

# ZUSAMMENFASSUNG

Die Mendelsche Zufallsvarianz beschreibt die Variation der Zuchtwerte unter Vollgeschwistern. In züchterischen Anwendungen ist die Schätzung dieser Varianz aus Markerinformationen mit erheblichem Rechenaufwand verbunden. Dies gewinnt auch deshalb an Bedeutung, da in jüngerer Zeit verstärkt Kombinationen aus genomischem Zuchtwert und der Mendelschen Zufallsvarianz als Selektionskriterium diskutiert werden, mit dem Ziel einen größeren langfristigen Zuchtfortschritt zu erzielen. Eine Nebenwirkung könnte jedoch ein ungewollter Verlust von wertvollen Haplotypen und damit genetischer Variation sein. Daher verfolgte diese Arbeit zwei Hauptziele. Einerseits, sollte der Rechenaufwand für die Schätzung der Mendelschen Zufallsvarianz gesenkt werden. Andererseits, sollte eine Ähnlichkeitsmatrix abgeleitet werden, die es ermöglicht Anpaarungen so auszuwählen, dass in jeder Selektionsrunde eine hohe Wahrscheinlichkeit für Nachkommen mit hohen Zuchtwerten der Nachkommen besteht bei gleichzeitig niedriger Ähnlichkeit der Haplotypen aller ausgewählten Eltern.

Zunächst wurde eine rechentechnisch effizientere Darstellungsweise für eine bekannte analytische Methode zur Berechnung der Mendelschen Zufallsvarianz eingeführt. Diese Varianzen bilden gleichzeitig die Diagonalelemente der neu entwickelten Ähnlichkeitsmatrix für alle Anpaarungen. Die neu abgeleiteten Nebendiagonalelemente lassen sich dann auf analoge Weise berechnen. Wie in der Portfoliotheorie aus der Finanzmathematik kann man mit Hilfe der Ähnlichkeitsmatrix wiederholte Anpaarung ähnlicher Tiere vermeiden und einen „diversifizierenden“ Effekt auf die merkmalsrelevanten Haplotypenabschnitte der ausgewählten Eltern erzielen.

Für das Aufstellen der Ähnlichkeitsmatrix wurde ein Python- Paket *PyMSQ* entwickelt für eine einfache Anwendung in Zuchtprogrammen, das im Vergleich zu einem kürzlich veröffentlichten Programm 240 mal schneller die Mendelsche Zufallsvarianz berechnen konnte. Für Milchleistungs- und Langlebigkeitsmerkmale in Deutschen Holsteins wurden große Streuungen in den paarweisen Ähnlichkeiten und Mendelschen Zufallsvarianzen gefunden. Signifikante Einflüsse von Geschlecht, Selektion und Geburtsjahr auf die Elemente der Ähnlichkeitsmatrix konnte gezeigt werden, während Heritabilitäten von nahezu Null geschätzt wurden. Mit der Einführung der Ähnlichkeitsmatrix können neue Kriterien, die zu einem schnelleren Selektionserfolg führen, in der genomischen Selektion angewandt und gleichzeitig die Diversität der Haplotypen in der Zuchtpopulation absichert werden.