

ΤΑ ΠΑΝΤΑ ΡΕΙ = alles fließt

(Heraklit 520 v.Chr.)

ZPLAN-online: Historisches, Aktuelles und Zukünftiges

ZPLAN-Workshop, Köllitsch,-Sachsen, 17./18. September 2013

Sehr geehrte Damen und Herren,
liebe Kolleginnen und Kollegen,

hiermit möchte ich Euch/Ihnen meine Vorstellungen für die neue ZPLAN-Internet-Anwendung vorstellen. Das Ziel soll die Verbesserung der Benutzerfreundlichkeit und folgerichtig die Vergrößerung des Anwenderkreises sein.

Vorbemerkung:

Das bereits vor 30 Jahren (1979-1981) an der Uni-Hohenheim entwickelte ZPLAN-Programm (Karras, K. 1984) fand und findet immer noch eine weltweite Anwendung. Im Laufe der letzten Monate ist das ZPLAN-Programm für die aktuellen Anforderungen (Stichwort: Genom-Selektion) überprüft bzw. angepasst worden. Im Mai 2011 ist die Idee eine „zplan-internet“-Anwendung zu realisieren geboren. Im Januar dieses Jahres war es so weit. Dank der technischen Unterstützung von LGL-Mitarbeiter Dirk Pfeiffer ist die Internet-Idee Realität geworden. Ein starkes „Ich habe fertig“-Gefühl. Hier natürlich, anders als bei Trapatoni, positiv gemeint. Das zuerst, so zu sagen, in Lochkarten-Modus entwickelte Programm steht nun in einem virtuellen „Wolken“-Server und kann via Internet www.zplan-online.eu, von jedem Ort dieser Erde aus, erreicht und angewandt werden. Auch aus Agios-Petros, meinem Geburtsort auf dem Peloponnes. Einen besseren Abschluss kann man sich nicht wünschen. Der ZPLAN-Kreis ist damit geschlossen. Ab sofort werden meine ZPLAN-Aktivitäten nicht mehr als schöne Hobby-Beschäftigungen und ein Mittel „gegen das Vergessen“ sein. Das habe ich auch den meisten ZPLAN-Anwendern mit meiner emotionalen „ICH HABE FERTIG“-Email versprochen. Ende gut, alles gut. Die Zeit der PC-zplan-Versionen ist vorbei. Die für ZPLAN-online hat gerade begonnen. Selbstverständlich werde ich mich bemühen eine staatliche Institution zu finden, die sowohl die Betreuung des ZPLAN-online, als auch der ZPLAN-Anwender übernimmt. Diese staatliche Institution muss jedoch zuerst von der „Qualität“ des ZPLAN-Programms überzeugt sein bzw. überzeugt werden. und es unter Beachtung der Eigentums- und Urheberrechte weitere zu entwickeln, bereit sein.

ZPLAN-Geschichte

So hat es alles angefangen (1979-1984)

Das Sachgebiet Zuchtplanung hat an der Uni Hohenheim eine lange Tradition und es ist mit den Namen Dieter Fewson und Ernst Niebel verbunden. In den 70er Jahren ist die Matrix-Schreibweise in der Biometrie/Statistik und fast in derselben Zeit auch die Genfluss-Methode in der Tierzuchtlehre eingeführt worden. Grund genug für Fewson die Genfluss-Methode in einem neuen Zuchtplanungsprogramm zu integrieren. Dabei sollte auch die Matrixschreibweise angewandt werden. Niebel machte zu der Zeit einen mehrjährigen Forschungs-Aufenthalt in Amerika und ich war mit den BLUP-Arbeiten gerade fertig geworden. In mehreren Gesprächsrunden, im Tierzucht-Institut, ist beschlossen worden, ein ZPLAN-Programm zu entwickeln, das die Ergebnisse der Index-Selektion-Methode einerseits mit denen der Genfluss-Methode andererseits, kombiniert und optimiert. Das Projektziel schematisch dargestellt:

I		I
I	Optimierung	I
I	ZPLAN	I
I	-----	I
Λ		Λ
I		I
I		I
Selektion-Programmierung		Genfluss-Programmierung
KÜNZI (1975), NIEBEL(1974)		BRASCAMP(1978)
Λ		Λ
I		I
I		I Genfluss-Matrix-Algebra
I		I HILL(1974), ELSEN und MOCQUOT (1974)
I		
I		Λ
I		I
I		I
Selektion-Theorie		Genfluss-Theorie
HAZEL (1943)		McCLINTOCK und CUNNINGHAM (1974)
I		I

Im Sommer 1979 wurde der FE-55/33-Antrag, mit dem oben skizzierten Inhalt, an die DFG gestellt und ab Januar 1980 ist offiziell mit der ZPLAN-Entwicklung begonnen worden. Inoffiziell natürlich viel früher. Es gab das Zuchtplanungsseminar in Malente (Cunningham, Sommer 1979), ein Studium-Aufenthalt in Dublin beim Professor E.P. Cunningham (Herbst 1979) und viele Begegnungen mit den wichtigen „ZPLAN-Ideengebern“ jener Zeit, wie z.B. E.W. Brascamp (Niederlande), W.G., Hill (Schottland) und N. Künzi (Schweiz). Während der Programm-Entwicklung (1980-81) war Professor Fewson ein ständiger Diskussionspartner und Unterstützer. Auch G. Nitter und die zwei Doktoranden und erste ZPLAN-Anwender, H. Schmid und Yuan Chang, gehörten zum erweiterten ZPLAN-Team. Diese Zusammenarbeit wurde noch intensiver als es im Mai 1981 feststand, dass ich Ende 1981 für eine interessante Aufgabe an der Uni Athen, Hohenheim verlassen würde. Im Februar 1982 habe ich die Uni Hohenheim verlassen und im MLR in Stuttgart (nicht in Athen) die Verantwortung für die BLUP-Zuchtwertschätzung in Baden-Württemberg übernommen. Die Einführung der BLUP-Methode unter Berücksichtigung der damaligen, von heutiger Sicht, sehr langsamen Computer, war enorm zeitaufwendig. So blieben nur die Wochenenden übrig, die ich für die Erstellung der ZPLAN-Dokumentation zusammen mit Professor D. Fewson nützen konnte. Die Dokumentation wurde im April 1984 fertig. Es wäre allerdings sinnvoll gewesen mehr Zeit für die Testung des Programms zu ver-

wenden. Das hätte ich vielleicht auch gemacht, aber Niebel, der inzwischen aus Amerika wieder zurück nach Hohenheim gekommen ist, hatte sich bereit erklärt, die Betreuung des ZPLAN-Programms zu übernehmen.

So konnte ich mich voll den ZWS-Aufgaben widmen. Diese haben sich ständig verändert. Kaum ist das BLUP-Vater-Modell in die Praxis eingeführt, dann kam das BLUP-Tier-Modell dran. Und weiter ging es mit dem Testtag-Modell und schließlich mit der Genom-Zuchtwertschätzung. Parallel dazu begann die gemeinsame ZWS. Zuerst mit Bayern und dann mit Österreich und schließlich auch mit Tschechien. Ich will damit deutlich machen, dass mir keine Zeit für eine ernsthafte ZPLAN-Aktivität übrig blieb. Von 1984 bis zum ersten ZPLAN-Workshop im Jahr 2007 in Hohenheim habe ich mich über die verschiedenen ZPLAN-Anwendungen informiert aber niemals aktiv mitgewirkt. Sogar Einladungen aus Australien, China u.a. bin ich nicht nachgekommen. In einem Gespräch in Hohenheim, Sommer 1998, wurde ich von Nitter und Graser dazu aufgefordert das Original ZPLAN-Programm weiterzuentwickeln und speziell den Inputfile benutzerfreundlich zu gestalten. Das wäre aber nicht im Sinne von Niebel, der Zuchtplanung als sein alleiniges Sachgebiet ansah. Dieser Aufforderung bin ich also nicht nachgekommen.

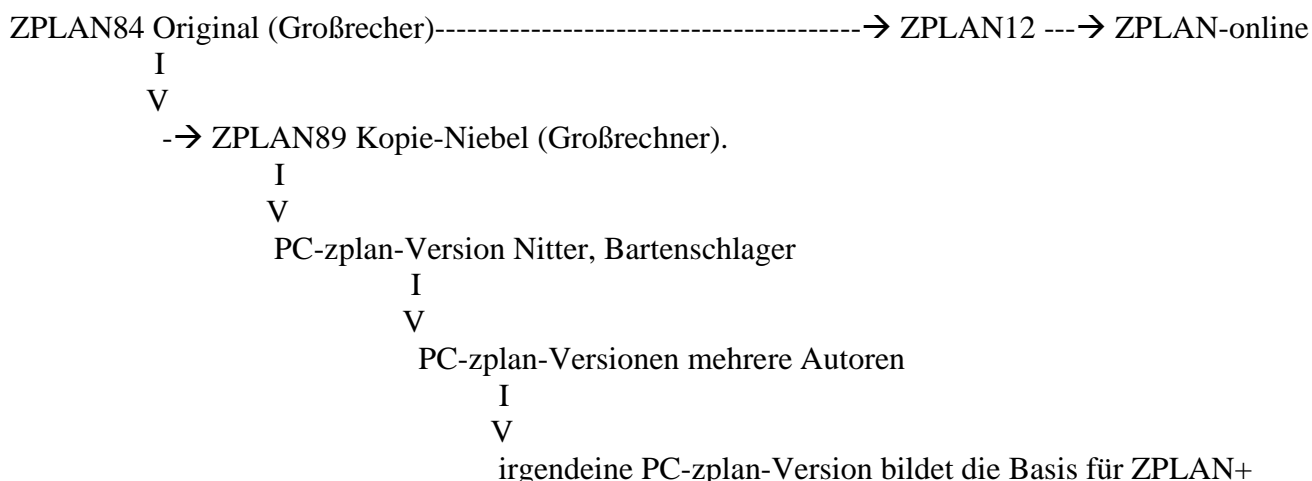
Die Zeit von 1984 bis 2007

Niebels-ZPLAN89-Kopie

In einem LGL-Projekt sollte das Großrechner Original ZPLAN84 mit der PC-zplan10-Variante verglichen werden. Schnell konnte festgestellt werden, dass Niebel aus dem Original ZPLAN84 eine ZPLAN89-Version erstellt hatte. Diese Version bildete auch die Basis für die weiteren PC-zplan-Versionen. Für das LGL-Projekt musste also die Niebel-ZPLAN89-Kopie berücksichtigt werden. Ein einfacher Vergleich der beiden ZPLAN84/89-Versionen zeigt, dass Niebel die deutschen Programm-Kommentaren und -Variablenamen in Englisch übersetzt hat. Auch einige Variablen-Dimensionen hat er erhöht. Meine Meinung dazu: Die Übersetzung der Programm-Kommentare auf Englisch ist unproblematisch und auch sinnvoll. Die Umbenennung der Programm-Variablen-Namen war unsinnig und noch dazu, bei einem ca. 6000-Statement-Programm, höchst riskant.

Die PC-zplan-Versionen

Dann ging's weiter. Aus dieser ZPLAN89-Kopie haben Nitter und Bartenschlager zum ersten Mal eine PC-zplan-Version gemacht. Und aus dieser ersten PC-Version sind weitere entstanden (Graser, Willam, Herold u.a.) Bei allen diesen PC-zplan-Versionen wurden kleine Änderungen vorgenommen. Für spezielle Auswertungen wurde auch die extra dafür vorgesehene NBILD-Subroutine angepasst. Diese Subroutine wird für die normalen Zuchtplanungsauswertungen nicht benötigt. Sie bietet aber den geübten Anwendern zusätzlichen Möglichkeiten an, um sehr extreme Zucht-Situationen auswerten zu können. Aber eine NBILD-Anpassung ist keinesfalls eine Programmergänzung. Vielmehr ist der Einbau der Cholesky-Subroutine eine echte und gleichzeitig, aus meiner Sicht, die einzige Ergänzung des Programms (s. LGL-Projekt-Abschluss-Bericht, Karras, 2012). Eine PC-zplan-Version wurde als Basis für die Entwicklung des ZPLAN+ herangezogen (Täubert, Reinhardt, Simianer. Weltkongress, Leipzig, 2010). Hier eine schematische Darstellung des „ZPLAN-Flusses“:



Leider ist diese Entwicklung ohne Koordination und ohne Betreuung abgelaufen. Von Niebels Kopie habe ich leider nicht gewusst. Und so ging ich davon aus, dass alle PC-zplan-Versionen direkt aus dem Original ZPLAN84 abstammten. Das wäre aber nicht schlimm, wenn die PC-zplan-Autoren an der ZPLAN-Dokumentation (1984) festgehalten hätten. Dann wären bestimmte fehlerhafte Entwicklungen, welche die NBILD-Anwendung oder die Kreuzungszuchtprogramme betrifft ausgeblieben.

Die Mitautoren der PC-zplan-Versionen haben, nennen wir es das „F1-Kreuzungs-Problem“, mit zusätzlichen s.g. 16a- und 16b-Eingabekarten gelöst. Dadurch ist aber der Eingabefile noch unüberschaubarer geworden und die PC-zplan-Varianten sind gegenüber der Original-Version weniger mächtig bzw. weniger flexibel. Aber da ich mich nicht um die Betreuung des Programms gekümmert habe, bin ich sehr dankbar, dass diese Rolle andere Autoren, allen voran Alfons Willam (Wien), aber auch Hans-Ulrich Graser (Australien) und Pera Herold (Hohenheim), übernommen haben. Ohne diese Mitautoren wäre das ZPLAN-Programm vielleicht in Vergessenheit geraten und bestimmt kein Thema für die heutige Tagung in Köllitsch gewesen. Und so sind durch alle diese PC-zplan-Versionen, viele und gute Doktorarbeiten angefertigt worden. Es gab meines Wissens keine Beanstandung was die Richtigkeit der Ergebnisse betrifft. So gesehen ist das ZPLAN-Programm im Laufe der über 30jährigen Anwendung auf „Herz und Nieren“ geprüft worden. Diese Tatsache sollte als eine Art „Warentest“-Gütezeichen, ernst genommen und bewertet werden. Weiterhin gab es auch keine Beanstandung, dass irgendeine extreme Zuchtplanungssituation vom ZPLAN-Programm nicht ausgewertet werden könnte (bis auf das oben erwähnte F1-Kreuzungsproblem). Das heißt, dass das ZPLAN-Programm „rechnerisch“ kaum zu verbessern ist. Bis auf die Mehrstufenselektion, die im ZPLAN mit einer Approximation bewältigt wird, ist m.E. alles optimal. Für echte Zuchtplanungs-Analysen, sprich Doktorarbeiten, war ZPLAN bis jetzt weltweit das einzige Programm. Die Wünsche der Anwender betrafen und betreffen immer noch, nur die Verbesserung der Anwenderfreundlichkeit des Programms. Diese ist beim Technikstand vom 1984 stehen geblieben, während sich die Computer-Technologie in den letzten Jahren rapide entwickelt hat. Die Anwender haben selbstverständlich Recht. Das ist auch der Hauptgrund, der mich veranlasst hat, eine ZPLAN-Internet-Anwendung zu entwickeln. Mit der neuen Internet-Anwendung www.zplan-online.eu wird das ZPLAN-Programm auch in Zukunft für die Zielgruppen Doktoranden das nützlichste Programm bleiben. Das Gleiche gilt auch für Zuchtplanungsspezialisten, also für Leute, die ausführliche und gründliche Untersuchungen durchführen und dazu mehrmals das ZPLAN verwenden müssen. Aber auch für die Studenten der Tierzucht-Theorie wird das ZPLAN-online eine große Hilfe sein. So können sie beispielhaft die Internet-Dateien auswerten, diese verändern und neu auswerten und so, durch die erzeugten Zwischen- und Endergebnisse, ihr Tierzuchtstudium erleichtern.

Die Zeit zwischen dem 1. und 2. ZPLAN-Workshop (2007 bis 2013)

(dieser Text muss noch überarbeitet werden)

2. ZPLAN-Workshop in Köllitsch (17/18.09.2013)

Zuchtplanungscomputerprogramme sind zeitlos

(dieser Text muss noch überarbeitet werden)

ZPLAN/ZPLAN+ Ein grober Ergebnis-Vergleich

(dieser Text muss noch überarbeitet werden)

Eigentums- und Urheberrecht

(dieser Text muss noch überarbeitet werden)

Das ZPLAN heute: www.zplan-online.eu

In einem Forschungs-Projekt wurden beim LGL-Kornwestheim die heute existierenden ZPLAN-Varianten untersucht. Also das Original ZPLAN84, eine von Niebel veränderte Version ZPLAN89 und die PC-zp10-Version. Gern hätten wir auch die ZPLAN+ Version mit dabei gehabt. Es lag aber eine Dokumentation von ZPLAN+ vor (Boxberg-Kurs-Unterlagen), sowie die Veröffentlichung in der Züchtungskunde. Die Ergebnisse dieser Untersuchung sind in einem Abschlussbericht zusammengefasst. (s. Projekt LGL-T11KK01Ko Abschlussbericht 25.07.2012). Nach diesem Bericht soll das Original-ZPLAN (1984) die Basis für jede weitere Erweiterung und für die Internet-Anwendung sein. Denn das Original-ZPLAN von 1984 ist auch für den heutigen Wissensstand in der Tierzucht aktuell und durch das Internet fast unschlagbar geworden. Davon bin ich festüberzeugt. Es muss aber „schöner“ werden. Das heißt, eine bessere Dokumentation und noch viel wichtiger, eine bessere Input-output-Optik. Also Jawa-Programmiersprache. Mit einem gerade begonnenen Jawa-online-Kurs glaube ich die ZPLAN-Web-Seite nicht nur optisch besser, sondern auch effizienter gestalten zu können. Die Umsetzung der fixen Fortran-Version 77 in der freien Fortran90/95 ist bereits vollzogen.

Internet macht das **ZPLAN-online** interessant

Wenn ein Programm seit über 30 Jahren in der Anwendung ist, ist es nicht nötig dieses hier vorzustellen. Das ZPLAN liefert nach wie vor dieselben Ergebnisse. Und zwar unabhängig davon ob es früher im Lochkarten-Modus auf dem Großrechner, später als PC-Versionen oder jetzt im Internet-online vorliegt. Präziser gesagt, es rechnet nach wie vor dieselben richtigen Ergebnisse. Auf den einzigen Fall, F1-Kreuzungstiere, werde ich später eingehen. Ich werde also hier nicht über neue Ergebnisse, die das Programm liefert, sondern viel mehr über den enormen Beitrag des Mediums Internet was die Verbesserung der Anwenderfreundlichkeit angeht. Als Anwender sind a. Doktoranden, b. Studenten und c. Tierzuchtfachleute gemeint. Die Reihenfolge ist bewusst so gewählt. Denn das ZPLAN optimiert die Zuchtmaßnahmen und Zuchtabläufe eines Zuchtprogramms. Die Verbesserung des Leistungsvermögens der Tiere einer Population ist das Ziel der Züchtung. Das setzt natürlich voraus, dass die Leistung der Tiere erfasst (z.B. MLP), dass die besten Tiere als Eltern für die nächste Generation selektiert und dass diese optimal eingesetzt werden. Mit anderen Worten. Der ZPLAN-Anwender braucht nicht wissen, wie z.B. die Melkbarkeitsmessung erfasst wird. Er muss nur wissen, dass sie bei einer bestimmten Anzahl von Tieren gemessen wird und dass die Messung auch Kosten verursacht. Der ZPLAN-Anwender muss die Selektions-Theorie und die Genfluss-Methode beherrschen. Für die Optimierung werden ein paar Grundlagenkenntnisse der Wirtschaftslehre voll ausreichen. Diese Voraussetzungen sind bei einem Tierzuchtdoktorand vorhanden. Vielleicht muss da und dort etwas noch klarer, noch verständlicher gemacht werden aber sonst ist das Wissen vorhanden. Ein Doktorand wird während der Anfertigung seine Doktorarbeit das ZPLAN-Programm wiederholt anwenden müssen. Der Zeitaufwand für eine weitere ZPLAN-Auswertung, aus einem bereits erstellten Eingabefile ist minimal. Eine kleine Änderung/Anpassung eines Koeffizienten im Eingabefile und ZPLAN neu starten. Also nur wenige Minuten. Deshalb hat der Doktorand auch den meisten Nutzen vom ZPLAN. Auch wenn durchs Internet, jeder Tierzucht-Doktorand weltweit erreichbar ist, diese Zielgruppe wird zahlenmäßig klein bleiben. Niveaumäßig aber hochgebildet und demzufolge ist es nicht notwendig jede Kleinheit in einer Dokumentation zu erwähnen. Zum Beispiel etwa, dass der Produktionsbereich nicht größer als 70% sein kann, wenn der Züchtungsbereich mit 30% angegeben wird.

Die zweite Zielgruppe sind die Tierzuchtstudenten. Sie lernen gerade was Selektion, Selektionsintensität, Zweistufenselektion, Genfluss-Methode, Inzucht etc. bedeutet. Die ZPLAN-Internet-Anwendung kann sie beim Lernen unterstützen und den Lernstoff verständlicher machen.

Die dritte Zielgruppe kann ich im Moment nicht beschreiben. Sie ist sehr inhomogen. Aber auch für diese Gruppe ist der Zugriff aufs ZPLAN leicht gemacht. Einigen Tierzuchtleitern zum Beispiel könnten einen Eingabefile für ihr aktuelles Zuchtprogramm erstellen und kleine ZPLAN-Anwendungen durchführen. Es wird sich aber zeigen, ob sich der eine oder andere Tierzuchtleiter mehr als einen Klick auf der ZPLAN-Webseite zutraut. Ein BW-Tierzuchtleiter äußert sich mir gegenüber so: *Ich*

denke mir die eventuell zukünftigen Zuchtprogramm-Maßnahmen aus und dann suche einen „Rechenknecht“ für die Planungsauswertungen. Der Mann ist Ökonom.

Was macht eigentlich das ZPLAN-Programm?

Das ZPLAN-Programm kombiniert drei Tierzuchtgebiete. Vorausgesetzt eine Leistungsprüfung findet statt, kann die Population durch Zuchtmaßnahmen verbessert werden.

PMSDA (Genfluss)

INDX (Selektion)

OPTIM (Optimierung)

Die mit der Selektionsindex-Methode geschätzte genetische Überlegenheit der selektierten Tiere wird über verschiedene Übertragungswege weiter an die Nachkommen der nächsten Generationen übertragen. Die Nachkommen werden also genetisch verbessert und erzielen einen höheren Zuchtertrag. Der für eine bestimmte Investitionsdauer erzielte Zuchtertrag ist keine konstante Größe. Er ist abhängig von der „INDX-PMSDA-Kombination“. Also von der Güte der ΔG -Schätzung, von der Schnelligkeit ihrer Übertragung sowie ihrer Realisierungshäufigkeit und ihrem Realisierungszeitpunkt. Welche „INDX-PMSDA“-Variante den optimalen Zuchtertrag (Zuchtgewinn, Zuchtfortschritt etc.) erzielt, ermittelt das Unterprogramm OPTIM.

OPTIM

Schauen wir die drei Programmteile noch mal an und besprechen diese nach ihrem „Schwierigkeitsgrad“. So können wir das Unterprogramm OPTIM gleich als erledigt betrachten. Eine Subroutine, die aus einer Zahlenreihe die optimale (größte) Zahl herausfindet. Sie ist zwar elegant programmiert, aber urhebermäßig nicht relevant. Kein Hexenwerk also.

INDX

Als nächstes kommt die Subroutine INDX. Diese Selektionsindex-Methode wird seit 70 Jahren in der Tierzucht angewandt (Hazel 1943). Sie war in den 60er bis 90er Jahren das statistische Werkzeug jedes Tierzuchtwissenschaftlers. Ein EDV-Programm ist entwickelt (Künzi 1875) und aus vielen, guten Gründen voll in das ZPLAN integriert worden. Ein paar Ergänzungen wegen der Zweistufenselektion und der Ermittlung der Wirtschaftlichkeitskoeffizienten sind fast unauffällig dazugekommen. Ebenfalls aus guten Gründen ist im ZPLAN die Möglichkeit eingebaut, einzelne Programmteile selbstständig arbeiten zu lassen. Jemand der nur INDX-Auswertungen machen will, kann dies tun, ohne den ganzen Eingabefile erstellen zu müssen. Diese Möglichkeit bietet den Anwendern, vor allem den Studierenden, die Index-Methode genauer zu studieren. Datenbeispiele stehen im Internet z.B. AL61ZP02. Diese kann man oft verändern und immer wieder neu auswerten.

PMSDA: Das A und Ω des ZPLAN-Programms

Es wäre nicht angemessen, wenn ich behaupten würde, dass dieser Programmteil, also das eigentliche Kernstück des ZPLANs, leicht zu verstehen ist. Nein, der Aufbau der Generationsmatrix (=P-Matrix, Übertragungs-Matrix, Genfluss-Matrix) ist nicht einfach. Aber der Anwender, der diesen Programmteil beherrscht, beherrscht praktisch das ganze ZPLAN-Programm. Deshalb ist es enorm wichtig die entsprechenden ZPLAN-Dokumentationsabschnitte sorgfältig zu studieren. Dort sind nämlich der Aufbau der P-Matrix und die Übertragung der genetischen Überlegenheit von Generation zu Generation genau beschrieben. Beim genauen Lesen der Dokumentation hätte man feststellen können, dass z.B. die Kreuzungssauen Endprodukte sind und demzufolge keine Gene an die nächste Generation weiterleiten. Sie treten nur als Mütter für Mastferkel auf, die sowieso Endprodukte sind. So hätte man das

F1-Kreuzungsproblem nicht gehabt. Zweifelsohne wäre es sinnvoll, wenn in der ZPLAN-Dokumentation auf diese Problematik deutlich hingewiesen werden wäre.

Die ZPLAN-Unterprogramme, die sich mit dem Aufbau der P-Matrix und den Übertragungswegen des Genflusses befassen, sind nicht einfach zu verstehen. Wenn man sie aber verstanden hat, dann kann man jede denkbare Zuchtplanungssituation auswerten. Die PMSDA-Subroutine ist meines Erachtens das Kunststück des ZPLAN-Programms. Hier wird das wichtigste Zuchtplanungs-Ergebnis, nämlich der SDA-Wert, berechnet. Würde man den Zeitaufwand für die ZPLAN-Entwicklung in Prozenten ausdrücken, dann wären hier mehr als 80% einzusetzen. Es ist, wie der Kollege Alfons aus Wien sagte „genial“ programmiert, aber seine Zeit, die Zeit des ZPLANS meinte er, ist vorbei. Das „genial“ lasse ich natürlich stehen und anders als mein Wiener Kollege füge ich hinzu: ZPLAN ist zeitlos und die ZPLAN-online-Zeit hat gerade erst begonnen. Denn die Gene fließen und flossen von Generation zu Generation heute und auch im Jahr 1980, vor, oder nach Christus, immer nach dem gleichen Muster. Hier ändert sich also nichts und deswegen besteht auch kein Grund diese ZPLAN-Unterprogramme zu ändern oder zu ersetzen. Es sein denn, man kann diesen Teil der Genfluss-Methode noch effektiver programmieren. Dagegen ist nichts einzuwenden. Was aber nicht in Ordnung ist, ist wenn die PMSDA-Subroutine, egal unter welchem Namen, ohne meine Erlaubnis, in andere Programme eingebaut wird oder vielleicht, was ich nicht glauben kann, bereits eingebaut worden ist. Denn ein solcher Umgang mit wissenschaftlichen Arbeiten ist gemäß den deutschen Paragraphen nicht korrekt.

Für das Verständnis und die richtige Anwendung des ZPLANS ist neben dem Studium der ZPLAN-Dokumentation auch die kurze Darstellung der Genfluss-Methode, in dem Gießener Referat (Schmid und Karras, DGfZ-Tagung, Gießen 1981), sowie die ZPLAN-Vorstellung bei der Europäischen Braunvieh-Tagung in Italien, hilfreich. Aber die ganz große Hilfe bietet heute das Internet. Die Internet-Datenbeispiele Axxxxxxx sind, ähnlich wie beim INDX, sowohl für die Doktoranden als auch für die Studenten wichtig. Die einen, um viele, auch extreme oder interessante Ideen in ihrer Doktorarbeit berücksichtigen zu können, die anderen, um die Vorgänge der Genfluss-Methode besser verstehen zu können.

Die P-Matrix gibt die Struktur eines Zuchtprogramms wieder. Der erfahrene Zuchtplaner erkennt allein durch anschauen einer P-Matrix-Skizze, das Zuchtprogramm das dahinter steht. Hier ein Versuch:

P_MATRIX Rind Fleckvieh-Rasse

<i>P-Matrix</i>	Bullen	Zucht-Kühe					M	Prod.Kühe				M	
1.RZ Bullen	0 0 0 .5	0 0 0 .3	.2	0	0 0 0 0 0	0	0	0	0	0	0	0	
	1 0 0 0											0	
	0 1 0 0											0	
	0 0 1 0											0	
2.RZ Kühe	0 .1 0 .4	0 .1 .2 .1 .1										0	
	0	1 0 0 0 0										0	
	0	0 1 0 0 0										0	
	0	0 0 1 0 0										0	
	0	0 0 0 1 0										0	
3.RZ Masttiere	0 .1 0 .4	0 .1 .2 .1 .1		0	0 0 0 0 0	0	0	0	0	0	0	0	
4.RZ Prod.Kühe	0 0 0 .5					0	.2	.2	.1	0		0	
	0						1	0	0	0	0	0	
	0						0	1	0	0	0	0	
	0						0	0	1	0	0	0	
5.RZ Masttiere	0 0 0 .5	0 0 0 0 0	0	0	0 0 0 0 0	0	0	.2	.2	.1	0	0	
<i>Datafile-Name</i>	ZP1FVA20												

Diese P-Matrix gehört zu einem Zuchtprogramm, bei dem ein Züchtungs- und ein Produktionsbereich existieren. Im Züchtungsbereich werden drei Tiergruppen neu geboren (reproduziert). Im Produktionsbereich sind es zwei Tiergruppen. Man kann noch viel mehr erkennen. Aber bleiben wir bei diesen fünf Reproduktionszeilen (RZ). Die Reproduktionszeile gibt die Genzusammensetzung der neugeborenen Tiere wieder. Die Gene stammen von Elterntieren, die in früheren Jahren geboren wurden. Anders gesagt. Jedes Jahr werden Kälber aus der gezielten Paarung geboren. Jedes Jahr werden weibliche Kälber und ebenfalls Mastkälber im Züchtungsbereich geboren. Auch im Produktionsbereich werden jedes Jahr weibliche Produktionskälber und Mastkälber geboren. Die P-Matrix mit ihren Reproduktionszeilen beschreibt für ein bestimmtes Jahr z.B. 2013 wie viele neugeborene Tiergruppen erzeugt werden und wie deren Genzusammensetzung ist. Deren Elterntiere sind nicht mehr im System. Diese Neugeborenen (z.B. Bullenväter (BB)) werden ein Jahr später (2014) ein Jahr älter, also 1 Jahr. Und im Jahr 2017 sind diese schon selbst Eltern geworden, d.h. sie haben ihre Gene an die 1. Reproduktionszeile der „Momentaufnahme“ 2017-P-Matrix weitergeleitet. Die Tiere aus der 1. RZ der „Momentaufnahme“ 2013-P-Matrix übertragen also im Jahr 2017 ihre Gene an die 1. RZ der 2017er P-Matrix. Hier der Genfluss der Tiere vom Geburtsjahr 2013 bis zum Elternjahr 2017 (Der Ausdruck „Momentaufnahme“ ist von mir frei erfunden, und nutze ihm hier um den Genfluss verständlichen darzustellen).

„Momentaufnahme“ 2013-P-Matrix (Neugeborene)

P-Matrix	Bullen	Zucht-Kühe	M	Prod.Kühe	M
1.RZ Bullen	0 0 0 .5	0 0 0 .3 .2	0	0 0 0 0 0	0
	0 0 0 0				0
	0 0 0 0				0
	0 0 0 0				0
2.RZ Kühe	0 .1 0 .4	0 .1 .2 .1 .1			0
	0	0 0 0 0 0			0
	0	0 0 0 0 0			0
	0	0 0 0 0 0			0
	0	0 0 0 0 0			0
3.RZ Masttiere	0 .1 0 .4	0 .1 .2 .1 .1	0	0 0 0 0 0	0
4.RZ Prod.Kühe	0 0 0 .5			0 .2 .2 .1	0
	0			0 0 0 0	0
	0			0 0 0 0	0
	0			0 0 0 0	0
5.RZ Masttiere	0 0 0 .5	0 0 0 0 0	0	0 .2 .2 .1	0

„Momentaufnahme“2014-P-Matrix (Alterung)

<i>P-Matrix</i>	Bullen	Zucht-Kühe	M	Prod.Kühe	M
1.RZ Bullen	0 0 0 0	0 0 0 0 0	0	0 0 0 0	0
	1 0 0 0				0
	0 0 0 0				0
	0 0 0 0				0
2.RZ Kühe	0 0 0 0	0 0 0 0 0			0
	0	1 0 0 0 0			0
	0	0 0 0 0 0			0
	0 0	0 0 0 0 0			0
	0	0 0 0 0 0			0
3.RZ Masttiere	0 0 0 0	0 0 0 0 0	0	0 0 0 0	0
4.RZ Prod.Kühe	0 0 0 0			0 0 0 0	0
	0			1 0 0 0	0
	0			0 0 0 0	0
	0			0 0 0 0	0
5.RZ Masttiere	0 0 0 0	0 0 0 0 0	0	0 0 0 0	0

„Momentaufnahme“2015--Matrix (Alterung)

<i>P-Matrix</i>	Bullen	Zucht-Kühe	M	Prod.Kühe	M
1.RZ Bullen	0 0 0 0	0 0 0 0 0	0	0 0 0 0	0
	0 0 0 0				0
	0 1 0 0				0
	0 0 0 0				0
2.RZ Kühe	0 0 0 0	0 0 0 0 0			0
	0	0 0 0 0 0			0
	0	0 1 0 0 0			0
	0 0	0 0 0 0 0			0
	0	0 0 0 0 0			0
3.RZ Masttiere	0 0 0 0	0 0 0 0 0	0	0 0 0 0	0
4.RZ Prod.Kühe	0 0 0 0			0 0 0 0	0
	0			0 0 0 0	0
	0			0 1 0 0	0
	0			0 0 0 0	0
5.RZ Masttiere	0 0 0 0	0 0 0 0 0	0	0 0 0 0	0

„Momentaufnahme“2016-P-Matrix (Alterung)

<i>P-Matrix</i>	Bullen	Zucht-Kühe	M Prod.Kühe	M
1.RZ Bullen	0 0 0 0	0 0 0 0 0	0 0 0 0 0	0
	0 0 0 0			0
	0 0 0 0			0
	0 0 1 0			0
2.RZ Kühe	0 0 0 0	0 0 0 0 0		0
	0	0 0 0 0 0		0
	0	0 0 0 0 0		0
	0 0	0 0 1 0 0		0
	0	0 0 0 0 0		0
3.RZ Mastt.	0 0 0 0	0 0 0 0 0	0 0 0 0 0	0
	4.RZ	0 0 0 0		0 0 0 0 0
5.RZ Mastt.	0		0 0 0 0 0	0
	0		0 0 0 0 0	0
	0		0 0 1 0 0	0
	0 0 0 0	0 0 0 0 0	0 0 0 0 0	0

„Momentaufnahme“2017-P-Matrix (Neugeborene)

<i>P-Matrix</i>	Bullen	Zucht-Kühe	M Prod.Kühe	M
1.RZ Bullen	0 0 0 .5	0 0 0 .3 .2	0 0 0 0 0	0
	0 0 0 0			0
	0 0 0 0			0
	0 0 0 0			0
2.RZ Kühe	0 .1 0 .4	0 .1 .2 .1 .1		0
	0	0 0 0 0 0		0
	0	0 0 0 0 0		0
	0	0 0 0 0 0		0
	0	0 0 0 1 0		0
3.RZ Masttiere	0 .1 0 .4	0 .1 .2 .1 .1	0 0 0 0 0	0
	4.RZ Prod.Kühe	0 0 0 .5		0 .2 .2 .1
5.RZ Masttiere	0		0 0 0 0 0	0
	0		0 0 0 0 0	0
	0		0 0 0 0 0	0
	0 0 0 .5	0 0 0 0 0	0 0 .2 .2 .1	0

Geschlechtsaltersklasse

Noch ein Wort zu den Geschlechtsaltersklassen. Alle Tiere die innerhalb einer Zeiteinheit (Jahr, Halbjahr etc.) geboren werden, haben das gleiche Alter. Man kennt kein Geburtsdatum sondern nur Geburtsjahr. (Nebenbei, als ich geboren bin, war es genauso). Also in unserem Beispiel alle Tiere die im Jahr 2013 geboren worden sind, haben die Altersklasse 0 (null). Im Jahr 2014 werden alle die Altersklasse 1 haben, im Jahr 2015 die 2, im Jahr 2016 die 3 und im Jahr 2017 die Altersklasse 4. Im Jahr 2017 werden aber die direkten Nachkommen geboren und diese haben die Altersklasse 0 (null). Hier werden im selben Kalenderjahr zwei Altersklassen existieren. Die Altersklasse 4 (Eltern) und die Altersklasse 0 (Neugeborene). Um diesen Fluss-Knick zu umgehen, lässt man die Altersklasse Null weg. Die Neugeborenen also sind bei der Geburt gleich 1 Jahr alt (Ein biologisches Paradoxon aber mathematisch korrekt!). Man könnte genauso gut stattdessen die letzte Altersklasse der Eltern weglassen können.

Schematische Darstellung der Zusammenhänge zwischen Zeiteinheiten und Altersklassen ab 2013

13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 → Zeit in Jahreseinheiten

0→1→2→3→4

0→1→2→3→4

0→1→2→3→4

0→1..... → Zeit in Altersklasseneinheiten

Damit ist der meines Erachtens etwas abstrakte aber wichtigste Teil der P-Matrix besprochen worden. Die anderen Teile der P-Matrix sind, was das Verstehen der Vorgangsabläufe betrifft, einfach. Aber was das Programmieren betrifft, sind hochgradig kompliziert.

Der Aufbau der P-Matrix über die 9 Parameter
Zweistufen-Einsatz (**Mehrstufen approximativ**)
Die Übertragungswege der genetischen Überlegenheit
Die Realisierungstiergruppen
Welche Tiergruppe realisiert welche Merkmale
Zeitkorrektur der Realisierungsmerkmale
F1-Kreuzungssauen, (**Endprodukte oder nicht ?**)

Alle diese Punkte können kurz behandelt werden. Am besten an einem Datenbeispiel. Das Hauptergebnis der P-Matrix ist der SDA-Wert. Der SDA-Wert berücksichtigt die Häufigkeit und den Zeitpunkt der Merkmalsrealisierung und ist auf dem Bezugszeitpunkt, z.B. Geburtsjahr der selektierten Tiere, diskontiert. Persönlich halte ich den SDA-Wert als das wichtigste Ergebnis eines jeden Zuchtplanungsprogramms. Die PMSDA-Subroutine ist das wichtigste Unterprogramm des ZPLANs. So wie diese Subroutine programmiert ist, ist einmalig. Gerade wegen dieser Subroutine werde ich auf meine Urheberrechte bestehen und bis zur endgültigen Klärung festhalten. Das ist nicht nur mein Recht, sondern auch meine Pflicht.

Inzuchtsteigerung

Die Berechnung der Inzuchtsteigerung innerhalb Pfad, ist praktisch so zu sagen ein Nebenprodukt aus der Berechnung des SDA-Wertes. In einem Vortrag beim DGfZ-Ausschuss für genetisch-statische Methoden vor exakt 31 Jahren, am 17. September 1982 habe ich den Algorithmus vorgestellt (Karras 1982, Höxter, DGfZ-Ausschuss). Die pro Selektionspfad Berechnung der Inzuchtsteigerung ist korrekt. Für die Ermittlung einer Gesamt-Inzuchtsteigerung, also eine Aufsummierung über die Selekti-

onspfade hinweg, muss man den Einsatz der B- und K-Väter korrekt berücksichtigen. Wenn exakt dieselben Väter als Bullen- und Kuh-Väter eingesetzt werden, dann verdoppelt sich die Wahrscheinlichkeit ihrer Nachkommen, herkunftsgleiche Gene zu erhalten. Die Erklärung wird über die Genanteile der $m(\cdot)$ -Vektoren gegeben. Vom Rinder-Pfad BB z.B. werden die späteren Nachkommen 0.10 Genanteil erhalten. Den gleichen Genanteil erhalten die Nachkommen auch aus dem Pfad BK. Die Wahrscheinlichkeitsberechnung $z=0.10 \times 0.10=0.01$ ist für beide Pfade gleich. Wenn die Väter in beiden Pfaden unterschiedlich sind, ist die Aufsummierung korrekt. Also $0.01+0.01=0.02$. Wenn die Väter in beiden Pfaden exakt dieselben sind, dann erhalten die Nachkommen einen Genanteil von 0.2 und die Wahrscheinlichkeitsberechnung ist $z=0.2 \times 0.2=0.04$. Also doppelt so hoch. Entsprechendes gilt, wenn die BB ein Teil der BK-Väter bilden. Z.B. 8 BK-Väter, wobei davon die 4 schon auch als BB eingesetzt werden (s. Höxter Vortrag).

Wie geht es weiter mit **ZPLAN-online**

Das Programm wird über einen Parameter-Daten-File gestartet. Der Anwender kann jetzt schon einen Data-File herunterladen und das Programm starten. Er kann die Daten verändern und erneut das Programm starten. Er kann die Ergebnis-Ausgabe markieren, kopieren und auf seinen privaten PC übertragen.

An dieser Stelle wird in Zukunft einiges besser werden. Viele Ideen existieren aber aus Zeitgründen und viel mehr aus technischen Gründen können nicht alle gleichzeitig realisiert werden. Hier wäre eine Zusammenarbeit mit anderen Kollegen wünschenswert. Dass diese Zusammenarbeit bis jetzt nicht stattgefunden hat, bedauere ich sehr. Eine Zusammenarbeit mit allen Doktoranden, die gerade ihre Doktorarbeit anfertigen, ist via Internet leicht zu verwirklichen. Der Quellen-Code des ZPLAN-online (Freies Format, Fortran90/95) steht allen Doktoranden zur Verfügung, und soweit sie elementare Fortran-Kenntnisse und einen Fortran-compiler, z.B. den kostenlosen Simply Fortran, verfügen, können sie auch Anpassungen durchführen (Subroutine NBILD und TZAHN).

Seit ein paar Jahren wird im VIT Verden (Fugato-Projekt) unter der Leitung der Uni-Göttingen auf der Basis des Hohenheimers ZPLAN-Programms eine ZPLAN-plus-Variante erstellt, die die Eingaben-Daten über eine Bildschirm-Maske vorsieht (Jawa-Anwendung). Dadurch soll die Anwenderfreundlichkeit des Programms verbessert werden.

Meine Meinung dazu:

Der von Uni-Göttingen favorisierte neue Eingabe-Modus (Bildschirm-Maske) kann bei einem bestimmten Anwenderkreis zu einer Verbesserung der Anwenderfreundlichkeit gegenüber der Original-Version führen. Da die überwiegende Mehrheit der Anwender Doktoranden sind, bringt der Bildschirm-Maske-Modus m. E. keine nennenswerten Vorteile.

Deshalb mein nachstehender Vorschlag:

Um dem Anwender die Aufstellung des Eingabe-Files zu erleichtern, bietet man ihm bereits fertig erstellte Daten-Files an. Diese Files stehen in einer Internet-Liste und der Anwender muss für seine Population, für seine spezielle Situation, den passenden Daten-File auswählen und als Vorlage verwenden. Um die Auswahl des richtigen Files zu erleichtern, stehen dem Anwender noch die nachfolgenden zusätzlichen Informationen zur Verfügung. Und zwar:

- eine kurze schematische Darstellung des Zuchtprogramms,
- eine symbolische, aber korrekte Struktur der zum Zuchtprogramm passenden P-Matrix,
- eine kurze (Text-)Beschreibung des Zuchtprogramms und
- eine, zu diesem Zuchtprogramm passende Input-Datei

Das Ziel dieser Vorgehensweise soll Folgendes sein: Der Anwender soll, auf dem kürzesten Weg, ZPLAN-Ergebnisse für seine eigene, spezielle Zuchtprogramm-Situation erhalten. Der passende lauffähige Eingabefile wird weitestgehend problemlos erstellbar sein.

Und so soll die neue ZPLAN-online Anwendung ablaufen:

Das ZPLAN-Programm in kompilierter Form steht auf einem virtuellen Server. Über die Webseite www.zplan-online.eu hat jeder Zugriff. Zurzeit ist alles im Werden. Es geben immer noch technische Probleme. Zum Beispiel auf dem virtuellen Server ist Win 7 auf meinem privaten PC Win 8 installiert. Dieses Kompatibilitäts-Problem soll so schnell wie möglich behoben werden (nach dieser Tagung werde ich dran arbeiten). Auch andere Fragenstellungen sind auf meinem privaten PC gelöst und noch nicht auf dem Virtuellen Server übertragen worden, wie etwa: Berücksichtigung der Nebenprodukte (Reinzuchtmastferkel) bei den Kreuzungssystemen, in die SDA-Wert-Berechnung und die Programminterne Ermittlung der „Töchter-Äquivalente“ bei einer bestimmten Genauigkeit der Genomzuchtwertschätzung.

Die Internet-Inputdatei-Liste wird ergänzt mit allen aktuellen und möglichen Zukunfts-Zuchtprogrammen. Eine Gliederung nach Tierart und anderen sinnvollen Kriterien soll die Übersichtbarkeit erleichtern.

Für jedes Zuchtprogramm, sollen die oben aufgeführten vier Informationen stehen. Der ZPLAN-Anwender soll die nötigen Informationen erhalten, um in der Lage zu sein, die für seine Situation richtige Eingabe-Datei aus der Liste auswählen zu können. Dann startet er das ZPLAN und die ersten Ergebnisse sind auf dem Bildschirm zu sehen.

Nach den erfolgreichen ersten Anwendungstests, kann am Bildschirm eine feinere Anpassung des Daten-Files durchgeführt werden. Dann das ZPLAN neu starten. (Zurzeit kann der editierte Daten-File auf dem eigenen PC des Anwenders gespeichert und zu einem späteren Zeitpunkt wieder verwendet werden. Also: Inputdatei aus der Webseite-Liste herunterladen, markieren, kopieren und auf dem eigenen PC speichern. Dann später: ZPLAN-online öffnen, eine Inputdatei herunterladen und diese markieren, dann die Inputdatei aus dem eigenen PC markieren, kopieren und an die ZPLAN-Webseite übertragen und das Programm starten. Hier werden demnächst viele technische Feinarbeiten und Schönheits-Operationen durchgeführt Gern hätte ich hier die technische Unterstützung seitens des Staates in Anspruch genommen. In Köllitsch hat man mir gesagt, dass der deutsche Staat sparen muss. Vielleicht habe ich mehr Glück, wenn ich den griechischen Staat darum bitte).

Schlussbemerkung:

Der Anwenderkreis des ZPLAN-Programms ist nicht allzu groß. Weltweit schätze ich die Zahl der Zuchtplanungs-Wissenschaftler und Fachleute auf 1000 bis maximal 2000 Personen, die sich mit den Tierarten Rind, Schwein, Schaf, Ziege, Pferd, Huhn befassen. Auch wenn noch ein paar Tierarten dazu kommen, wie z.B. Fisch, Biene, Lamas u.a., wird der mögliche Anwenderkreis nicht viel größer. Dagegen profitieren, und darauf kommt es an, fast alle Menschen von den Zuchtplanungsergebnissen. Zuchtplanung, vorausgesetzt sie wird richtig eingesetzt, kann einen Beitrag zur Sicherung der Welternährung bzw. zur Minderung des Welthungers leisten, also sie hilf uns, den Agrar-Absolventen unsere eigentliche moralische Aufgabe, nämlich den Hunger zu mildern, zu erfüllen. Dabei werden die kommenden Agrar-Wissenschaftler sich noch stärker als bisher mit Fragen der effektiven Nutzung der vorhandenen regionalen Ressourcen befassen. Etwa welche Tierart in einer Region z.B. Nahrungseiweis am ökonomischsten liefert. Da werden bestimmt viele neue Tierarten dazu kommen und andere, heute noch ökonomisch vertretbare, zurückgedrängt werden. So gesehen werden Zuchtplanungsprogramme auch in der Zukunft von enormer Bedeutung sein. Ihr Algorithmus muss aber den neuen dazugekommenen Tierarten entsprechend angepasst werden. Ein Grund mehr die Quellencodes der vorhandenen Zuchtplanungsprogramme allen Wissenschaftlern frei zur Verfügung zu stellen. Der ZPLAN-Anwender hat bereits die Möglichkeit, die Korrektheit der ZPLAN-Ergebnisse zu überprüfen, ja sogar auch eventuelle Fehler im Programm zu finden und weiter zu melden. Der ZPLAN-Anwender hat also den Quellen-Code und kann, vorausgesetzt Fortran-Basis-Kenntnisse vorhanden sind, den Ablauf der Rechengängen selbst überprüfen und unter Berücksichtigung der Eigentums- und Urheberrechte das Programm weiter entwickeln.

Ich bin mir sicher, dass das ZPLAN-online vielen, jungen Wissenschaftlern viel Freude bereiten wird. Ich werde auf alle Fälle an diesem Hobby festhalten, und mich unverzüglich für die Sicherung der ZPLAN-Betreuung bemühen.

Mein Titelphilosoph Heraklit

Zum Schluss ein Wort über den Philosoph Heraklit (520 v.Chr.). Von ihm kennt man relativ wenig. Seine Werke wurden vernichtet, bzw. nicht gerettet. Von Heraklits Werk sind lediglich einige Fragmente erhalten, von denen drei Zitate die Lehre vom Fluss aller Dinge begründen:

„Wer in denselben Fluss steigt, dem fließt anderes und wieder anderes Wasser zu.“

„Wir steigen in denselben Fluss und doch nicht in denselben, wir sind es und wir sind es nicht.“

„Man kann nicht zweimal in denselben Fluss steigen.“

Mehr als 100 Jahre später, um ca. 400 v.Chr., hat Platon die Genialität dieser Sprüche erkannt, und diese in der Kurzform $\tau\alpha\ \pi\alpha\nu\tau\alpha\ \rho\epsilon\iota$ = alles fließt zusammengefasst. Diesen Satz hat Platon oftmals in seinen Reden verwendet. Und immer hat er den Urheber Heraklit erwähnt.

Und so ist Heraklit mit diesem genialen Satz und mit Platons Fairness verewigt worden.

So war es in Griechenland vor 2500 Jahren!

Vielen Dank

Dr. Konstantin Karras

(ZPLAN-online)

