-wide association analysis are shown in the Manhattan plots in Figures 1-7. One peak with four suggestive SNPs was found for ATP on SSC13 (Figure 8). For ATS, one

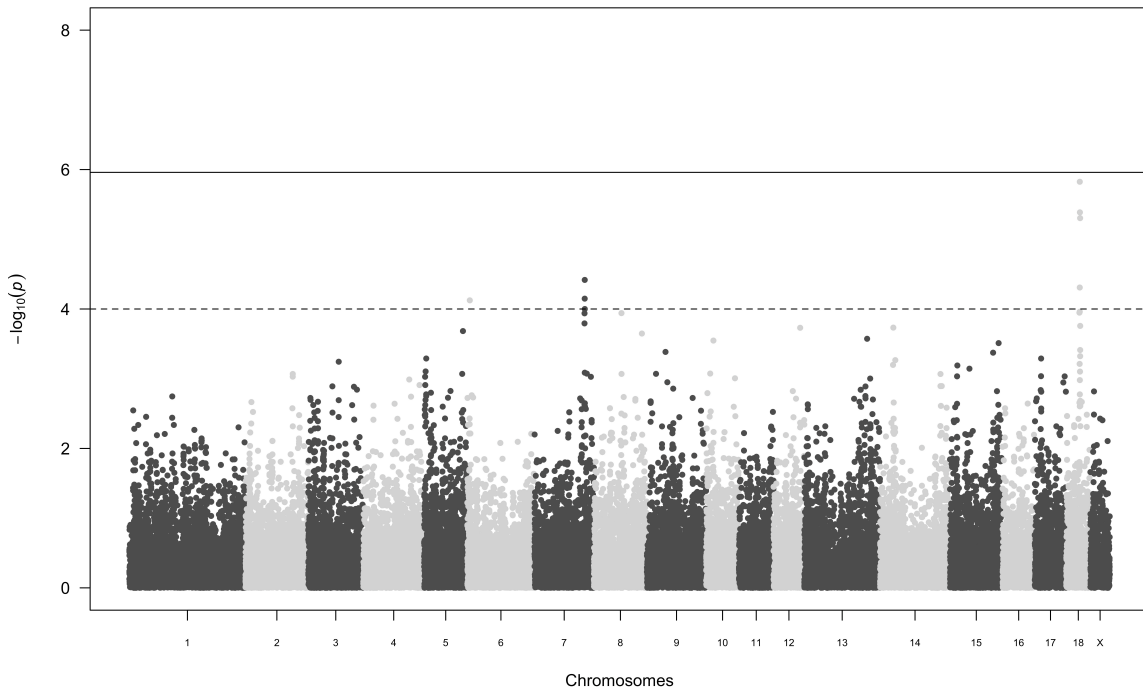
peak including two suggestive SNPs on SSC7 and one peak on SSC18 including four suggestive SNPs were identified (Figure 9). Although nine and five suggestive SNPs were found for PCW and DAB, respectively, Manhattan plots did not show clear peaks on any of the chromosomes for these two traits (Figures 10, 11). One significant SNP was found for OMA on SSC8, which may be classified as spurious due to its isolated position (Figure 12). For NLB and NWP, ten and twelve significant as well as nine and seven suggestive SNPs, respectively, were identified on *Sus scrofa* chromosome 1 (SSC1) forming a distinct peak (Figures 13, 14). The Manhattan plot also showed a clear peak on SSC13 including 22 suggestive SNPs for NLB (Figure 13). However, a peak including two suggestive SNPs on SSC6 could be identified for this trait.

Figure 8 Results of the genome-wide association study for the trait aggressiveness towards piglets.



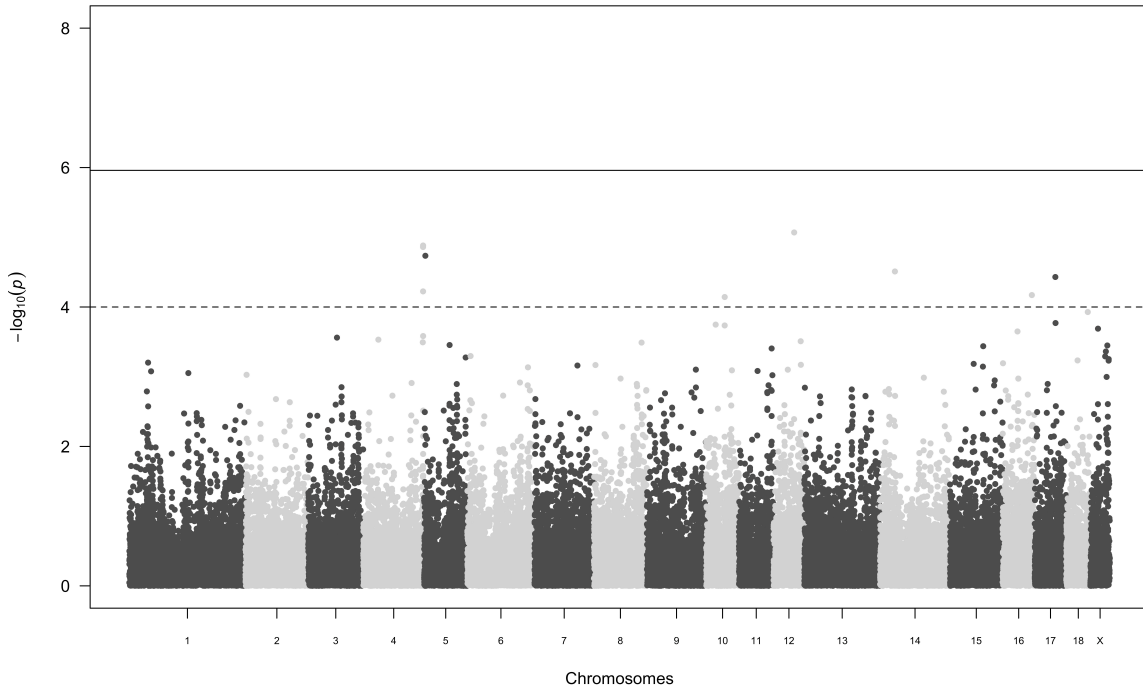
With chromosomal position on the x-axis and the negative decadic logarithm of the p-value on the y-axis. The solid line corresponds to the significance level of $p = 10^{-6}$ and the dashed line represents the threshold for suggestive SNPs at $p = 10^{-4}$.

Figure 9 Results of the genome-wide association study for the trait aggressiveness towards stockperson.



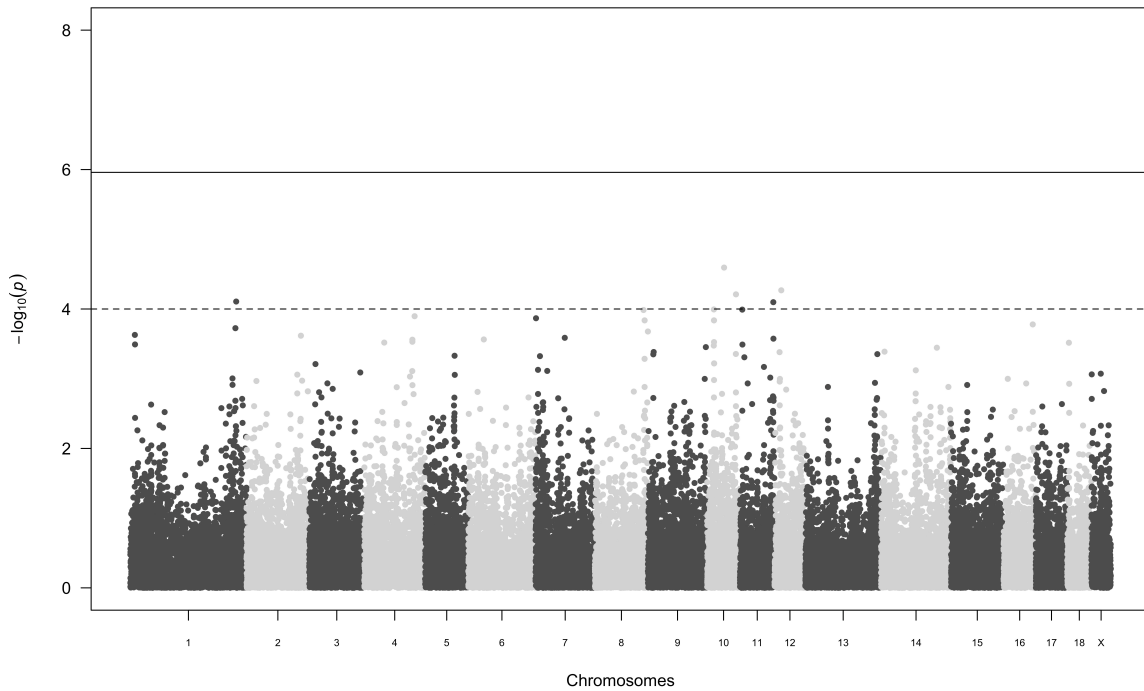
With chromosomal position on the x-axis and the negative decadic logarithm of the p-value on the y-axis. The solid line corresponds to the significance level of $p = 10^{-6}$ and the dashed line represents the threshold for suggestive SNPs at $p = 10^{-4}$.

Figure 10 Results of the genome-wide association analysis for the trait 'percentage of piglets crushed until weaning'.



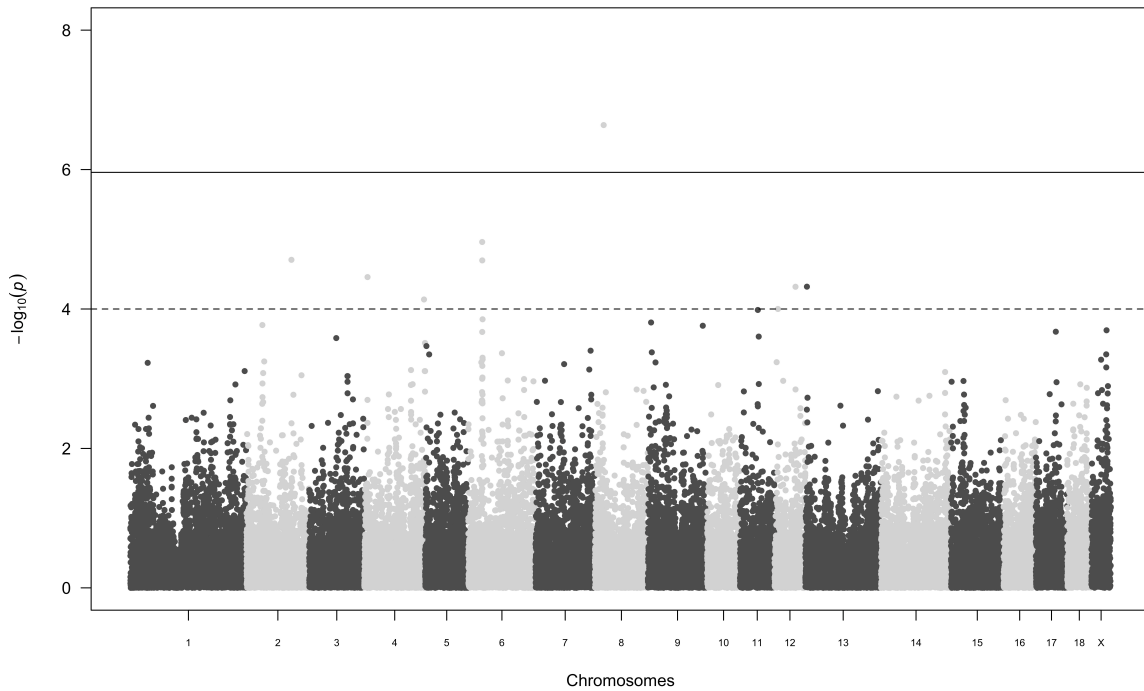
With chromosomal position on the x-axis and the negative decadic logarithm of the p-value on the y-axis. The solid line corresponds to the significance level of $p = 10^{-6}$ and the dashed line represents the threshold for suggestive SNPs at $p = 10^{-4}$.

Figure 11 Results of the genome-wide association analysis for the trait 'demeanor at farrowing'.



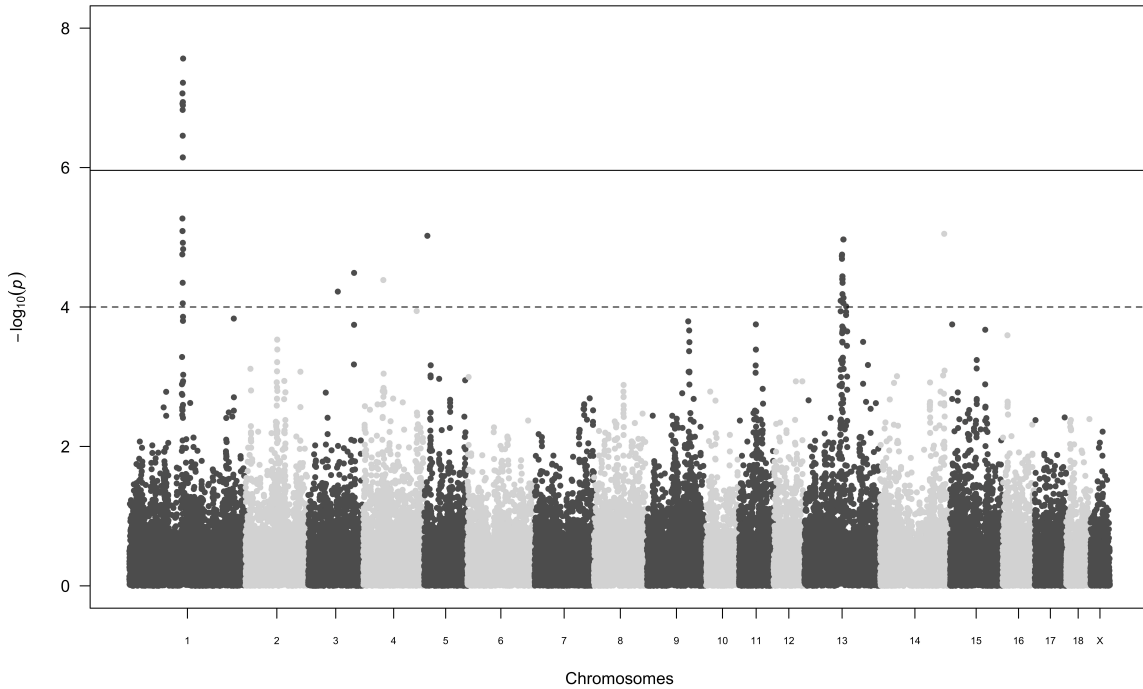
With chromosomal position on the x-axis and the negative decadic logarithm of the p-value on the y-axis. The solid line corresponds to the significance level of $p = 10^{-6}$ and the dashed line represents the threshold for suggestive SNPs at $p = 10^{-4}$.

Figure 12 Results of the genome-wide association analysis for the trait 'demeanor at farrowing'



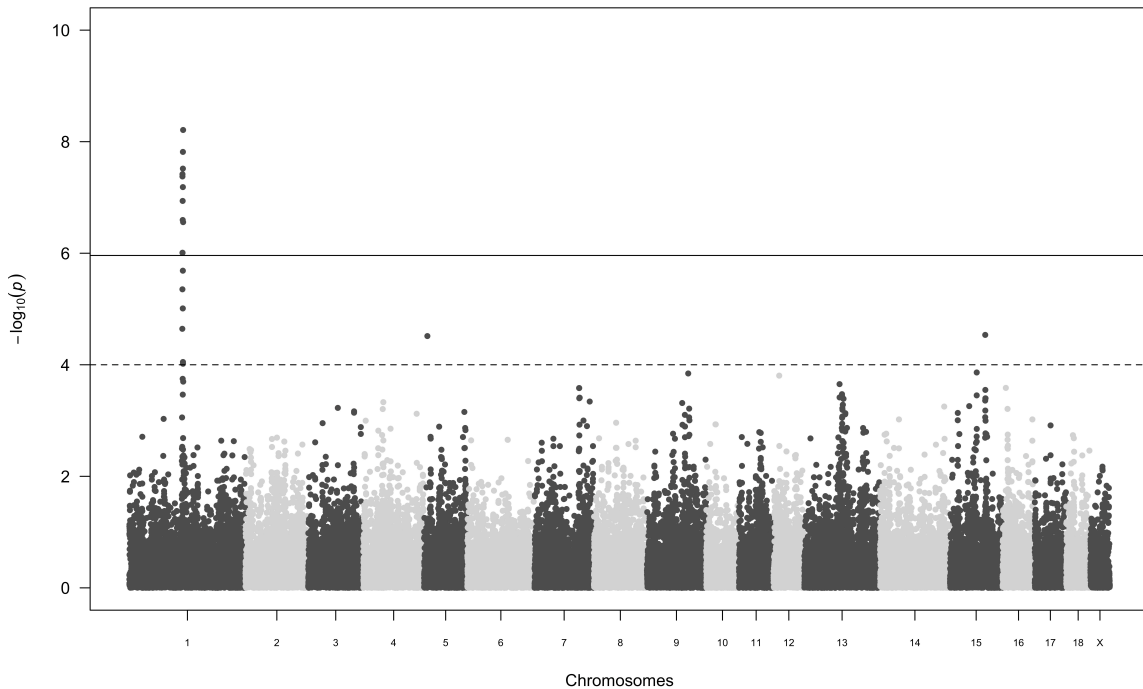
With chromosomal position on the x-axis and the negative decadic logarithm of the p-value on the y-axis. The solid line corresponds to the significance level of $p = 10^{-6}$ and the dashed line represents the threshold for suggestive SNPs at $p = 10^{-4}$.

Figure 13 Results of the genome-wide association analysis for the trait 'number of live born piglets'.



With chromosomal position on the x-axis and the negative decadic logarithm of the p-value on the y-axis. The solid line corresponds to the significance level of $p = 10^{-6}$ and the dashed line represents the threshold for suggestive SNPs at $p = 10^{-4}$.

Figure 14 Results of the genome-wide association analysis for the trait 'number of weaned piglets'



With chromosomal position on the x-axis and the negative decadic logarithm of the p-value on the y-axis. The solid line corresponds to the significance level of $p = 10^{-6}$ and the dashed line represents the threshold for suggestive SNPs at $p = 10^{-4}$.

Discussion of genetic analysis

In accordance with other studies, heritabilities of behavioral maternal traits were low. Gäde et al. (2008) for example estimated heritabilities of 0.06, 0.05, 0.03 and 0.02 for attitude to people, maternal ability, crushing of piglets and savaging of piglets, respectively. Maternal abilities comprised various behaviors around farrowing and until five days after farrowing whereas in the present study overall maternal abilities were evaluated after weaning only. Heritabilities in Grandinson et al. (2003) were similarly low with 0.08 and 0.04 for aggressive behavior towards humans and percentage of crushed piglets, respectively. No genetic analyses investigating demeanor at farrowing as individual trait were found in the literature. The levels of genetic variation as well as of heritabilities for all five behavioral maternal traits were low and thus the potential for genetic progress is small and requires strict selection. However, as challenging as it may seem, selection for maternal behavior may be considered

important from an animal welfare perspective. Until now, breeding programs focused solely on performance (e.g. litter size or growth rates) and to some extent also fitness traits (e.g. functional longevity or conformation traits) whereas animal welfare traits (e.g. normal behavior) are largely missing. Thus, including maternal behavior into breeding programs presents a first step towards animal welfare improvement through pig breeding.

Discussion of genome-wide association analysis

Significant SNPs were found for two and suggestive associations for four out of six traits. Bonferroni adjustment for defining the threshold for significance assumes complete independency between SNPs yielding rather conservative results (Johnson et al. 2010). Accordingly, due to the increased probability of a Type II error some significant SNPs may have not been identified as such. Vice versa, single SNPs which pass the significance threshold even though located in an area with otherwise large p-values may be misleading (Reed et al. 2015). Thus, visual inspection of Manhattan plots supports identification of distinct peaks indicating a true signal even when not reaching Bonferroni corrected significance level or identifying the aforementioned spurious single SNPs with low p-values, respectively.

Details for those traits, for which significant or suggestive SNPs were found and which showed distinct peaks in the Manhattan plots, are discussed below.

Aggressiveness towards piglets

Aggressive behavior towards piglets may have several underlying causes including emotional states such as fear (Marchant Forde 2002), lack of experience in primiparous sows, different endocrine states around parturition or stress during gestation (reviewed by Daigle 2018). For the trait studied, suggestive SNPs were found on SSC13. In earlier studies, SSC13 has been associated with maternal infanticide in pigs. However, the regions identified either did not overlap with the ones in the present study (Chen et al., 2009) or even when there was a partial overlap (Quilter et al., 2012), no meaningful annotations were found. Since the behavioral and physiological background of maternal infanticide is not fully understood yet, further studies may help to differentiate the underlying causes and their behavioral expression thus leading to more distinct results in future GWA analyses and a revision of the behavioral trait formulation.

Aggressiveness towards stockperson

Two of the suggestive SNPs were positioned within the *DOCK4*, one was positioned within *IFRD1*, and one within *LSMEM1*, all of which are protein coding genes. *DOCK4* is known to be involved in susceptibility to autism spectrum disorders and schizophrenia (Maestrini et al., 2010; Alkelei et al., 2012). Often animal models studying behavioral phenotype changes are used to assess core symptoms of these disorders and make inferences about psychiatric states in humans (Jones et al., 2011). Guo et al. (2019) for example performed a knockout (KO) study on *DOCK4* with different strains of mice using behavioral tests. KO mice showed poorer maternal behavior and failed to distinguish between familiar and newly introduced, unfamiliar conspecifics. Furthermore, these mice displayed elevated anxiety and impaired object and spatial learning.

Other candidate genes located ± 0.5 Mb next to the suggestive SNPs were for example *GPR85* and *CDH13*. The latter has been shown to be associated with extreme violent behavior in humans (Tiihonen et al. 2014) as well hyperactive/impulsive symptoms of attention-deficit/hyperactivity disorder (ADHD; Salatino-Oliveira et al., 2014). A study on *GPR85* using *GPR85*-overexpressing transgenic and *GPR85* KO mice found phenotypic overlaps in brain structures and functions, e.g. contextual memory deficits, of the *GPR85*-overexpressing transgenic mice with those in patients with schizophrenia (Matsumoto et al., 2008).

It may be hypothesized that sows also experience elevated anxiety states associated with variants of these genes. Marchant Forde (2002) studied fearfulness of humans in gilts using a human approach test and looked at how this relates to aggressive behavior towards stockpersons. Sows which behaved aggressively towards humans were classified as 'bold' in the human approach test whereas 'fearful' sows were found to act rather aversive toward humans. Based on this approach and the assumption that aggressiveness towards stockpersons is not a favorable trait, selection on the absence of aggressiveness may have the unwanted side effect of also selecting more fearful sows. According to Grandinson et al. (2003), fearfulness in sows is genetically correlated to piglet mortality. Aside from the obvious welfare issue of higher piglet mortality, it may also be assumed that more fearful sows experience higher stress levels and consequently have lower welfare (Grandinson et al., 2003). Thus, further research differentiating between aggressive, not aggressive and aversive sows and investigations in gene expression levels relating to this behavioral spectrum and these internal states, respectively, should be conducted.

Overall maternal abilities

One of the candidate genes located near to suggestive SNPs on SSC6 is E2F4. Humbert et al. (2000) reported that E2F4-deficient mice had lower birth weights than their litter mates and 85% of them died before weaning. Another relevant gene in this region was TERB1, which plays an important role for female and male fertility (Shibuya et al., 2014, Matsuda et al., 2009). CBF1 and HSD11B2 are also genes located in this region and studies in mice showed that they are related to pre- and postnatal lethality, respectively (Yoshida et al., 2002; Kotelevtsev et al., 1999).

The position of the suggestive SNPs adjacent to genes relevant for fertility and offspring vitality suggests that farmers may have attributed good overall maternal abilities especially to fertile sows with low pre-weaning mortality rate. However, low pre-weaning mortality is a result of good maternal abilities and thus these two aspects are mutually dependent. Together with the vague trait definition leaving space for subjective assessment by the farmers and the low heritability, this trait may not be regarded as suitable for routine genetic evaluation.

Number of live born piglets and number of weaned piglets

Both traits, number of live born and number of weaned piglets, show a significant peak on SSC1. Candidate genes with a relevant function in this region are SMAD7 and SMAD2. Studies in mice found that SMAD7 is related to reduced birth weight (Tojo et al., 2012). Hua et al. (2017) and Wang et al. (2017) reported similar results for pigs, indicating that this gene is involved in prenatal muscle development and consequently birth and weaning weight in piglets. Studies investigating gene expression in the porcine ovary and uterine endometrium showed that SMAD2 plays an important role for follicular development and oocyte growth as well as for embryo implantation (Kim et al., 2012; Xing et al., 2014). Furthermore, KO studies in mice found that SMAD2-deficient embryos died already at a very early pregnancy stage or showed malformations and abnormal embryo turning later on (e.g. Heyer et al., 1999) and that SMAD2 was associated with motor function control as SMAD2-deficient mice showed postnatal ataxia (Wang et al., 2011).

Further candidate genes for number of live born piglets were identified on SSC13. ATR and COPB2 are both related to pre- and perinatal death (Brown and Baltimore 2000; de Klein et al., 2000; DiStasio et al., 2017) and MRPS22 is important for ovarian development (Chen et al., 2018).

The involvement of most of the candidate genes in processes of ovarian and embryonic development relates to number of live born and consequently also to number of weaned piglets. Furthermore, the influence on motor function control may have a causal relationship with the number of weaned piglets. Piglets which show deficiencies in controlled movement after birth may be more prone to being crushed by the sow or to starving due to having difficulties finding teats for colostrum intake.

Conclusions

Heritabilities and genetic variation were low for behavioral traits. However, a potential for implementation into Austria's pig breeding program for maternal lines is given and a slow genetic progress can be achieved. The GWA study substantiates the knowledge of the genomic makeup of behavioral and reproduction traits. Association analyses revealed some promising candidate genes, in particular for the reproduction traits NLB and NWP. With regard to the behavioral traits, ATP and ATS showed peaks in the Manhattan plot and for ATS potential candidate genes relating to autism spectrum disorder in humans and anxiety behavior in mice were identified. However, more information on the differentiation of these two types of aggressive behavior is needed for precise trait definition. This may also lead to better results in further association analyses. A candidate gene approach and gene expression studies may furthermore be suitable for gaining insights into relationships between trait expression and SNP variant and molecular functions to reveal potential causal relationships. Based on more detailed information, conclusions for genomic selection may be derived and applied to breeding programs in the future.

7.4.2 Genome-wide association study on maternal behavior and reproductive traits in two maternal sow lines

Sows expressing normal maternal behavior may show better performance and have a higher welfare status. However, currently behavioral traits are not included in breeding programs for maternal sow lines in Austria. Such traits are characterized by low heritabilities and thus a genome-wide association study (GWAS) analysis was applied to explore the genomic background of aggressiveness towards stockperson (AS), farrowing behavior (FB), general maternal abilities (GM), number of live-born piglets (NLB), number of weaned piglets (NWP) and percentage of piglets crushed until weaning (PCW). In total, 595 Large White and 212 Landrace performance-tested sows from 22 Austrian nucleus farms were genotyped using the Illumina PorcineSNP60 BeadChip V2 including 62,621 single nucleotide polymorphism (SNP) markers. Behavioral and reproductive traits were recorded by farmers after training and estimated breeding values (EBV) were derived for all traits. After SNP standard quality control,

an association analysis was performed for each of 44,960 SNPs for 807 sows using a univariate linear model in GEMMA software with the EBVs as dependent variable. Due to the large number of hypothesis tests a Bonferroni correction was applied resulting in a significance threshold of $p < 10^{-6}$. SNPs with a p-value $< 10^{-4}$ were considered suggestive. DNA-regions of ± 0.5 mega base pairs next to significant and suggestive SNPs were searched for relevant coding genes. On Chromosome (SSC) 1, 10 and 12 significant SNPs were found for NLB and NWP, respectively. Relevant genes in this area were SMAD2 and SMAD7, which are both involved in embryogenesis and viability of offspring postpartum. On SSC 18 next to the DOCK4 and GPR85 genes, which are involved in the expression of behaviors assessed in animal models for schizophrenia, 4 suggestive SNPs were found for AS. Distinct peaks and relevant adjacent genes could not be clearly identified for the other traits. GWAS identified promising associations, which may be subject to further analyses investigating their potential for implementation in genomic selection for maternal sow lines.

8 Liste aller Publikationen, Vortragsaktivitäten und Masterarbeiten während der gesamten Projektperiode

8.1 Originalbeitrag in Fachzeitschriften

8.1.1 2018

Revermann R., Winckler C., Fuerst-Waltl B., Willam A., Leeb C., Pfeiffer C. (2018):

Assessment of piglet viability of new born piglets using an adjusted APGAR score. *Journal of Central European Agriculture* 19 (4), 829-833.

Pfeiffer C., Schodl K., Fuerst-Waltl B., Willam A., Leeb C., Winckler C. (2018): Developing an optimized breeding goal for Austrian maternal pig breeds using a participatory approach. *Journal of Central European Agriculture* 19 (4), 858-864.

8.1.2 2019

Schodl K., Revermann R., Winckler C., Fuerst-Waltl B., Leeb C., Willam A., Knapp P., C.,

Pfeiffer (2019): Assessment of Piglet Vitality by Farmers – Validation of A Scoring Scheme and Estimation of Associated Genetic Parameters. *Animals*, 9(6).

Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B., Schodl K., Knapp P. (2019): Genetic Analysis of Feet and Leg Conformation and Proportion of Crushed Piglets in Austrian Large White and Landrace Sows. *Acta Universitatis Agriculturae et Silviculturae Mendelianae Brunensis* 67, 1212-1219.

8.1.3 2020

Manuskript einreichfertig für BMC Genomics:

Schodl K., Khayat-zadeh N., Fuerst-Waltl B., Winckler C., Knapp P., Pfeiffer C. (2020): Genetic and genomic background of maternal behavioural and reproduction traits in two maternal sow lines.

8.2 Publierte Beiträge für wissenschaftliche Tagungen

8.2.1 2017

Pfeiffer C., Draxl C., Fuerst-Waltl B., Knapp P., Willam A., Winckler C., Leeb C. (2017): Animal breeding and welfare science working together to improve pig welfare in Austria. Innovations in agricultural science of efficient farming, Shumen, Bulgarien.

8.2.2 2018

Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B., Knapp P., Willam A., Leeb C., Winckler C. (2018): Genetic parameters for litter quality traits of Austrian Large White and Landrace sows. In: Wageningen Academic Publishers (Hrsg.), Book of Abstracts of the 69th Annual Meeting of the European federation of Animal Science, Dubrovnik, Kroatien.

Pfeiffer C., Winckler C., Leeb C., Fuerst-Waltl B., Knapp P., Willam A. (2018): Validation of litter quality assessment by pig breeders aiming to develop a piglet vitality index. In: Wageningen Academic Publishers (Hrsg.), Book of Abstracts of the 69th Annual Meeting of the European federation of Animal Science, Dubrovnik, Kroatien.

8.2.3 2019

Fuchs M., Gutmann A., Winckler C., Leeb C., Pfeiffer C. (2019): Nest-building behaviour in crated sows provided with jute-bag – an exploratory case study. In: R.C. Newberry und B.O. Braastad (Hrsg): Animal lives worth living. 53rd Congress of the ISAE, Bergen, Norwegen.

Winckler C., Fuerst-Waltl B., Leeb C., Willam A., Pfeiffer C. (2019): Genetic parameters for maternal traits in sows recorded by farmers. In: R.C. Newberry und B.O. Braastad (Hrsg): Animal lives worth living. 53rd Congress of the ISAE, Bergen, Norwegen.

Schodl K., Fuerst-Waltl B., Revermann R., Winckler C., Willam A., Leeb C., Knapp P., Pfeiffer C. (2019): Validation of a piglet vitality score for maternal pig breeds in Austria. In: Wageningen Academic Publishers (Hrsg.), Book of Abstracts of the 70th Annual Meeting of the European federation of Animal Science, Ghent, Belgium.

8.2.4 2020

Angenommen bei der jährlichen Konferenz der European Federation of Animal Science (EAAP) von 1.12. bis 4.12.2020

Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B., Knapp P., Willam A. (2020): Implementation of a litter vitality index into Austrian maternal pig breeding program.

Pfeiffer C., Schodl K., Fuerst-Waltl B., Winckler C., Willam A., Leeb T., Knapp P. (2020): Towards a pig breeding program aimed at improving animal welfare in Austria.

Schodl K., Fuerst-Waltl B., Khayatzadeh N., Knapp P., Winckler C., Pfeiffer C. (2020): Genome-wide association study on maternal behavior and reproductive traits in two maternal sow lines.

8.3 Originalbeiträge in Fachzeitschriften und populärwissenschaftliche Beiträge

8.3.1 2017

Pfeiffer C. (2017): Gute Mütter – vitale Ferkel. Der Landwirt: Fachzeitschrift für die bäuerliche Familie, 3, 26-27.

8.3.2 2018

Pfeiffer C. (2018): Eine Zucht auf Wurfqualität ist möglich. VÖS-Magazin, 2, 24-25.

Pfeiffer C. (2018): Robuste Sauen mit vitalen Ferkeln. Bio Austria Fachzeitschrift für Landwirtschaft und Ökologie, 5, 42-44.

8.3.3 2019

Pfeiffer C. (2019): Gutes mütterliches Verhalten kann Saugferkelverluste senken. VÖS-Magazin, 1, 30-31.

Schodl K., Pfeiffer C. (2019): Gute Mütter haben schöne Beine: Fundamentmerkmale beachten. VÖS-Magazin, 3, 24-25.

Pfeiffer C. (2019): Robuste Sauen mit guten Muttereigenschaften. Blick ins Land, Schweinepraxis 01/19, XIV-XVII.

Pfeiffer C. (2019): PIG – Austria – So sieht das neue Zuchtprogramm aus. Der Landwirt: Fachzeitschrift für die bäuerliche Familie, 21, 40-41.

Pfeiffer C. (2019): Nächste Generation. Der Landwirt: Fachzeitschrift für die bäuerliche Familie, 3, 32-35.

Pfeiffer C. (2019): Mehr Augenmerk auf Vitalität. Blick ins Land, Schweinepraxis 02/19, 7-8.

Schodl K., Pfeiffer C. (2019): Zuchtziel Wurfqualität. SUS-Schweinezucht und Schweinemast, 2, 42-45.

8.4 Vortragsaktivitäten

8.4.1 2017

Pfeiffer C., Draxl C., Fürst-Waltl B., Knapp P., Leeb C., Willam A., Winckler C. (2017): Entwicklung, Erfassung, Validierung und züchterische Optimierung ausgewählter funktionaler Merkmale bei Muttersau und Ferkel in Österreich. Jahrestagung der Besamungsorganisationen des Bundesverbandes Rind und Schwein e.V., 25. Oktober 2017, Schicklberg, Kremsmünster, Österreich.

Pfeiffer C., Draxl C., Fürst-Waltl B., Knapp P., Leeb C., Willam A., Winckler C. (2017): Entwicklung, Erfassung, Validierung und züchterische Optimierung ausgewählter funktionaler Merkmale bei Muttersau und Ferkel in Österreich. FBF Workshop Zukunft Schweinezucht, 12. Und 13. Dezember 2017, Fulda, Deutschland.

8.4.2 2018

Knapp P., Pfeiffer C. (2018): The Austrian pig sector: Industry and science working together to set up new breeding objectives for Austrian pig breeds. FABRE EFFAB Annual General Meeting, 22. und 23. Mai 2018, Wien, Österreich.

Pfeiffer C. (2018): OptiZucht – gesunde Sauen und vitale Ferkel. Wintertagung des Ökosozialen Forums – Fachtag Schweinehaltung, 1. Februar 2018, Wels, Österreich.

Pfeiffer C. (2018): OptiZucht - gute Mütter und vitale Ferkel - erste Ergebnisse.
Generalversammlung der Schweinezucht Steiermark, 13. März 2019, Feldbach, Österreich.

Pfeiffer C., Schodl K., Fuerst-Waltl B., Willam A., Winckler C. (2018): Developing an optimized breeding goal for Austrian maternal pig breeds using a participatory approach. 26th Animal Science Days, 26. bis 28. September 2018, Piestany, Slowakei.

Revermann R., Winckler C., Fuerst-Waltl B., Leeb C. Pfeiffer C. (2018): Assessment of viability of new born piglets using an adjusted APGAR score. 26th Animal Science Days, 26. bis 28. September 2018, Piestany, Slowakei.

8.4.3 2019

Pfeiffer C., Knapp P. (2019): Neue Zuchtziele der österreichischen Mutterrassen Edelschwein und Landrasse: auch für Bio-Betriebe geeignet! BIO Austria-Bauerntage 2019 Schweinetag, 31. Januar 2019, Wels, Österreich.

Knapp P., Pfeiffer C. (2019): OptiZucht: Neue Wege in der österreichischen Schweinezucht. Lambacher Schweinefachtag 2019, 09. Januar 2019, An der Traun, Lambach, Österreich.

Pfeiffer C. (2019): Mögliche Zuchtstrategien für die steirische Schweineproduktion. Kompetenztag Schwein - Schwein hat Zukunft, 6. Februar 2019, Hatzendorf, Österreich.

Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B., Schodl K., Knapp P. (2019): Genetic analysis of feet and leg conformation and proportion of crushed piglets in Austrian Large White and Landrace sows. 27th Animal Science Days, 18. bis 20. September 2019, Prag, Tschechien.

Schodl K., Winckler C., Fuerst-Waltl B., Knapp P., Pfeiffer C. (2019): Zuchtziel Mütterlichkeit? Notwendige Schritte für die Umsetzung eines innovativen Zuchtprogrammes in Österreich. Fachberatertagung ökologische Schweinehaltung, 29. bis 30. Oktober 2019, Bad Kissingen, Deutschland.

8.5 Masterarbeiten

8.5.1 2019

Revermann Regine (2019): Validierung der Beurteilung der Vitalität von neugeborenen Ferkeln durch SchweinehalterInnen. Masterarbeit, Universität für Bodenkultur Wien.

8.5.2 2020

Fuchs Martin (2020): Zustand von Jutesäcken als Indikator für das „Nestbauverhalten“ von Sauen in Kastenständen. Masterarbeit, Universität für Bodenkultur Wien.

8.6 Sonstige Aktivitäten

Regelmäßige Teilnahme an Sitzungen der Schweinezuchtverbände, dem VÖS-Zuchtausschuss und Gebietsversammlungen des Schweinezuchtverbandes Oberösterreich (Christina Pfeiffer). Besuch des Bildungs- und Wissenszentrum Boxberg, Schweinehaltung und Schweinezucht zum Erfahrungsaustausch von vorliegenden Projektergebnissen (Christina Pfeiffer und Katharina Schodl).

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1 Kleinste-Quadrate-Mittelwerte (LSM) und ihre Standardfehler (SE) für die jeweiligen Kategorien der Verhaltensmerkmale AGGF (Aggressives Verhalten gegenüber Ferkeln) und AGGM (Aggressives Verhalten gegenüber Menschen) und das abhängige Merkmal LGF (Anteil lebend geborener Ferkel). N=Anzahl Würfe.	13
Tabelle 2 Kleinste-Quadrate-Mittelwerte (LSM) und ihre Standardfehler (SE) für die jeweiligen Kategorien des Verhaltensmerkmals GM (Gute Mutter) und Saurasse und das abhängige Merkmal AGF (Anteil lebend abgesetzter Ferkel). N=Anzahl Würfe.	13
Tabelle 3 LSM (Kleinste-Quadrate-Mittelwerte) und ihre Standardfehler (SE) für die jeweiligen Kategorien des Verhaltensmerkmals GM (Gute Mutter) und die Wahrscheinlichkeit [%] für mindestens ein erdrücktes Ferkel im Wurf. N = Anzahl Würfe.	14
Tabelle 4 LSM (Kleinste-Quadrate-Mittelwerte) und ihre Standardfehler (SE) für die jeweiligen Kategorien des Verhaltensmerkmals AGGF (Aggressives Verhalten gegenüber Ferkeln) und die Wahrscheinlichkeit [%] für mindestens ein getötetes Ferkel im Wurf. N = Anzahl Würfe.	14
Tabelle 5 Heritabilitäten und Standardfehler auf der Diagonalen, genetische Korrelationen und Standardfehler auf der oberen Dreiecksmatrix und phänotypische Korrelationen auf der unteren Dreiecksmatrix für die Merkmale Aggressives Verhalten gegenüber Ferkel (AGGF), Aggressives Verhalten gegenüber Mensch (AGGM) Abferkelverhalten (ABFV), Gute Mutter (GM), Anzahl gesamt geborener Ferkel (GGF) und Anzahl abgesetzter Ferkel (GGF). NC = nicht konvergiert.	18
Tabelle 6 Mittelwert, Standardabweichung (Stabw), Minimum und Maximum für die Merkmale Aggressives Verhalten gegenüber Ferkel (AGGF), Abferkelverhalten (ABFV), Prozent erdrückter Ferkel (ERDR) und Gute Mutter (GM).	19
Tabelle 7 Heritabilitäten und Standardfehler auf der Diagonalen, genetische Korrelationen und Standardfehler auf der oberen Dreiecksmatrix und phänotypische Korrelationen auf der unteren Dreiecksmatrix für die Merkmale Aggressives Verhalten gegenüber Ferkel (AGGF), Abferkelverhalten (ABFV), Prozent erdrückter Ferkel (ERDR) und Gute Mutter (GM).	19
Tabelle 8 Top- und Flop Zuchtwertliste für Eber und ihre Töchter für das Merkmal Aggressives Verhalten gegenüber Ferkel (AGGF). Anzahl (N) Eber und deren Töchter, Mittelwert der Zuchtwerte (MW ZW) für das Merkmal, durchschnittliche Standardabweichung der MW ZW, die durchschnittliche phänotypische Leistung (MW AGGF), die durchschnittliche Standardabweichung von MW AGGF, der durchschnittliche Mütterlichkeitsindex (MW MI) sowie die durchschnittliche Standardabweichung des MI.	21

Tabelle 9 Top- und Flop Zuchtwertliste für Eber und ihre Töchter für das Merkmal Abferkelverhalten (ABFV). Anzahl (n) Eber und ihre Töchter, Mittelwert der Zuchtwerte (MW ZW) für das Merkmal, durchschnittliche Standardabweichung der MW ZW, die durchschnittliche phänotypische Leistung (MW ABFV), die durchschnittliche Standardabweichung von MW ABFV, der durchschnittliche Mütterlichkeitsindex (MW MI) sowie die durchschnittliche Standardabweichung des MI.	21
Tabelle 10 Top- und Flop Zuchtwertliste für Eber und ihren Töchtern für das Merkmal Erdrückungsverluste (ERD). Anzahl (n) Eber und ihre Töchter, Mittelwert der Zuchtwerte (MW ZW) für das Merkmal, durchschnittliche Standardabweichung der MW ZW, die durchschnittliche phänotypische Leistung (MW ERDR), die durchschnittliche Standardabweichung von MW RDR, der durchschnittliche Mütterlichkeitsindex (MW MI) sowie die durchschnittliche Standardabweichung des MI.	21
Tabelle 11 Top- und Flop Zuchtwertliste für Eber und ihren Töchtern für das Merkmal Gute Mutter (GM). Anzahl (n) Eber und ihre Töchter, Mittelwert der Zuchtwerte (MW ZW) für das Merkmal, durchschnittliche Standardabweichung der MW ZW, die durchschnittliche phänotypische Leistung (MW GM), die durchschnittliche Standardabweichung von MW GM, der durchschnittliche Mütterlichkeitsindex (MW MI) sowie die durchschnittliche Standardabweichung des MI.	22
Tabelle 12 Schema zur Beurteilung des Exterieurs und der Bewegungsfähigkeit der Sau (Exterieurbeurteilung). Die Ziffern -2 bis 2 entsprechen der Zahlenkodierung für die Modellierung.	27
Tabelle 13 Relative Auftretenshäufigkeit der einzelnen Beurteilungsstufen der Merkmale zur Beurteilung des Exterieurs sowie der Bewegungsfähigkeit der Sau. N = Anzahl beurteilter Sauen je Merkmal.	28
Tabelle 14 Saugferkelverluste in Abhängigkeit von den einzelnen Beurteilungskategorien des Exterieurmerkmals ganzes Bein vorne, Seitenansicht . Dargestellt sind Mittelwert (MW), Standardabweichung (Stabw), kleinster Wert (Min), größter Wert (Max) sowie Anzahl Sauen in der jeweiligen Beurteilungskategorie (N).	29
Tabelle 15 Saugferkelverluste in Abhängigkeit der Beurteilungskategorien des Exterieurmerkmals ganzes Bein hinten, Seitenansicht . Dargestellt sind Mittelwert (MW), Standardabweichung (Stabw), kleinster Wert (Min), größter Wert (Max) sowie Anzahl Sauen in der jeweiligen Beurteilungskategorie (N).	30
Tabelle 16 Saugferkelverluste in Abhängigkeit der Beurteilungskategorien des Exterieurmerkmals Fesselstellung vorne, Seitenansicht . Dargestellt sind Mittelwert (MW), Standardabweichung (Stabw), kleinster Wert (Min), größter Wert (Max) sowie Anzahl Sauen in der jeweiligen Beurteilungskategorie (N).	31

Tabelle 17 Saugferkelverluste in Abhängigkeit der Beurteilungskategorien des Exterieurmerkmals Fesselstellung hinten, Seitenansicht . Dargestellt sind Mittelwert (MW), Standardabweichung (Stabw), kleinster Wert (Min), größter Wert (Max) sowie Anzahl Sauen in der jeweiligen Beurteilungskategorie (N).	32
Tabelle 18 Saugferkelverluste in Abhängigkeit der Beurteilungskategorien des Exterieurmerkmals Klauen hinten, Seitenansicht . Dargestellt sind Mittelwert (MW), Standardabweichung (Stabw), kleinster Wert (Min), größter Wert (Max) sowie Anzahl Sauen in der jeweiligen Beurteilungskategorie (N).	33
Tabelle 19 Saugferkelverluste für Bewertungskategorien des Merkmals Beinstellung hinten, Hinteransicht . Dargestellt sind Mittelwert (MW), Standardabweichung (Stabw), kleinster Wert (Min), größter Wert (Max) sowie Anzahl Sauen in der jeweiligen Bewertungskategorie (N).	34
Tabelle 20 Saugferkelverluste in Abhängigkeit der Beurteilungskategorien des Merkmals Lahmheit . Dargestellt sind Mittelwert (MW), Standardabweichung (Stabw), kleinster Wert (Min), größter Wert (Max) sowie Anzahl Sauen in der jeweiligen Beurteilungskategorien (N).	35
Table 21 Feet and leg scoring scheme for Large White and Landrace sows.	42
Table 22 Mean and standard deviation (SD) for feet and leg score and crushed piglets [%], respectively, and corresponding Minimum and Maximum (Min to Max). Corresponding heritability estimates (h^2) and their standard errors (SE). Mean estimated breeding values (EBV) and SD for feet and leg score and crushed piglets [%], respectively, and corresponding Min to Max.	45
Table 23 Estimated genetic correlations for the six feet and leg traits side view fore legs (SV_FL), pastern fore legs (P_FL), side view hind legs (SV_HL), patern hind legs (P_HL), claw length (CL) and lameness (LA).	46
Table 24 Least-squares-means (LSM) for estimated breeding values for crushed piglets until day 35 for the six feet and leg traits side view fore legs (SV_FL), pastern fore legs (P_FL), side view hind legs (SV_HL), pastern hind legs (P_HL), claw length (CL) and lameness (LA).	46
Tabelle 25 Schema zur Beurteilung der Ferkelvitalität auf Wurfebene durch die ZüchterInnen. Ferkel mit verringerter Vitalität sind schwach, blass, zeigen verminderte Aktivität und ungenügendes Säugen.	50
Tabelle 26 Anzahl Würfe, Kleinste-Quadrate-Mittelwerte sowie Standardfehler der Saugferkelmortalität [%] je Vitalitätsbeurteilungskategorie. Signifikante Unterschiede ($p < 0,05$, Tukey Test) zwischen Kategorien sind durch Hochbuchstaben gekennzeichnet.	52
Tabelle 27 Odds Ratios für Saugferkelmortalität in Würfen der Vitalitätsbeurteilungskategorien 1-3 im Vergleich zu jenen der Kategorie 4, Wahrscheinlichkeiten [%] für Ferkelverluste je Vitalitätsbeurteilungskategorie und zugehörige Standardfehler.	52

Tabelle 28 Genetische Parameter für die Merkmale Vitalität, Anzahl gesamt geborener Ferkel und Mortalitätsrate. Heritabilitäten sind auf der Diagonale in fetter Schrift dargestellt, genetische Korrelationen finden sich oberhalb und phänotypische Korrelationen unterhalb der Diagonale.	53
Tabelle 29 Mittlere individuelle Geburtsgewichte (IGG) und deren Standardabweichung (Stabw) sowie Minimum und Maximum für Ferkel aus dem gesamten Datensatz (Edelschwein und Landrasse gemeinsam) sowie nach Edelschwein und Landrasse getrennt.	57
Tabelle 30 Genetische Parameter für das individuelle Geburtsgewicht, der binären Variable Geburtsgewicht (0 = Ferkel unter 1 kg, 1 = Ferkel ab 1 kg) sowie der ordinalskalierten Variable Geburtsgewicht (1 = Ferkel unter 1 kg, 2 = Ferkel zwischen 1 und 1,8 kg, 3 = Ferkel ab 1,8 kg) aus dem direkten Schätzmodell. V=Varianz, h ² =Heritabilität.	57
Tabelle 31 Genetische Parameter für das individuelle Geburtsgewicht, der binären Variable Geburtsgewicht (0 = Ferkel unter 1 kg, 1 = Ferkel ab 1 kg) sowie der ordinalskalierten Variable Geburtsgewicht (1 = Ferkel unter 1 kg, 2 = Ferkel zwischen 1 und 1,8 kg, 3 = Ferkel ab 1,8 kg) aus dem direkt-maternalen Schätzmodell. V=Varianz, h ² =Heritabilität.	58
Tabelle 32 Genetische Parameter für das individuelle Geburtsgewicht, die binäre Variable Geburtsgewicht (0 = Ferkel unter 1 kg, 1 = Ferkel ab 1 kg) sowie die ordinalskalierte Variable Geburtsgewicht (1 = Ferkel unter 1 kg, 2 = Ferkel zwischen 1 und 1,8 kg, 3 = Ferkel ab 1,8 kg) aus dem direkt der Sau zugeordneten Schätzmodell. V=Varianz, h ² =Heritabilität, Wurfvarianz (C ²).	58
Tabelle 33 Ergebnisse des gemischten Modells für das durchschnittliche individuelle Absetzgewicht. LSM = Kleinste-Quadrate-Mittelwerte für durchschnittliches Absetzgewicht in kg. SE = Standardfehler in kg.	60
Tabelle 34 Mittelwert, Standardabweichung (Stabw), Minimum und Maximum der Gewichtsmerkmale und der Wurfvitalität.	61
Tabelle 35 Additiv genetische Varianz (Va), Belegeber-Varianz (Vz), permanente Umweltvarianz der Sau (Vp), Residualvarianz (Ve) sowie die Heritabilitäten (h ²) und ihre Standardfehler (SE) für die Gewichtsmerkmale und die Wurfvitalität.	63
Tabelle 36 Korrelationsmatrix für die bivariaten Schätzungen der Merkmale Wurfgewicht Geburt (WGG), durchschnittliches Geburtsgewicht (DGG), Streuung der Geburtsgewicht (SDGG), Wurfvitalität (WV), Wurfgewicht Absetzen (WGA) und durchschnittliches Absetzgewicht (DAG). Genetische Korrelationen und ihre Standardfehler finden sich auf der oberen und phänotypische Korrelationen auf der unteren Dreiecksmatrix. Univariat geschätzte Heritabilitäten und ihre Standardfehler sind auf der Diagonalen dargestellt.	63
Tabelle 37 Anzahl Datensätze (N), Mittelwert, Standardabweichung (Stabw), Minimum (Min) und Maximum (Max) der Merkmale Durchschnittliche Geburtsgewicht je Wurf in kg, Standardabweichung der Geburtsgewichte je Wurf in kg, Wurfvitalität.	65

Tabelle 38 Heritabilitäten und ihre Standardfehler auf der Diagonalen, genetische Korrelationen und ihre Standardfehler auf der oberen Dreiecksmatrix und phänotypische Korrelationen auf der unteren Dreiecksmatrix für die Merkmale Durchschnittliches Geburtsgewicht, Standardabweichung der Geburtsgewichte je Wurf und Wurfvitalität.	66
Tabelle 39 Mittelwert, Standardabweichung (Stabw), Minimum (Min) und Maximum (Max) der Zuchtwerte (ZW) und Sicherheiten (SI) für die Merkmale durchschnittliches Geburtsgewicht, Standardabweichung durchschnittliches Geburtsgewicht, Wurfvitalität und Wurfvitalitätsindex der Edelschwein- (ES) und Landrasse-Sauen (LR) mit phänotypischer Leistung.	68
Tabelle 40 Mittelwert, Standardabweichung (Stabw), Minimum (Min) und Maximum (Max) der Zuchtwerte (ZW) und Sicherheiten (SI) für die Merkmale durchschnittliches Geburtsgewicht, Standardabweichung durchschnittliches Geburtsgewicht, Wurfvitalität und Wurfvitalitätsindex der Edelschwein-Sauen (ES) mit phänotypischer Leistung.	68
Tabelle 41 Mittelwert, Standardabweichung (Stabw), Minimum (Min) und Maximum (Max) der Zuchtwerte (ZW) und Sicherheiten (SI) für die Merkmale durchschnittliches Geburtsgewicht, Standardabweichung durchschnittliches Geburtsgewicht, Wurfvitalität und Wurfvitalitätsindex der Landrasse-Sauen (LR) mit phänotypischer Leistung.	69
Tabelle 42 Top-Zuchtwertliste für Eber und ihre Töchter für das Merkmal durchschnittliches Geburtsgewicht in kg (DGG kg). Anzahl (N) Eber und ihrer Töchter, Mittelwert der Zuchtwerte (MW ZW) für das Merkmal, durchschnittliche Standardabweichung (Stabw) der MW ZW, die durchschnittliche Sicherheit (r^2) der ZW, die durchschnittliche Standardabweichung der r^2 , die durchschnittliche phänotypische Leistung (MW DGG kg), die durchschnittliche Standardabweichung von MW DGG kg, der durchschnittliche Wurfvitalitätsindex (MW WVI) sowie die durchschnittliche Standardabweichung des WVI.	70
Tabelle 43 Flop-Zuchtwertliste für Eber und ihre Töchter für das Merkmal durchschnittliches Geburtsgewicht in kg (DGG kg). Anzahl (N) Eber und ihrer Töchter, Mittelwert der Zuchtwerte (MW ZW), durchschnittliche Standardabweichung (Stabw) der MW ZW, die durchschnittliche Sicherheit (r^2) der ZW, die durchschnittliche Standardabweichung der r^2 , die durchschnittliche phänotypische Leistung für das Merkmal (MW DGG kg), die durchschnittliche Standardabweichung von MW DGG kg, der durchschnittliche Wurfvitalitätsindex (MW WVI) sowie die durchschnittliche Standardabweichung des WVI.	70

Tabelle 44 Top-Zuchtwertliste für Eber und ihre Töchter für das Merkmal Streuung der individuellen Geburtsgewichte in kg (SDGG). Anzahl (N) Eber und ihrer Töchter, Mittelwert der Zuchtwerte (MW ZW), durchschnittliche Standardabweichung (Stabw) der MW ZW, die durchschnittliche Sicherheit (r^2) der ZW, die durchschnittliche Standardabweichung der r^2 , die durchschnittliche phänotypische Leistung für das Merkmal (MW SDGG kg), die durchschnittliche Standardabweichung von MW SDGG kg, der durchschnittliche Wurfvitalitätsindex (MW WVI) sowie die durchschnittliche Standardabweichung des WVI.	71
Tabelle 45 Flop-Zuchtwertliste für Eber und ihre Töchter für das Merkmal Streuung der individuellen Geburtsgewichte in kg (SDGG). Anzahl (N) Eber und ihrer Töchter, Mittelwert der Zuchtwerte (MW ZW), durchschnittliche Standardabweichung (Stabw) der MW ZW, die durchschnittliche Sicherheit (r^2) der ZW, die durchschnittliche Standardabweichung der r^2 , die durchschnittliche phänotypische Leistung für das Merkmal (MW SDGG kg), die durchschnittliche Standardabweichung von MW SDGG kg, der durchschnittliche Wurfvitalitätsindex (MW WVI) sowie die durchschnittliche Standardabweichung des WVI.	71
Tabelle 46 Top-Zuchtwertliste für Eber und ihre Töchter für das Merkmal Wurfvitalität (WV). Anzahl (N) Eber und ihrer Töchter, Mittelwert der Zuchtwerte (MW ZW), durchschnittliche Standardabweichung (Stabw) der MW ZW, die durchschnittliche Sicherheit (r^2) der ZW, die durchschnittliche Standardabweichung der r^2 , die durchschnittliche phänotypische Leistung für das Merkmal (MW WV), die durchschnittliche Standardabweichung von MW WV, der durchschnittliche Wurfvitalitätsindex (MW WVI) sowie die durchschnittliche Standardabweichung des WVI.	72
Tabelle 47 Flop-Zuchtwertliste für Eber und ihre Töchter für das Merkmal Wurfvitalität (WV). Anzahl (N) Eber und ihrer Töchter, Mittelwert der Zuchtwerte (MW ZW), durchschnittliche Standardabweichung (Stabw) der MW ZW, die durchschnittliche Sicherheit (r^2) der ZW, die durchschnittliche Standardabweichung der r^2 , die durchschnittliche phänotypische Leistung für das Merkmal (MW WIT), die durchschnittliche Standardabweichung von MW WV, der durchschnittliche Wurfvitalitätsindex (MW WVI) sowie die durchschnittliche Standardabweichung des WVI.	72
Tabelle 48 Top-Zuchtwertliste für den Wurfvitalitätsindex (WVI) für Eber und ihre Töchter. Anzahl Eber (N) und ihrer Töchter, mittlerer WVI (MW WVI), durchschnittliche Standardabweichung (Stabw) des WVI, durchschnittliche Sicherheit (r^2), durchschnittliche Standardabweichung der r^2 , die durchschnittlichen phänotypischen Leistungen für die Merkmale durchschnittliche Geburtsgewicht in kg (MW DGG kg), Streuung der Geburtsgewichte in kg (MW SDGG kg) sowie Wurfvitalität (MW WV) und die dazugehörigen durchschnittlichen Standardabweichungen.	73

Tabelle 49 Flop-Zuchtwertliste für den Wurfvitalitätsindex (WVI) für Eber und ihre Töchter. Anzahl Eber (N) und ihrer Töchter, mittlerer WVI (MW WVI), durchschnittliche Standardabweichung (Stabw) des WVI, durchschnittliche Sicherheit (r^2), durchschnittliche Standardabweichung der r^2 , die durchschnittlichen phänotypischen Leistungen für die Merkmale durchschnittliche Geburtsgewicht in kg (MW DGG kg), Streuung der Geburtsgewichte in kg (MW SDGG kg) sowie Wurfvitalität (MW WV) und die dazugehörigen durchschnittlichen Standardabweichungen .	73
Tabelle 50 Top- und Flop-Liste für die zehn besten bzw. schlechtesten Sauen für die Zuchtwerte (ZW) und phänotypischen Daten der Merkmale durchschnittliches Geburtsgewicht (DGG), Streuung der Geburtsgewichte (SDGG) und Wurfvitalität (WV) sowie die Anzahl gesamt geborener Ferkel (GGF) und der Wurfvitalitätsindex (WVI) und ihre Standardabweichungen (Stabw).	74
Tabelle 51 Top- und Flop-Liste der zehn besten bzw. schlechtesten Sauen gereiht nach dem Wurfvitalitätsindex (WVI) und die Anzahl gesamt gesamtgeborener Ferkel (GGF), durchschnittliches Geburtsgewicht (DGG), Streuung der Geburtsgewichte (SDGG), Wurfvitalität (WV) und deren Standardabweichungen (Stabw).	74
Tabelle 52 Zuchtwerte (ZW) und phänotypische Leistungen in den Merkmalen durchschnittliches Geburtsgewicht (DGG), Streuung der Geburtsgewichte (SDGG), Wurfvitalität sowie die Anzahl gesamtgeborener Ferkel (GGF) und deren Standardabweichungen (Stabw) für Sauen der Rassen Edelschwein (ES) und Landrasse (LR) mit Würfen mit mehr als 19 Ferkeln.	75
Tabelle 53 Zuchtwerte (ZW) und phänotypische Leistungen in den Merkmalen durchschnittliches Geburtsgewicht (DGG), Streuung der Geburtsgewichte (SDGG), Wurfvitalität sowie die Anzahl gesamtgeborener Ferkel (GGF) deren Standardabweichungen (Stabw) für Sauen der Rassen Edelschwein (ES) und Landrasse (LR) mit einer geringen Streuung der Geburtsgewichte.	75
Tabelle 54 Zuchtwerte (ZW) und phänotypische Leistungen in den Merkmalen durchschnittliches Geburtsgewicht (DGG), Streuung der Geburtsgewichte (SDGG), Wurfvitalität sowie die Anzahl gesamtgeborener Ferkel (GGF) sowie deren Standardabweichungen (Stabw) für Würfe mit Wurfnote 1 oder 2 von Sauen der Rassen Edelschwein (ES) und Landrasse (LR).	76
Tabelle 55 Gewichtung der Einzelmerkmale in Prozent (%) im Gesamtzuchtwert (GZW) mit und ohne Wurfvitalitätsindex (WVI).	77
Tabelle 56 Additiv genetische Standardabweichung (sa) sowie die relative Gewichtung der Einzelmerkmale im Gesamtzuchtwert für das Referenzszenario S0 und die Alternativszenarien S10, S15 und S20.	82
Tabelle 57 Additiv genetische Standardabweichung (sa) sowie die relative Gewichtung der Hilfsmerkmale innerhalb der Indices Fleischbeschaffenheitszahl und Wurfvitalitätsindex und dem Einzelmerkmal Lebendtagzunahme.	83

Tabelle 58 Wichtige Inputparameter für die Modellrechnung des Referenzszenarios.	84
Tabelle 59 Naturaler Zuchtfortschritt pro Jahr (natZF/J), ausgedrückt in additiv genetischen Standardabweichungen und monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr (monZF/J) für das Referenzszenario (S0) und die Alternativszenarien S10, S15 und S20 für die Merkmale tägliche Zunahme (TGZ), Futtermittelverwertung (FV), Muskelfleischanteil (MFA), Intramuskulärer Fettgehalt (IMF), Fleischbeschaffenheitszahl (FBZ), Anzahl lebend geborener Ferkel (LGF), Anzahl abgesetzter Ferkel (AGF) und Wurfvitalitätsindex (WVI) für die Rasse Landrasse mit einem Generationsintervall von 2,32 Jahren. ¹ Relative Gewichtung pro additiv genetische Standardabweichung.	90
Tabelle 60 Naturaler Zuchtfortschritt pro Jahr (natZF/J), ausgedrückt in additiv genetischen Standardabweichungen und monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr (monZF/J) für das Referenzszenario (S0) und die Alternativszenarien S10, S15 und S20 für die Merkmale tägliche Zunahme (TGZ), Futtermittelverwertung (FV), Muskelfleischanteil (MFA), Intramuskulärer Fettgehalt (IMF), Fleischbeschaffenheitszahl (FBZ), Anzahl lebend geborener Ferkel (LGF), Anzahl abgesetzter Ferkel (AGF) und Wurfvitalitätsindex (WVI) für die Rasse Edelschwein mit einem Generationsintervall von 2,29 Jahren. ¹ Relative Gewichtung pro additiv genetische Standardabweichung.	91
Table 61 Behavioral and reproduction traits recorded by trained farmers.	99
Table 62 Number of observations (N), mean, standard deviation (SD), minimum and maximum of the behavioral traits aggressiveness towards piglets (ATP), aggressiveness towards stockperson (ATS), demeanor at farrowing (DAF), overall good maternal abilities (OMA) and percentage of piglets crushed until weaning (PWC).	101
Table 63 Additive genetic (V_a) and permanent environmental (V_{pe}) variances, heritabilities (h^2), repeatabilities (t) and their standard errors (SE), means of estimated breeding values (EBVs) and reliability (r^2) and their standard deviations (SD) for behavioral traits 'aggressiveness towards piglets' (ATP), 'aggressiveness towards stockman' (ATS), 'demeanor at farrowing' (DAF), 'overall maternal abilities' (OMA), and 'percentage of piglets crushed until weaning' (PCW).	103

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1 Aus dem Modell vorhergesagte Werte für Anzahl erdrückter Ferkel (y-Achse) in Abhängigkeit von den korrigierten Beurteilungskategorien für Lahmheit (x-Achse).	37
Abbildung 2 Durchschnittliches individuelles Absetzgewicht in Abhängigkeit vom Alter der Ferkel beim Wiegen.	61
Abbildung 3 Verteilung der Wurfvitalitätsindizes der 1.571 Sauen mit phänotypischer Leistung.	67
Abbildung 4 Übersicht über die im Modell verwendeten Parameter.	86
Abbildung 5 Genetische Parameter für die Zuchtplanungsrechnungen.	88
Abbildung 6 Relativer monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr (monZF/J) (d.h. $\text{monZF/J/Gesamter monZF/J} \cdot 100$) für die Merkmalsblöcke Mast- und Schlachtleistung (MAS), Fruchtbarkeit (FR), Nutzungsdauer (ND) und Wurfvitalitätsindex (WVI) für das Referenzszenario (S0) und die Alternativszenarien S10, S15 und S20 für die Rasse Landrasse.	92
Abbildung 7 Relativer monetärer Zuchtfortschritt pro Jahr (monZF/J) (d.h. $\text{monZF/J/Gesamter monZF/J} \cdot 100$) für die Merkmalsblöcke Mast- und Schlachtleistung (MAS), Fruchtbarkeit (FR), Nutzungsdauer (ND) und Wurfvitalitätsindex (WVI) für das Referenzszenario (S0) und die Alternativszenarien S10, S15 und S20 für die Rasse Edelschwein.	93
Figure 8 Results of the genome-wide association study for the trait aggressiveness towards piglets.	104
Figure 9 Results of the genome-wide association study for the trait aggressiveness towards stockperson.	105
Figure 10 Results of the genome-wide association analysis for the trait 'percentage of piglets crushed until weaning'.	106
Figure 11 Results of the genome-wide association analysis for the trait 'demeanor at farrowing'.	107
Figure 12 Results of the genome-wide association analysis for the trait 'demeanor at farrowing'	108
Figure 13 Results of the genome-wide association analysis for the trait 'number of live born piglets'.	109
Figure 14 Results of the genome-wide association analysis for the trait 'number of weaned piglets'	110

Formelverzeichnis

Formel 1 Trivariates lineares Tiermodell	51
Formel 2 Modell 1 individuelle Geburtsgewichte	56
Formel 3 Modell 2 individuelle Geburtsgewichte	56
Formel 4 Modell 3 individuelle Geburtsgewichte	56
Formel 5 Lineares Tiermodell für die Merkmale durchschnittliches Geburtsgewicht, Streuung der Geburtsgewichte, gesamtes Wurfgewicht bei der Geburt, gesamtes Wurfgewicht beim Absetzen, durchschnittliches Absetzgewicht je Wurf	62
Formel 6 Lineares Tiermodell für das Merkmal Wurfvitalität	62
Formel 7 Lineares Tiermodell Wurfvitalitätsindex	64
Formel 8 Linear animal model for maternal traits	100
Formel 9 Predicted error variance	100
Formel 10 Model for the Genome-wide association analysis	102

Literaturverzeichnis

Anil S.S., Anil L., Deen J. (2009): Effect of lameness on sow longevity. *Journal of the American Veterinary Medical Association* 235, 734–738.

Baxter E.M.; Jarvis S., D'Eath R.B., Ross D.W., Robson S.K., Farish M., Nevison I.M., Lawrence A.B., Edwards S.A. (2008): Investigating the behavioural and physiological indicators of neonatal survival in pigs. *Theriogenology* 69, 773–783.

Becker D., Wimmers K., Luther H., Hofer A., Leeb T (2013): A genome-wide association study to detect QTL for commercially important traits in swiss large White Boars. *Plos One* 8(2), e55951

BMFG Austria. (2019): Verordnung der Bundesministerin für Gesundheit und Frauen über die Mindestanforderungen für die Haltung von Pferden und Pferdeartigen, Schweinen, Rindern, Schafen, Ziegen, Schalenwild, Lamas, Kaninchen, Hausgeflügel, Straußen und Nutzfischen (1. Tierhaltungsverordnung). BGBl. II Nr. 485/2004.

Brandt H. (2014): Wir brauchen vitale Ferkel. *DLG-Mitteilungsblatt* 9, 94-97.

Brandt H., Henne H. (2004): Genetic correlation between exterior traits and stayability in pigs. In: 55th Annual meeting of the European Association for Animal Production (EAAP). September 5-9, Bled, Slowenien.

Brenninkmeyer C., Dippl S., March S., Brinkmann J., Winckler C., Knierim U. (2007): Reliability of subjective lameness scoring system for dairy cows. *Animal Welfare* 16,127-129.

Brown E.J., Baltimore D. (2000): ATR disruption leads to chromosomal fragmentation and early embryonic lethality. *Gene Dev* 14, 397–402.

Byrt T., Bishop, J., Carlin J.B. (1993). Bias, prevalence and kappa. *Journal of Clinical Epidemiology* 46(5), 423–429.

Chang C.C., Chow C.C., Tellier L.C.A.M., Vattikuti S., Purcell S.M., Lee J.J. (2015): Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets. *Gigascience* 4,7.

Chen C., Guo Y., Yang G., Yang Z., Zhang Z., Yang B., Yan X., Perez-Enciso M., Ma J., Duan Y., Brenig B., Huang L. (2009): A genome wide detection of quantitative trait loci on pig maternal

infanticide behavior in a large scale White Duroc x Erhualian resource population. *Behavior Genetics* 39, 213–219.

Chen A., Tiosano D., Guran T., Baris H.N., Bayram Y., Mory A., Shapiro-Kulnane L., Hodges C., Akdemir Z.C., Turan S., Jhangiani S.N., van den Akker F., Hoppel C.L., Salz H.K., Lupski J.R., Buchner D.A. (2018): Mutations in the mitochondrial ribosomal protein MRPS22 lead to primary ovarian insufficiency. *Human Molecular Genetics* 27(11), 1913–1926.

Damm B.I., Forkman B., Pedersen L.J. (2005). Lying down and rolling behaviour in sows in relation to piglet crushing. *Applied Animal Behaviour Science* 90, 3–20.

Daigle C. (2018): Parallels between postpartum disorders in humans and preweaning piglet mortality in sows. *Animals* 8, 22.

De Klein A., Muijtjens M., van Os R., Verhoeven Y., Smit B., Carr A.M. (2000). Targeted disruption of the cell-cycle checkpoint gene ATR leads to early embryonic lethality in mice. *Current Biology* 10(8), 479–482.

De Roth L., Downie H.G. (1976): Evaluation of viability of neonatal swine. *Canadian Veterinary Journal* 1976, 17, 275–279

DiStasio A., Driver A., Sund K., Donlin M., Muraleedharan R.M., Pooya S., Kline-Fath B., Kaufmann K.M., Prows C., Schorry E., Dasgupta B., Stottman R.W. (2017): Copb2 is essential for embryogenesis and hypomorphic mutations cause human microcephaly. *Human Molecular Genetics* 26(24), 4836–4848.

Draxl C., Knapp P., Willam A., Schamberger E. (2007): Die BLUP Zuchtwertschätzung beim Schwein in Österreich. Grundlagen und praktische Anwendung. Verband Österreichischer Schweinebauern, Vienna and Österreichische Schweineprüfanstalt, Streitdorf.

Egger-Danner C., Cole J.B., Pryce J.E., Gengler N., Heringstad B., Bradley A., Stock K.F. (2015): Invited review: overview of new traits and phenotyping strategies in dairy cattle with focus on functional traits. *Animal* 9(2), 191-202.

Essl A. (1991): Choice of an appropriate bending factor using prior knowledge of the parameters. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 108, 89-101.

Fernández X., Piedrafita J., Tibau J., Fábrega E. (2005): Development of a protocol to record functional traits and inherited disorders affecting welfare in pigs. In: 56th Annual meeting of the

European Association for Animal Production (EAAP), June 5-8, 2004, Uppsala, Sweden.
Abstract No 262.

Gilmour A.R., Gogel B.J., Cullis R., Thompson R. (2009): ASReml User Guide Release 3.0. VNS International Ltd., Hemmel Hemstead.

Gorssen W., Janssens S., Buysn N. (2018): The value of commercial farm-management data to evaluate Pietrain boars for vitality and robustness. In Proceedings of the 69th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, Dubrovnik, Croatia, 27–31 August 2018; p. 271.

Groeneveld E., Kovac M., Wang T. (1999): PEST User`s Manual. Department of Animal Sciences, University of Illinois, USA.

Groeneveld E., Kovač M., Mielenz N. (2010): VCE User`s Guide and Reference Manual, version 6.0. Institute of Farm Animal Genetics; Neustadt, Germany.

Grandinson K., Rydhmer L., Strandberg E., Thodberg K. (2003): Genetic analysis of on-farm tests of maternal behavior in sows. *Livestock Production Science* 83, 141-151.

Grandison K. (2005): Genetic background of maternal behavior and its relation to offspring survival. *Livestock Production Science* 93, 43-50.

Grandinson K., Lund M.S., Rydhmer L., Strandberg E. (2010): Genetic Parameters for the Piglet Mortality Traits Crushing, Stillbirth and Total Mortality, and their Relation to Birth Weight. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A – AnimalScience*, 52(4), 167-173.

Guo D., Peng Y., Wang L., Sun X., Wang X., Liang C., Yang X., Li S., Xu J., Ye W.C., Jiang B., Shi L. (2019): Autism-like social deficit generated by Dock4 deficiency is rescued by restoration of Rac1 activity and NMDA receptor function. *Molecular Psychiatry*.

Hazel L.N. (1943): The genetic basis for constructing selection indices. *Genetics* 28, 476-490.

Heinonen M., Peltoniem O., Valros A. (2013): Impact of lameness and claw lesions in sows on welfare, health and Production. *Livestock Science* 156, 2-9.

Hellbrügge B. (2007): Genetic aspects of piglet losses and the maternal behaviour of sows. Dissertation Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Germany.

Hellbrügge B., Tölle K.H., Bennewitz J., Henze C., Presuhn U., Krieter J. (2008): Genetic aspects regarding piglet losses and the maternal behavior of sows. Part 2. Genetic relationship between maternal behavior in sows and piglet mortality. *Animal* 2(9), 1281-1288.

Heyer J., Escalante-Alcalde D., Lia M., Boettinger E., Edelmann W., Stewart C.L., Jucheralapati R. (1999): Postgastrulation Smad2-deficient embryos show defects in embryo turning and anterior morphogenesis. *Proceeding of National Academy of Science USA* 96(22), 12595–12600.

Hill W.G. (1974): Prediction and evaluation of response to selection with overlapping generations. *Animal Production* 18, 117-139.

Hua C., Wang Z., Zhang J., Peng X., Hou X., Yang Y., Li K., Tang Z. (2016): SMAD7, an antagonist of TGF-beta signaling, is a candidate of prenatal skeletal muscle development and weaning weight in pigs. *Molecular Biology Reports* 43, 241–251.

Humbert P.O., Rogers C., Ganiatsas S., Landsberg R.L., Trimarchi J.M., Dandapani S., Brugnara C., Erdman S., Schrenzel M., Bronson R.T., Lees J.A. (2000): E2F4 is essential for normal erythrocyte maturation and neonatal viability. *Molecular Cell* 6, 281-291.

Intelicon Software Development GmbH, (2019): SponWeb.
<https://www.intelicon.eu/smallpigweb>

Jørgensen B., Andersen S. (2000): Genetic parameters for osteochondrosis in Danish Landrace and Yorkshire boars and correlations with leg weakness and production. *Animal Science* 71, 427-434.

Johnson R.C., Nelson G.W., Troyer J.L., Lautenberger J.A., Kessing B.D., Winkler C.A., O'Brien A.J. (2010): Accounting for multiple comparisons in a genome-wide association study (GWAS). *BMC Genomics* 11, 724.

Jones C.A., Watson D.J.G., Fonde K.F.C. (2011): Animal models of schizophrenia. *British Journal of Pharmacy* 164, 1162-1194.

Kim M., Seo H., Choi Y., Shim J., Kim H., Lee C.K., Ka H. (2012): Microarray analysis of gene expression in the uterine endometrium during the implantation period in pigs. *Asian-Australian Journal of Animal Science* 25(8), 1102-1116.

Klein S., Brandt H.R., König S. (2018): Genetic parameters and selection strategies for female fertility and litter quality traits in organic weaner production systems with closed breeding systems. *Livestock Science* 217, 1–7.

Koeck A., Egger-Danner C., Fuerst C., Obritzhauser W., Fuerst-Waltl B. (2010): Genetic analysis of reproductive disorders and their relationship to fertility and milk yield in Austrian Fleckvieh dual-purpose cows. *Journal of Dairy Science* 93, 2185-2194.

Koning D.B., De Groot P.N., De Hazeleger W., Kemp B., Grevenhof E.M., Van Laurensen B.F.A., Durco B.J., Heuven H.C.M. (2012): Associations between osteochondrosis and conformation and locomotive characteristics in pigs. *Journal of Animal Science*, 90, 4752-4763.

Köck A., Fuerst-Waltl B., Kofler J., Burgstaller J., Steininger F., Fuerst C., Egger-Danner C. (2019): Short communication: Use of lameness scoring to genetically improve claw health in Austrian Fleckvieh, Brown Swiss, and Holstein cattle. *Journal of Dairy Science* 102, 1397–1401.

Kotelevtsev Y., Brown R.W., Fleming S., Kenyon C., Edwards C.R.W., Seckl J.R., Mullins J.J. (1999): Hypertension in mice lacking 11 β -hydroxysteroid dehydrogenase type 2. *Journal of Clinical Investigation* 103, 683-689.

Kramer M., Erbe M., Bapst B., Bieber A., Simianer H. (2013): Estimation of genetic parameters for novel functional traits in Brown Swiss cattle. *Journal of Dairy Science* 96, 1–11.

Le H.T., Nilsson K., Norberg E., Lundheim N. (2015): Genetic association between leg conformation in young pigs and sow reproduction. *Livestock Science* 178, 9-17.

Legarra A., Christensen O.F., Aguilar I., Misztal I. (2014): Single Step, a general approach for genomic selection. *Livestock Science* 166, 54-65.

Lund M.S., Puonti M., Rydhmer L., Jensen J. (2002): Relationship between litter size and perinatal and pre-weaning survival in pigs. *Animal Science* 74, 217–222.

Luther H., Schwörer D., Hofer A. (2007): Heritabilities of osteochondral lesions and genetic correlations with production and exterior traits in station-tested pigs. *Animal* 1(8), 1105–1111.

Marchant J.N., Rudd A.R., Mendl, M.T., Broom D.M., Meredith M.J., Corning S., Simmers P.-H. (2000): The timing and causes of piglet mortality due to crushing on an open farrowing system. *Veterinary Record* 147, 209–214.

Marchant Forde J.N. (2002): Piglet- and stockperson-directed sow aggression after farrowing and the relationship with a pre-farrowing, human approach test. *Applied Animal Behaviour Science* 75, 115-132.

Matsumoto M., Straub R.E., Marengo S., Nicodemus K.K., Matsumoto S., Fujikawa A., Miyoshi S., Shobo M., Takahashi S., Yarimizu J., Yuri M., Hiramoto M., Morita S., Yokota H., Sasayama T., Terai K., Yoshino M., Miyake A., Callicott J.H., Egan M.F., Meyer-Lindenberg A., Kempf L., Honea R., Vakkalanka R.K., Takasaki J., Kamohara M., Soga T., Hiyama H., Ishii H., Matsuo A., Nishimura S., Matsuoka N., Kobori M., Matsushime H., Katoh M., Furuichi K., Weinberger D.R. (2008): The evolutionary conserved G protein-coupled receptor SREB2/GPR58 influences brain size, behavior, and vulnerability to schizophrenia. *Proceeding of National Academy of Science USA* 105(16), 6133-6138.

Meszaros G., Palos J., Ducrocq V., Sölkner J. (2010): Heritability of longevity in Large White and Landrace sows using continuous time and group models. *Genetic Selection Evolution* 42:13.

Mota-Rojas D., Nava-Ocampo A.A., Trujillo M.E., Velázquez-Armenta Y., Ramírez-Necochea R., Martínez-Burnes J., Alonso-Spilsbury M. (2005): Dose minimization study of oxytocin in early labor in sows: Uterine activity and fetal outcome. *Reproductive Toxicology* 2005, 20, 255–259

Muns R., Manzanilla E.G., Sol C., Manteca X., Gasa J. (2013): Piglet behavior as a measure of vitality and its influence on piglet survival and growth during lactation. *Journal of Animal Science* 91, 1838-1843.

Österreichische Schweineprüfanstalt (ÖSPA) (2020): ÖSPA, Erfahrungsbericht 2019. Eigenverlag. Streitdorf, Österreich.

Pfeiffer C., Fuerst-Waltl B., Ducrocq V., Fuerst, C. (2014): Approximate multivariate genetic evaluation of functional longevity and type traits in Austrian Fleckvieh cattle. In: 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Science Production, 17-22 August 2014, Vancouver, Kanada, Paper No. 386.

Pfeiffer C. (2015): Optimization of the total merit index of Austrian dairy cattle – Validation and adaptation of an approximate multitrait two-step procedure. Dissertation, Universität für Bodenkultur Wien, Österreich.

Pluym L.M., Van Nuffel A., Van Weyenberg S., Maes D. (2013): Prevalence of lameness and claw lesions during different stages in the reproductive cycle of sows and the impact on reproduction traits. *Animal* 7, 1174-1181.

Purcell S., Neale B., Todd-Brown K., Thomas L., Ferreira M.A.R., Bender D., Maller J., Sklar P., de Bakker P.L.W., Daly M.J., Sham P.C. (2007): PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *The American Journal of Human and Genetics* 81(3), 559-575.

Quilter C.R., Sargent C.A., Bauer J., Bagga M.R., Reiter C.P., Hutchinson E.L., Southwood O.I., Evans G., Mileham A., Griffin D.K., Affara N.A. (2012): An association and haplotype analysis of porcine maternal infanticide: a Model for Human Puerperal Psychosis?. *American Journal of Medical Genetics – Part B* 159B, 908–927.

Reed E., Nunez S., Kulp D., Qian J., Reilly M.P., Foulkes A.S. (2015): A guide to genome-wide association analysis and post-analytic interrogation. *Statistics in Medicine* 34(28), 3769–3792.

Rutherford K.M.D., Baxter E.M., D'Eath R.B., Turner S.P., Arnott G., Roehe R., Ask B., Sandøe P., Moustsen V.A., Thorup F., Edwards S.A., Berg B., Lawrence A.B. (2013): The welfare implications of large litter size in the domestic pig I: biological factors. *Animal Welfare* 22, 199-218.

Roehe R., Kalm E. (2000): Estimation of genetic and environmental risk factors associated with pre-weaning mortality in piglets using generalized linear mixed models. *Animal Science* 70, (227-240).

Salatino-Oliveira A., Genro J.P., Polanczyk G., Zeni C., Schmitz M., Kieling C., Anselmi L., Menezes A.M.B., Barros F.C., Polina E.R., Mota N.R., Grevet E.H., Bau C.H.D., Rohde (2015): Cadherine-13 gene is associated with hyperactive/impulsive symptoms in attention/deficit hyperactivity disorder. *American Journal of Medical Genetics – Part B* 168B:162-169.

SAS (2013): SAS[®]. Version 9.4., SAS Institute Inc.: Cary NC, USA.

Schodl K., Revermann R., Winckler C., Fuerst-Waltl B., Leeb C., Willam A., Knapp P., Pfeiffer C. (2019): Assessment of Piglet Vitality by Farmers—Validation of A Scoring Scheme and Estimation of Associated Genetic Parameters. *Animals* 9(6), 317.

Shibuya H., Ishiguro K., Watanabe Y. (2014): The TRF1-binding protein TERB1 promotes chromosome movement and telomere rigidity in meiosis. *Nature Cell Biology* 16(2), 478-156.

Tiihonen J., Rautiainen M.R., Ollila H.M., Repo-Tiihonen E., Virkkunen M., Palotie A., Pietiläinen O., Kristiansson K., Joukamaa M., Lauerma H., Saarela J., Tyni S., Vartiainen H., Paananen J., Goldman D., Paunio T. (2014): Genetic background of extreme violent behavior. *Molecular Psychiatry*, 1-7.

Tojo M., Takebe A., Takahashi S., Tanaka J., Imamura T., Miyazono J., Chiba T. (2012): Smad7-deficient mice show growth retardation with reduced viability. *Journal of Biochemistry* 151(6), 621–631.

Trujillo-Ortega M.E., Mota-Rojas D., Olmos-Hernández A., Alonso-Spilsbury M., González M., Orozco H., Ramírez-Necoechea R., Nava-Ocampo A.A. (2007): A study of piglets born by spontaneous parturition under uncontrolled conditions: Could this be a naturalistic model for the study of intrapartum asphyxia? *Acta Biomedica* 78, 29–3.

Becerril-Herrera M., Hernández_González R., Mora-Medina P., Alonso-Spilsbury M., Rosales A.M. et al. (2011): Porcine neonates failing vitality score: Physio-metabolic profile and latency to the first teat contact. *Czech Journal of Animal Science* 56, 499–508.

Valros A.E., Rundgren M., Spinka M., Saloniemä H., Rydhmer L., Algiers B. (2002): Nursing behavior of sows during 5 weeks lactation and effects on piglet growth. *Applied Animal Behaviour Science* 76, 93-104.

Wang L., Nomura M., Goto Y., Tanaka K., Sakamoto R., Abe I., Sakamoto S., Atsushi S., Enciso P.L.M., Adachi M., Ohnaka K., Kawate H., Takayanagi R. (2011): Smad2 protein disruption in the central nervous system leads to aberrant cerebellar development and early postnatal ataxia in Mice. *Journal of Biological Chemistry* 286(21), 18766–18774.

Wang Y., Ding X., Tan Z., Ning C., Xing K., Yang T., Pan Y., Sun D., Wang C. (2017): Genome-wide association study of piglet uniformity and farrowing interval. *Frontiers Genetics* 8, 194.

Wechsler B., Heggelin D. (1997): Individual differences in the behavior of sows at the nest-site and the crushing of piglets. *Applied Animal Behaviour Science* 51, 39-49.

Willam A., Nitter G., Bartenschlager K., Karras K., Niebel E., Graser H.U. (2008): ZPLAN – Manual for PC-Program to Optimize Livestock Selection Schemes. Manual Version 2008 for Source Code “z10.for”. Institut für Nutztierwissenschaften, Department für Nachhaltige Agrarsysteme, Universität für Bodenkultur Wien.

Xing N., Liang Y., Gao Z., He J., He X., Li H., Dong C. (2014): Expression and localization of Smad2 and Smad4 proteins in the porcine ovary. *Acta Histochemistry* 1301–1306.

Yoshida C.A., Furuichi T., Fujita T., Fukuyama R., Kanatani N., Kobayashi S., Satake M., Takada K., Komori T. (2002): Core-binding factor β interacts with Runx2 and is required for skeletal development. *Nature Genetics* 32, 633-638.

Zhou X., Stephens M. (2012): Genome-wide efficient mixed-model analysis for association studies. *Nature Genetics* 44(7), 821–824.

Abkürzungen

ABFV	Abferkelverhalten
Abk.	Abkürzung
AGF	Abgesetzte Ferkel
AGGF	Aggressives Verhalten gegenüber Ferkeln
AGGM	Aggressives Verhalten gegenüber Menschen
Art.	Artikel
BGBI.	Bundesgesetzblatt
BSH	Beinstellung hinten, Hinteransicht
DGG	Durchschnittliches Geburtsgewicht
ERDR	Anzahl erdrückter Ferkel
FHS	Fesselstellung hinten, Seitenansicht
FVS	Fesselstellung vorne, Seitenansicht
GBHS	Ganzes Bein hinten, Seitenansicht
GBVS	Ganzes Bein vorne, Seitenansicht
GET	Anzahl getöteter Ferkel
GGF	Anzahl gesamt geborener Ferkel
GM	Gute Mutter
GZW	Gesamtzuchtwert
IGG	Individuelles Geburtsgewicht kg
KLS	Klauen hinten, Seitenansicht
LGF	Anzahl lebend geborener Ferkel
LSM	Kleinste-Quadrate-Mittelwerte
MI	Mütterlichkeitsindex
MNV	Multivariate Normalverteilung
MW	Mittelwert
N	Anzahl
sa	Additiv genetische Standardabweichung
SDGG	Standardabweichung durchschnittliches Geburtsgewicht

SE	Standardfehler
ssGBLUP	single-step- genomic best linear unbiased prediction
Stabw	Standardabweichung
SI	Sicherheit
r^2	Durchschnittliche Sicherheiten
usw.	und so weiter
WGG	Wurfgewicht Geburt (kg)
WGA	Wurfgewicht Absetzen (kg)
WV	Wurfvitalität
WVI	Wurfvitalitätsindex
ZW	Zuchtwert
ZWS	Zuchtwertschätzung

Projektnehmer

Universität für Bodenkultur Wien

Department für nachhaltige Agrarsysteme

Adresse: Gregor-Mendel-Straße 33, 1180 Wien

<https://boku.ac.at/nas/nuwi.at>