

*Vom Schwein zum Wein:*  
**Monte-Carlo-Simulationsmodell für Wachstums-,  
Gesundheits- und Qualitätsparameter von Schweinen  
und für den Korkgeschmack im Wein**

R. Ibal, B. Petersen

Institut für Tierwissenschaften, Abt. Präventives Gesundheitsmanagement  
Universität Bonn  
Katzenburgweg 7-9, D-53115 Bonn  
rolf.ibald@uni-bonn.de

**Abstract:** Die vorliegende Arbeit stellt ein Monte-Carlo basiertes Simulationswerkzeug vor, mit dessen Hilfe Wachstums-, Gesundheits-, und weitere Parameter simuliert werden können. Das Werkzeug wurde mit Visual Basic für MS-Excel erstellt. Einerseits können die Auswirkungen prozessualer oder natürlicher Veränderungen simuliert werden, wenn intrinsische Zusammenhänge bekannt sind und andererseits Hypothesen bestätigt oder falsifiziert, wenn die Auswirkungen bekannt oder beobachtbar sind. Sowohl die zu simulierenden- als auch die Ausgangsparameter sind variabel gehalten, sodass das Werkzeug auch für andere Zusammenhänge und Branchen genutzt werden kann.

## 1 Einleitung

**Problemstellung.** Der LifeCycle eines Schweins ist gekennzeichnet durch einen von zahlreichen Faktoren abhängigen biologischen Wachstumsprozess. Entscheidende Wachstums-, Gesundheits- und Qualitätsparameter lassen sich gezielt durch Maßnahmen verändern. Über unterschiedliche Prüfinstrumente können Prozessdaten ermittelt werden, die für Entscheidungen zur Steuerung und Regelung des Prozessablaufs zu vorhersagenden Informationen verarbeitbar sind und zur Auswahl von Maßnahmen zur Verfügung stehen. Für den Unternehmer bedeutet das, dass er zur Optimierung und zur Aufrechterhaltung der Kernprozesse seines Unternehmens viele Entscheidungen und Planungen entlang der Prozesskette treffen und dabei permanent neue technische, juristische und vom Markt diktierte Gegebenheiten berücksichtigen muss. Der Wunsch, im Sinne einer Kosten-Nutzen-Analyse eine optimale Entscheidung zu treffen, führt dabei häufig in ein Dilemma: Dazu müsste der Entscheider nämlich vor seiner Entscheidung alle möglichen Konsequenzen kennen, was wiederum bedeutet, die Entscheidung nach hinten zu verschieben, um genügend Zeit zu haben, um mittels theoretischen Analysen oder Tests und Experimenten die jeweiligen Konsequenzen zu ermitteln. Da solche Vorgehensweisen ebenfalls Kosten produzieren (Mehrkosten aufgrund einer verspäteten Entscheidung, Kosten für Experimente und Analysen), könnte eine schnelle aber nicht optimale Handlungsalternative günstiger sein als eine optimale Entscheidung, bzw. die beste der zur Verfügung stehenden.

Die Fülle von mittlerweile zur Verfügung stehenden Daten zu Wachstums-, Gesundheits- und Qualitätsparametern stellt den Forscher vor die Herausforderung kausale Zusammenhänge zwischen den einzelnen Parametern zu finden sowie die erwarteten Auswirkungen am Ende einer Prozesskette zu prognostizieren. Dabei stellt sich auch die Aufgabe tatsächliche Messdaten und simulierte Erwartungswerte richtig zu interpretieren.

**Zielsetzung.** Um einerseits den Forscher bei Planungen und Analysen von Experimenten und andererseits den Unternehmer und Produzenten bei Planungen und zeitkritischen Entscheidungsfindungen zu unterstützen, wird im Rahmen des Projektes FIN-Q.NRW (<http://www.giqs.org/projekte/fin-qnrw>) ein Simulationswerkzeug konzipiert und getestet. Das Simulationswerkzeug besitzt eine Schnittstelle zu einer in Aufbau befindlichen Forschungs- und Entwicklungsdatenbank. Es soll dem Anwender zeitnah ermöglichen Zusammenhänge zwischen einzelnen Prüfparametern anhand von statistischen Abschätzungen zu erkennen, Hypothesen zu testen und Auswirkungen von Maßnahmen zu prognostizieren. Primär wird das Simulationswerkzeug für Parameter des Schweins entwickelt. Die Parameter sollen dabei so variabel implementiert werden, dass das Werkzeug auch für andere Prozessketten nutzbar ist.

## 2 Entwicklung und Aufbau des Simulationswerkzeuges

**Meta Analyse.** Die Ergebnisse quantitativer Messungen von Parametern von Schweinen (z.B. Körpergewichten, Hormonkonzentrationen im Blut, Fettanteilen) sind i.d.R. Verteilungen der gemessenen Parameter innerhalb der jeweils untersuchten Stichprobe oder es sind Anteile der Stichproben, die eine bestimmte Merkmalausprägung haben. Andererseits sind exakte quantitative Vorhersagen über das Schicksal eines Tieres oder exakte quantitative Prognosen über einen Qualitäts-, Gesundheits- oder Wachstumsparameter eines Tieres weder durch Messergebnisse noch mit Hilfe von wissenschaftlich fundierten Theorien möglich. Ob -und um welchen Wert- sich ein Parameter am nächsten Tag ändern wird (z.B. die exakte Vorhersage des Gewichtes), hängt nicht zuletzt von dem Parameter „Zufall“ ab. Ein Modell, das das Leben eines Tieres so spezifisch wie möglich beschreibt, muss deshalb auch ganz besonders den Parameter Zufall berücksichtigen. Mit einem solchen Modell lassen sich dann die Erwartungswerte von Experimenten oder Prozessen abbilden –und damit auch realistische Kosten-Nutzen-Analysen für Maßnahmen durchführen-, wenn mit diesem Modell viele Einzelschicksale von Tieren simuliert werden können.

**Life-Cycle-Modell.** Mit Hilfe des Life-Cycle-Modells werden die Veränderungen quantifizierbarer Größen, wie z.B. von Gesundheits-, Wachstums- und Qualitätsparametern, als Funktion relevanter Parameter entlang der Lebenslinie von Schweinen für äquidistante Abstände simuliert, z.B. für Wochen. Für das Beispiel des Körpergewichtes bedeutet das, dass der Erwartungswert und die Schwankung für die Veränderung des Gewichtes eines Tieres pro Woche in Abhängigkeit wesentlicher Größen, wie z.B. dem Alter, einer Krankheit oder der Gewichtszunahme des Tieres in der Vergangenheit, prognostiziert werden. Simuliert der Nutzer mit diesem Modell die Gewichtszunahmen für eine große Anzahl von Tieren, so kann für jede Woche die

Gewichtsverteilung der Tiere angegeben werden. Wenn auf gleiche Art weitere Parameter simuliert werden, deren Zusammenhänge im Hinblick auf besondere Merkmale bekannt sind, z.B. Ebergeruch in Abhängigkeit von Alter, Gewichts-, Skatol- und Androstenonbildung, können mit dem Life-Cycle-Modell auch die Auftretenswahrscheinlichkeiten besonderer Ausprägungen modelliert werden. Sind hingegen die Verteilungen des Merkmals durch Messungen bekannt, können mit dem Life-Cycle-Modell unterschiedliche Hypothesen dadurch getestet werden, dass für unterschiedliche Annahmen die Verteilung des Merkmals simuliert und mit Messdaten verglichen wird.

**Mathematisches Modell als Life-Cycle-Modell.** Die zu beschreibenden Parameter werden pro Tier als Monte-Carlo-Simulierte Markov-Kette, die mathematisch einer Brown'schen Bewegung ähnlich ist, dargestellt. Dabei bildet der jeweils zuletzt simulierte Wert einen Aufsatzpunkt zu dem der Erwartungswert der nächsten Veränderung Monte-Carlo-Simuliert und aufaddiert wird. Die Erwartungswerte und Streuungen für den jeweils nächsten Zeitabschnitt sind dabei entweder vom Nutzer vorgegebene mehrdimensionale Funktionen anderer Parameter oder simulierte Parametergrößen der Vergangenheit oder sie werden vom Nutzer vorgegeben oder sie können mit entsprechenden Abfragealgorithmen in einer Forschungs- und Entwicklungsdatenbank berechnet werden.

**Programmierung einer nutzerspezifischen Software.** Pro Zeitintervall, Tier und Parameter werden eine gleich verteilte Zufallszahl zwischen 0 und 1 erzeugt, diese nach der Box-Müller-Methode [BM58] in normalverteilte Werte mit Erwartungswert 0 und Standardabweichung 1 transformiert, mit dem gewünschten  $\sigma$  multipliziert und das gewünschte  $\mu$  hinzuaddiert, so dass man einen simulierten Wert einer Normalverteilung mit Erwartungswert  $\mu$  und Standardabweichung  $\sigma$  erhält. Dieser Wert entspricht der oben genannten Veränderung, die pro Parameter und Tier von einem Kettenglied zum nächsten Kettenglied hinzuaddiert wird. Die so berechneten Größen werden in mehrdimensionalen Variablen abgespeichert, sodass die simulierten Daten und Markov-Ketten ausgewertet und dargestellt werden können. Spezifische Prozess-Maßnahmen oder Eingabeparameter werden dadurch berücksichtigt, dass die gewünschten  $\mu$ - $\sigma$  Kombinationen der einzelnen Parameter pro Simulationsschritt aus Funktionen, Datenbanken oder aus Eingaben vom Nutzer stammen.

### 3 Ergebnis und Ausblick

**Ergebnis.** Es entstand ein Excel-Werkzeug, mit dem die Entwicklungen von Qualitäts-, Gesundheits- und Wachstumsparameter für Schweine für unterschiedliche Annahmen oder anhand vorhandener Algorithmen, z.B. [JKÜ91] oder [AB95], prognostiziert werden können. Das Werkzeug unterstützt Kosten-Nutzenanalysen, die Bewertung von Risiken und Prüfstrategien und hilft Hypothesen zu testen. Über den in Abb. 1 gezeigten Ausschnitt des Werkzeuges werden Simulationen gestartet, Randbedingungen eingegeben und die Prognoseergebnisse abgerufen. Startparameter sind in Abb.1 die Populationsgröße, eine besonders interessierende Lebenswoche und eine Auswahl der hinterlegten Prüfmaßnahmen und Prozessentscheidungen als Randbedingung. Als

Simulationsergebnis sind in Abb 1 folgende Größen für die interessierende, in Abb. 1 die 24., Lebenswoche gezeigt: Die Gewichtsverteilung (oben links), eine normierte und aufintegrierte Verteilung des Androstenons (mitte links), eine Verteilung des Skatols (mitte rechts), eine zweidimensionale Auftragung Skatol vs. Androstenon (unten), die Anzahlen der Tiere, die die Merkmale Leistungsdepression, Verlust oder Ebergeruch bekamen und die Zielerreichungszeiten für das Gewicht von 100 kg (oben rechts).

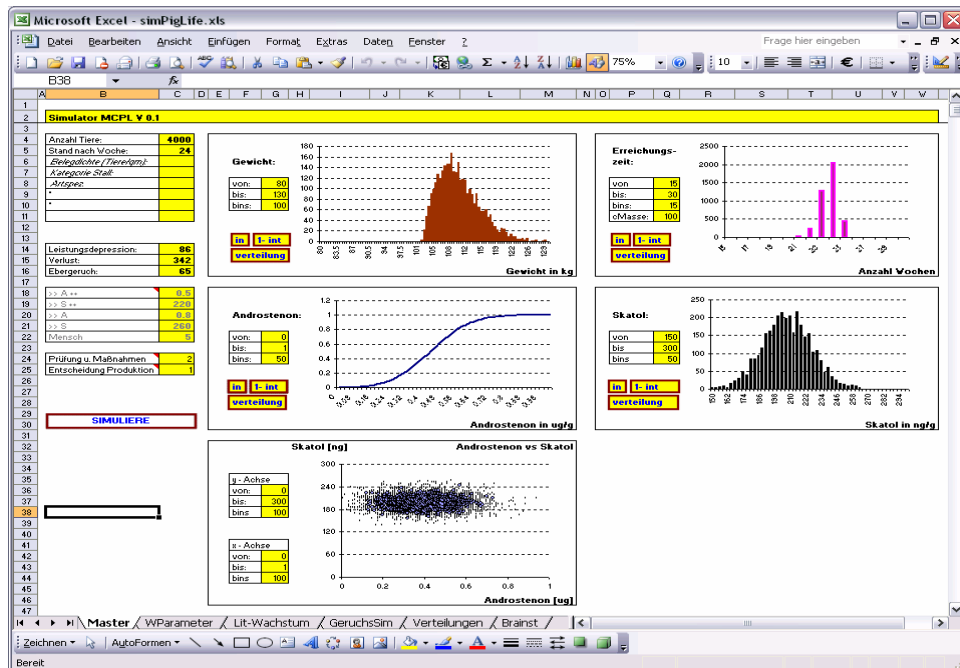


Abbildung 1: Oberfläche um Simulationen zu starten und Ergebnisse anzuzeigen.

**Ausblick.** Aufgrund der variablen Gestaltung der zu simulierenden Parameter, kann das Werkzeug leicht an andere Prozesse angepasst werden; so kann z.B. das Merkmal Ebergeruch durch Korkgeschmack ersetzt werden, wenn auch entsprechende Simulationsannahmen angepasst werden. Weiterhin ist geplant, das Werkzeug an eine Datenbank zu koppeln und als internetfähige Software zu erweitern und anzubieten.

## Literaturverzeichnis

- [BM58] Box, M., Muller, E.: G.E.P. A Note on the Generation of Random Normal Deviates, The Annals of Mathematical Statistics, 29, 2,610–611, 1958
- [JKÜ91] Künneken, J.: Simulation der Tier-Bakterium-Umwelt-Interaktion im Biotop „Abferkelstall“, Dissertation Universität Bonn, 1991
- [AB95] Blaschzyk A.: Modell zur Darstellung des Verlaufs einer parvovirusbedingten SMEDI-Infektion. Dissertation Universität Bonn, 1995