

Tabelle A-1: Multiple Mittelwertvergleiche / Merkmal: Schlachtkörperwarmmasse (kg)
 Scheffé-Prozedur

(I) Genotyp	(J) Genotyp	Mittlere Differenz (I-J)	Standard- fehler	Signifikanz	95%-Konfidenzintervall	
					Untergrenze	Obergrenze
L x L	L x E	2,2741	1,417	,921	-3,0672	7,6154
	L x Du	-6,0767*	1,439	,014	-11,5013	-,6520
	L x Pi	,3880	1,288	1,000	-4,4660	5,2421
	L/E x Pi	2,5614	1,388	,845	-2,6705	7,7932
	E x Ha/Pi	-1,1035	1,604	1,000	-7,1488	4,9418
	S x S	-3,4315	1,751	,797	-10,0306	3,1676
	S x E	-2,7633	1,770	,931	-9,4346	3,9079
L x E	L x L	-2,2741	1,417	,921	-7,6154	3,0672
	L x Du	-8,3508*	1,411	,000	-13,6692	-3,0323
	L x Pi	-1,8861	1,256	,944	-6,6211	2,8490
	L/E x Pi	,2873	1,359	1,000	-4,8343	5,4089
	E x Ha/Pi	-3,3776	1,579	,711	-9,3277	2,5725
	S x S	-5,7056	1,728	,146	-12,2177	,8065
	S x E	-5,0374	1,747	,308	-11,6226	1,5477
L x Du	L x L	6,0767*	1,439	,014	,6520	11,5013
	L x E	8,3508*	1,411	,000	3,0323	13,6692
	L x Pi	6,4647*	1,281	,001	1,6358	11,2936
	L/E x Pi	8,6380*	1,382	,000	3,4295	13,8466
	E x Ha/Pi	4,9732	1,598	,210	-1,0519	10,9983
	S x S	2,6452	1,746	,941	-3,9355	9,2258
	S x E	3,3133	1,765	,832	-3,3397	9,9663
L x Pi	L x L	-,3880	1,288	1,000	-5,2421	4,4660
	L x E	1,8861	1,256	,944	-2,8490	6,6211
	L x Du	-6,4647*	1,281	,001	-11,2936	-1,6358
	L/E x Pi	2,1733	1,223	,870	-2,4379	6,7845
	E x Ha/Pi	-1,4915	1,464	,994	-7,0085	4,0254
	S x S	-3,8195	1,623	,595	-9,9384	2,2993
	S x E	-3,1514	1,644	,816	-9,3479	3,0452
L/E x Pi	L x L	-2,5614	1,388	,845	-7,7932	2,6705
	L x E	-,2873	1,359	1,000	-5,4089	4,8343
	L x Du	-8,6380*	1,382	,000	-13,8466	-3,4295
	L x Pi	-2,1733	1,223	,870	-6,7845	2,4379
	E x Ha/Pi	-3,6649	1,553	,591	-9,5169	2,1872
	S x S	-5,9929	1,704	,092	-12,4155	,4298
	S x E	-5,3247	1,724	,219	-11,8214	1,1720
E x Ha/Pi	L x L	1,1035	1,604	1,000	-4,9418	7,1488
	L x E	3,3776	1,579	,711	-2,5725	9,3277
	L x Du	-4,9732	1,598	,210	-10,9983	1,0519
	L x Pi	1,4915	1,464	,994	-4,0254	7,0085
	L/E x Pi	3,6649	1,553	,591	-2,1872	9,5169
	S x S	-2,3280	1,884	,981	-9,4289	4,7729
	S x E	-1,6598	1,902	,998	-8,8278	5,5082
S x S	L x L	3,4315	1,751	,797	-3,1676	10,0306
	L x E	5,7056	1,728	,146	-,8065	12,2177
	L x Du	-2,6452	1,746	,941	-9,2258	3,9355
	L x Pi	3,8195	1,623	,595	-2,2993	9,9384
	L/E x Pi	5,9929	1,704	,092	-,4298	12,4155
	E x Ha/Pi	2,3280	1,884	,981	-4,7729	9,4289
	S x E	,6682	2,027	1,000	-6,9727	8,3091
S x E	L x L	2,7633	1,770	,931	-3,9079	9,4346
	L x E	5,0374	1,747	,308	-1,5477	11,6226
	L x Du	-3,3133	1,765	,832	-9,9663	3,3397
	L x Pi	3,1514	1,644	,816	-3,0452	9,3479
	L/E x Pi	5,3247	1,724	,219	-1,1720	11,8214
	E x Ha/Pi	1,6598	1,902	,998	-5,5082	8,8278
	S x S	-,6682	2,027	1,000	-8,3091	6,9727

* Die mittlere Differenz ist auf der Stufe 0,05 signifikant.

Tabelle A-2: Multiple Mittelwertvergleiche / Merkmal: Muskelfleischanteil (%)

Scheffé-Prozedur

(I) Genotyp	(J) Genotyp	Mittlere Differenz (I-J)	Standardfehler	Signifikanz	95%-Konfidenzintervall	
					Untergrenze	Obergrenze
L x L	L x E	,4023	,539	,999	-1,6287	2,4333
	L x Du	-1,9180E-02	,547	1,000	-2,0819	2,0436
	L x Pi	-1,8396	,490	,052	-3,6854	6,150E-03
	L/E x Pi	-1,5672	,528	,269	-3,5566	,4222
	E x Ha/Pi	-1,7073E-03	,610	1,000	-2,3004	2,2970
	S x S	7,7655*	,666	,000	5,2562	10,2748
	S x E	6,2933*	,673	,000	3,7566	8,8301
L x E	L x L	-,4023	,539	,999	-2,4333	1,6287
	L x Du	-,4215	,537	,999	-2,4438	1,6009
	L x Pi	-2,2419*	,478	,003	-4,0424	-,4414
	L/E x Pi	-1,9695*	,517	,045	-3,9170	-2,1995E-02
	E x Ha/Pi	-,4040	,600	1,000	-2,6666	1,8585
	S x S	7,3632*	,657	,000	4,8869	9,8394
	S x E	5,8910*	,664	,000	3,3870	8,3950
L x Du	L x L	1,918E-02	,547	1,000	-2,0436	2,0819
	L x E	,4215	,537	,999	-1,6009	2,4438
	L x Pi	-1,8204	,487	,054	-3,6566	1,578E-02
	L/E x Pi	-1,5480	,525	,279	-3,5286	,4325
	E x Ha/Pi	1,747E-02	,608	1,000	-2,2736	2,3085
	S x S	7,7847*	,664	,000	5,2824	10,2870
	S x E	6,3125*	,671	,000	3,7827	8,8423
L x Pi	L x L	1,8396	,490	,052	-6,1497E-03	3,6854
	L x E	2,2419*	,478	,003	,4414	4,0424
	L x Du	1,8204	,487	,054	-1,5780E-02	3,6566
	L/E x Pi	,2724	,465	1,000	-1,4810	2,0258
	E x Ha/Pi	1,8379	,557	,146	-,2599	3,9357
	S x S	9,6051*	,617	,000	7,2784	11,9318
	S x E	8,1329*	,625	,000	5,7767	10,4892
L/E x Pi	L x L	1,5672	,528	,269	-,4222	3,5566
	L x E	1,9695*	,517	,045	2,200E-02	3,9170
	L x Du	1,5480	,525	,279	-,4325	3,5286
	L x Pi	-,2724	,465	1,000	-2,0258	1,4810
	E x Ha/Pi	1,5655	,590	,427	-,6598	3,7907
	S x S	9,3327*	,648	,000	6,8905	11,7749
	S x E	7,8605*	,655	,000	5,3901	10,3309
E x Ha/Pi	L x L	1,707E-03	,610	1,000	-2,2970	2,3004
	L x E	,4040	,600	1,000	-1,8585	2,6666
	L x Du	-1,7473E-02	,608	1,000	-2,3085	2,2736
	L x Pi	-1,8379	,557	,146	-3,9357	,2599
	L/E x Pi	-1,5655	,590	,427	-3,7907	,6598
	S x S	7,7672*	,716	,000	5,0671	10,4673
	S x E	6,2950*	,723	,000	3,5694	9,0207
S x S	L x L	-7,7655*	,666	,000	-10,2748	-5,2562
	L x E	-7,3632*	,657	,000	-9,8394	-4,8869
	L x Du	-7,7847*	,664	,000	-10,2870	-5,2824
	L x Pi	-9,6051*	,617	,000	-11,9318	-7,2784
	L/E x Pi	-9,3327*	,648	,000	-11,7749	-6,8905
	E x Ha/Pi	-7,7672*	,716	,000	-10,4673	-5,0671
	S x E	-1,4722	,771	,819	-4,3776	1,4333
S x E	L x L	-6,2933*	,673	,000	-8,8301	-3,7566
	L x E	-5,8910*	,664	,000	-8,3950	-3,3870
	L x Du	-6,3125*	,671	,000	-8,8423	-3,7827
	L x Pi	-8,1329*	,625	,000	-10,4892	-5,7767
	L/E x Pi	-7,8605*	,655	,000	-10,3309	-5,3901
	E x Ha/Pi	-6,2950*	,723	,000	-9,0207	-3,5694
	S x S	1,4722	,771	,819	-1,4333	4,3776

* Die mittlere Differenz ist auf der Stufe 0,05 signifikant.

Tabelle A-3: Multiple Mittelwertvergleiche / Merkmal: Rückenspeckdicke (mm)

Scheffé-Prozedur

(I) Genotyp	(J) Genotyp	Mittlere Differenz (I-J)	Standardfehler	Signifikanz	95%-Konfidenzintervall	
					Untergrenze	Obergrenze
L x L	L x E	-,2586	,775	1,000	-3,1817	2,6644
	L x Du	-2,1429	,766	,350	-5,0298	,7440
	L x Pi	,6398	,704	,997	-2,0166	3,2961
	L/E x Pi	,1484	,782	1,000	-2,8007	3,0974
	E x Ha/Pi	-1,5149	,852	,869	-4,7267	1,6969
	S x S	-14,1439*	,929	,000	-17,6461	-10,6417
	S x E	-11,6585*	,939	,000	-15,1985	-8,1185
L x E	L x L	,2586	,775	1,000	-2,6644	3,1817
	L x Du	-1,8843	,766	,534	-4,7712	1,0026
	L x Pi	,8984	,704	,977	-1,7580	3,5548
	L/E x Pi	,4070	,782	1,000	-2,5420	3,3561
	E x Ha/Pi	-1,2563	,852	,949	-4,4681	1,9555
	S x S	-13,8853*	,929	,000	-17,3874	-10,3831
	S x E	-11,3999	,939	,000	-14,9399	-7,8599
L x Du	L x L	2,1429	,766	,350	-,7440	5,0298
	L x E	1,8843	,766	,534	-1,0026	4,7712
	L x Pi	2,7826*	,694	,026	,1661	5,3992
	L/E x Pi	2,2913	,773	,271	-,6219	5,2045
	E x Ha/Pi	,6279	,843	,999	-2,5510	3,8069
	S x S	-12,0010*	,921	,000	-15,4731	-8,5290
	S x E	-9,5156*	,931	,000	-13,0258	-6,0054
L x Pi	L x L	-,6398	,704	,997	-3,2961	2,0166
	L x E	-,8984	,704	,977	-3,5548	1,7580
	L x Du	-2,7826*	,694	,026	-5,3992	-,1661
	L/E x Pi	-,4914	,712	1,000	-3,1763	2,1936
	E x Ha/Pi	-2,1547	,788	,383	-5,1258	,8164
	S x S	-14,7837*	,871	,000	-18,0665	-11,5008
	S x E	-12,2983*	,881	,000	-15,6215	-8,9751
L/E x Pi	L x L	-,1484	,782	1,000	-3,0974	2,8007
	L x E	-,4070	,782	1,000	-3,3561	2,5420
	L x Du	-2,2913	,773	,271	-5,2045	,6219
	L x Pi	,4914	,712	1,000	-2,1936	3,1763
	E x Ha/Pi	-1,6633	,858	,807	-4,8988	1,5721
	S x S	-14,2923*	,934	,000	-17,8162	-10,7684
	S x E	-11,8069*	,944	,000	-15,3684	-8,2454
E x Ha/Pi	L x L	1,5149	,852	,869	-1,6969	4,7267
	L x E	1,2563	,852	,949	-1,9555	4,4681
	L x Du	-,6279	,843	,999	-3,8069	2,5510
	L x Pi	2,1547	,788	,383	-,8164	5,1258
	L/E x Pi	1,6633	,858	,807	-1,5721	4,8988
	S x S	-12,6290*	,993	,000	-16,3755	-8,8824
	S x E	-10,1436*	1,003	,000	-13,9255	-6,3616
S x S	L x L	14,1439*	,929	,000	10,6417	17,6461
	L x E	13,8853*	,929	,000	10,3831	17,3874
	L x Du	12,0010*	,921	,000	8,5290	15,4731
	L x Pi	14,7837*	,871	,000	11,5008	18,0665
	L/E x Pi	14,2923*	,934	,000	10,7684	17,8162
	E x Ha/Pi	12,6290*	,993	,000	8,8824	16,3755
	S x E	2,4854	1,069	,611	-1,5461	6,5168
S x E	L x L	11,6585*	,939	,000	8,1185	15,1985
	L x E	11,3999*	,939	,000	7,8599	14,9399
	L x Du	9,5156*	,931	,000	6,0054	13,0258
	L x Pi	12,2983*	,881	,000	8,9751	15,6215
	L/E x Pi	11,8069*	,944	,000	8,2454	15,3684
	E x Ha/Pi	10,1436*	1,003	,000	6,3616	13,9255
	S x S	-2,4854	1,069	,611	-6,5168	1,5461

* Die mittlere Differenz ist auf der Stufe 0,05 signifikant.

Tabelle A-4: Multiple Mittelwertvergleiche / Merkmal: pH₁

Scheffé-Prozedur

(I) Genotyp	(J) Genotyp	Mittlere Differenz (I-J)	Standardfehler	Signifikanz	95%-Konfidenzintervall	
					Untergrenze	Obergrenze
L x L	L x E	-7,5346E-02	,064	,986	-,3162	,1655
	L x Du	2,500E-02	,066	1,000	-,2250	,2750
	L x Pi	,3793*	,058	,000	,1604	,5982
	L/E x Pi	,3546*	,063	,000	,1187	,5906
	E x Ha/Pi	6,567E-02	,072	,997	-,2070	,3383
	S x S	,2699	,079	,114	-2,7682E-02	,5675
	S x E	,1792	,080	,655	-,1217	,4800
L x E	L x L	7,535E-02	,064	,986	-,1655	,3162
	L x Du	,1003	,065	,936	-,1450	,3457
	L x Pi	,4546*	,057	,000	,2411	,6681
	L/E x Pi	,4300*	,061	,000	,1990	,6609
	E x Ha/Pi	,1410	,071	,788	-,1273	,4094
	S x S	,3453*	,078	,007	5,159E-02	,6389
	S x E	,2545	,079	,168	-4,2458E-02	,5515
L x Du	L x L	-2,5000E-02	,066	1,000	-,2750	,2250
	L x E	-,1003	,065	,936	-,3457	,1450
	L x Pi	,3543*	,059	,000	,1305	,5780
	L/E x Pi	,3296*	,064	,000	8,915E-02	,5701
	E x Ha/Pi	4,067E-02	,073	1,000	-,2359	,3172
	S x S	,2449	,080	,228	-5,6281E-02	,5461
	S x E	,1542	,081	,819	-,1502	,4586
L x Pi	L x L	-,3793*	,058	,000	-,5982	-,1604
	L x E	-,4546*	,057	,000	-,6681	-,2411
	L x Du	-,3543*	,059	,000	-,5780	-,1305
	L/E x Pi	-2,4652E-02	,055	1,000	-,2326	,1833
	E x Ha/Pi	-,3136*	,066	,002	-,5624	-6,4796E-02
	S x S	-,1093	,073	,945	-,3853	,1666
	S x E	-,2001	,074	,402	-,4795	7,935E-02
L/E x Pi	L x L	-,3546*	,063	,000	-,5906	-,1187
	L x E	-,4300*	,061	,000	-,6609	-,1990
	L x Du	-,3296*	,064	,000	-,5701	-8,9149E-02
	L x Pi	2,465E-02	,055	1,000	-,1833	,2326
	E x Ha/Pi	-,2889*	,070	,019	-,5529	-2,5031E-02
	S x S	-8,4693E-02	,077	,990	-,3743	,2049
	S x E	-,1754	,078	,648	-,4684	,1175
E x Ha/Pi	L x L	-6,5671E-02	,072	,997	-,3383	,2070
	L x E	-,1410	,071	,788	-,4094	,1273
	L x Du	-4,0671E-02	,073	1,000	-,3172	,2359
	L x Pi	,3136*	,066	,002	6,480E-02	,5624
	L/E x Pi	,2889*	,070	,019	2,503E-02	,5529
	S x S	,2042	,085	,566	-,1160	,5245
	S x E	,1135	,086	,972	-,2098	,4368
S x S	L x L	-,2699	,079	,114	-,5675	2,768E-02
	L x E	-,3453*	,078	,007	-,6389	-5,1590E-02
	L x Du	-,2449	,080	,228	-,5461	5,628E-02
	L x Pi	,1093	,073	,945	-,1666	,3853
	L/E x Pi	8,469E-02	,077	,990	-,2049	,3743
	E x Ha/Pi	-,2042	,085	,566	-,5245	,1160
	S x E	-9,0753E-02	,091	,995	-,4353	,2538
S x E	L x L	-,1792	,080	,655	-,4800	,1217
	L x E	-,2545	,079	,168	-,5515	4,246E-02
	L x Du	-,1542	,081	,819	-,4586	,1502
	L x Pi	,2001	,074	,402	-7,9347E-02	,4795
	L/E x Pi	,1754	,078	,648	-,1175	,4684
	E x Ha/Pi	-,1135	,086	,972	-,4368	,2098
	S x S	9,075E-02	,091	,995	-,2538	,4353

* Die mittlere Differenz ist auf der Stufe 0,05 signifikant.

Tabelle A-5: Multiple Mittelwertvergleiche / Merkmal: Lf₁

Scheffé-Prozedur

(I) Genotyp	(J) Genotyp	Mittlere Differenz (I-J)	Standardfehler	Signifikanz	95%-Konfidenzintervall	
					Untergrenze	Obergrenze
L x L	L x E	,1007	,222	1,000	-,7379	,9393
	L x Du	-,5793	,231	,506	-1,4497	,2910
	L x Pi	-,6661	,204	,160	-1,4370	,1047
	L/E x Pi	-,9554*	,218	,008	-1,7768	-,1340
	E x Ha/Pi	,2855	,252	,989	-,6636	1,2346
	S x S	2,406E-02	,275	1,000	-1,0120	1,0601
	S x E	2,917E-02	,278	1,000	-1,0182	1,0765
L x E	L x L	-,1007	,222	1,000	-,9393	,7379
	L x Du	-,6800	,227	,255	-1,5340	,1740
	L x Pi	-,7668*	,200	,041	-1,5192	-1,4444E-02
	L/E x Pi	-1,0560*	,213	,001	-1,8601	-,2520
	E x Ha/Pi	,1848	,248	,999	-,7494	1,1189
	S x S	-7,6620E-02	,271	1,000	-1,0990	,9458
	S x E	-7,1513E-02	,274	1,000	-1,1054	,9623
L x Du	L x L	,5793	,231	,506	-,2910	1,4497
	L x E	,6800	,227	,255	-,1740	1,5340
	L x Pi	-8,6801E-02	,209	1,000	-,8744	,7008
	L/E x Pi	-,3760	,222	,896	-1,2132	,4611
	E x Ha/Pi	,8648	,255	,123	-9,7946E-02	1,8276
	S x S	,6034	,278	,696	-,4452	1,6520
	S x E	,6085	,281	,698	-,4513	1,6683
L x Pi	L x L	,6661	,204	,160	-,1047	1,4370
	L x E	,7668	,200	,041	1,444E-02	1,5192
	L x Du	8,680E-02	,209	1,000	-,7008	,8744
	L/E x Pi	-,2892	,194	,947	-1,0224	,4440
	E x Ha/Pi	,9516*	,232	,020	7,774E-02	1,8255
	S x S	,6902	,257	,407	-,2774	1,6578
	S x E	,6953	,260	,414	-,2844	1,6750
L/E x Pi	L x L	,9554*	,218	,008	,1340	1,7768
	L x E	1,0560*	,213	,001	,2520	1,8601
	L x Du	,3760	,222	,896	-,4611	1,2132
	L x Pi	,2892	,194	,947	-,4440	1,0224
	E x Ha/Pi	1,2408	,244	,001	,3221	2,1596
	S x S	,9794	,267	,065	-2,8918E-02	1,9878
	S x E	,9845	,271	,069	-3,5442E-02	2,0045
E x Ha/Pi	L x L	-,2855	,252	,989	-1,2346	,6636
	L x E	-,1848	,248	,999	-1,1189	,7494
	L x Du	-,8648	,255	,123	-1,8276	9,795E-02
	L x Pi	-,9516*	,232	,020	-1,8255	-7,7737E-02
	L/E x Pi	-1,2408*	,244	,001	-2,1596	-,3221
	S x S	-,2614	,296	,998	-1,3762	,8534
	S x E	-,2563	,299	,998	-1,3817	,8691
S x S	L x L	-2,4059E-02	,275	1,000	-1,0601	1,0120
	L x E	7,662E-02	,271	1,000	-,9458	1,0990
	L x Du	-,6034	,278	,696	-1,6520	,4452
	L x Pi	-,6902	,257	,407	-1,6578	,2774
	L/E x Pi	-,9794	,267	,065	-1,9878	2,892E-02
	E x Ha/Pi	,2614	,296	,998	-,8534	1,3762
	S x E	5,108E-03	,318	1,000	-1,1945	1,2047
S x E	L x L	-2,9167E-02	,278	1,000	-1,0765	1,0182
	L x E	7,151E-02	,274	1,000	-,9623	1,1054
	L x Du	-,6085	,281	,698	-1,6683	,4513
	L x Pi	-,6953	,260	,414	-1,6750	,2844
	L/E x Pi	-,9845	,271	,069	-2,0045	3,544E-02
	E x Ha/Pi	,2563	,299	,998	-,8691	1,3817
	S x S	-5,1075E-03	,318	1,000	-1,2047	1,1945

* Die mittlere Differenz ist auf der Stufe 0,05 signifikant.

Tabelle A-6: Multiple Mittelwertvergleiche / Merkmal: pH₂

Scheffé-Prozedur

(I) Genotyp	(J) Genotyp	Mittlere Differenz (I-J)	Standardfehler	Signifikanz	95%-Konfidenzintervall	
					Untergrenze	Obergrenze
L x L	L x E	4,091E-02	,034	,984	-8,6931E-02	,1688
	L x Du	7,530E-02	,035	,711	-5,7383E-02	,2080
	L x Pi	7,108E-03	,031	1,000	-,1091	,1233
	L/E x Pi	5,696E-02	,033	,890	-6,8261E-02	,1822
	E x Ha/Pi	,2324*	,038	,000	8,773E-02	,3771
	S x S	,3326*	,042	,000	,1747	,4906
	S x E	,2855*	,042	,000	,1258	,4452
L x E	L x L	-4,0910E-02	,034	,984	-,1688	8,693E-02
	L x Du	3,439E-02	,035	,995	-9,5806E-02	,1646
	L x Pi	-3,3802E-02	,030	,989	-,1471	7,953E-02
	L/E x Pi	1,605E-02	,033	1,000	-,1065	,1386
	E x Ha/Pi	,1915*	,038	,001	4,909E-02	,3339
	S x S	,2917*	,041	,000	,1358	,4476
	S x E	,2446*	,042	,000	8,698E-02	,4022
L x Du	L x L	-7,5298E-02	,035	,711	-,2080	5,738E-02
	L x E	-3,4387E-02	,035	,995	-,1646	9,581E-02
	L x Pi	-6,8190E-02	,032	,698	-,1870	5,057E-02
	L/E x Pi	-1,8338E-02	,034	1,000	-,1460	,1093
	E x Ha/Pi	,1571*	,039	,024	1,035E-02	,3039
	S x S	,2573*	,042	,000	9,745E-02	,4172
	S x E	,2102*	,043	,001	4,864E-02	,3718
L x Pi	L x L	-7,1078E-03	,031	1,000	-,1233	,1091
	L x E	3,380E-02	,030	,989	-7,9529E-02	,1471
	L x Du	6,819E-02	,032	,698	-5,0573E-02	,1870
	L/E x Pi	4,985E-02	,029	,894	-6,0515E-02	,1602
	E x Ha/Pi	,2253*	,035	,000	9,327E-02	,3574
	S x S	,3255*	,039	,000	,1790	,4720
	S x E	,2784*	,039	,000	,1301	,4267
L/E x Pi	L x L	-5,6960E-02	,033	,890	-,1822	6,826E-02
	L x E	-1,6050E-02	,033	1,000	-,1386	,1065
	L x Du	1,834E-02	,034	1,000	-,1093	,1460
	L x Pi	-4,9852E-02	,029	,894	-,1602	6,052E-02
	E x Ha/Pi	,1755*	,037	,003	3,539E-02	,3155
	S x S	,2756*	,041	,000	,1219	,4294
	S x E	,2285*	,041	,000	7,304E-02	,3840
E x Ha/Pi	L x L	-,2324*	,038	,000	-,3771	-8,7728E-02
	L x E	-,1915*	,038	,001	-,3339	-4,9095E-02
	L x Du	-,1571*	,039	,024	-,3039	-1,0348E-02
	L x Pi	-,2253*	,035	,000	-,3574	-9,3265E-02
	L/E x Pi	-,1755*	,037	,003	-,3155	-3,5392E-02
	S x S	,1002	,045	,667	-6,9769E-02	,2701
	S x E	5,308E-02	,046	,987	-,1185	,2246
S x S	L x L	-,3326*	,042	,000	-,4906	-,1747
	L x E	-,2917*	,041	,000	-,4476	-,1358
	L x Du	-,2573*	,042	,000	-,4172	-9,7453E-02
	L x Pi	-,3255*	,039	,000	-,4720	-,1790
	L/E x Pi	-,2756*	,041	,000	-,4294	-,1219
	E x Ha/Pi	-,1002	,045	,667	-,2701	6,977E-02
	S x E	-4,7108E-02	,049	,996	-,2300	,1358
S x E	L x L	-,2855*	,042	,000	-,4452	-,1258
	L x E	-,2446*	,042	,000	-,4022	-8,6977E-02
	L x Du	-,2102*	,043	,001	-,3718	-4,8639E-02
	L x Pi	-,2784*	,039	,000	-,4267	-,1301
	L/E x Pi	-,2285*	,041	,000	-,3840	-7,3044E-02
	E x Ha/Pi	-5,3081E-02	,046	,987	-,2246	,1185
	S x S	4,711E-02	,049	,996	-,1358	,2300

* Die mittlere Differenz ist auf der Stufe 0,05 signifikant.

Tabelle A-7: Multiple Mittelwertvergleiche / Merkmal: locker gebundenes Wasser (ml/g)
Scheffé-Prozedur

(I) Genotyp	(J) Genotyp	Mittlere Differenz (I-J)	Standardfehler	Signifikanz	95%-Konfidenzintervall	
					Untergrenze	Obergrenze
L x L	L x E	2,969E-02	,013	,649	-1,9913E-02	7,930E-02
	L x Du	-1,9929E-02	,014	,952	-7,1411E-02	3,155E-02
	L x Pi	7,824E-03	,012	1,000	-3,7256E-02	5,290E-02
	L/E x Pi	1,893E-02	,013	,950	-2,9659E-02	6,752E-02
	E x Ha/Pi	9,366E-03	,015	1,000	-4,6777E-02	6,551E-02
	S x S	-4,9871E-02	,016	,228	-,1112	1,142E-02
	S x E	-6,5000E-02*	,016	,031	-,1270	-3,0436E-03
L x E	L x L	-2,9692E-02	,013	,649	-7,9297E-02	1,991E-02
	L x Du	-4,9621E-02	,013	,059	-,1001	8,968E-04
	L x Pi	-2,1869E-02	,012	,833	-6,5843E-02	2,211E-02
	L/E x Pi	-1,0763E-02	,013	,998	-5,8327E-02	3,680E-02
	E x Ha/Pi	-2,0326E-02	,015	,964	-7,5586E-02	3,493E-02
	S x S	-7,9563E-02*	,016	,001	-,1400	-1,9085E-02
	S x E	-9,4692E-02*	,016	,000	-,1558	-3,3535E-02
L x Du	L x L	1,993E-02	,014	,952	-3,1554E-02	7,141E-02
	L x E	4,962E-02	,013	,059	-8,9680E-04	,1001
	L x Pi	2,775E-02	,012	,641	-1,8330E-02	7,383E-02
	L/E x Pi	3,886E-02	,013	,274	-1,0662E-02	8,838E-02
	E x Ha/Pi	2,929E-02	,015	,806	-2,7657E-02	8,625E-02
	S x S	-2,9942E-02	,016	,854	-9,1970E-02	3,209E-02
	S x E	-4,5071E-02	,017	,396	-,1078	1,762E-02
L x Pi	L x L	-7,8235E-03	,012	1,000	-5,2903E-02	3,726E-02
	L x E	2,187E-02	,012	,833	-2,2106E-02	6,584E-02
	L x Du	-2,7752E-02	,012	,641	-7,3835E-02	1,833E-02
	L/E x Pi	1,111E-02	,011	,995	-3,1719E-02	5,393E-02
	E x Ha/Pi	1,542E-03	,014	1,000	-4,9694E-02	5,278E-02
	S x S	-5,7694E-02*	,015	,043	-,1145	-8,6860E-04
	S x E	-7,2824E-02*	,015	,002	-,1304	-1,5276E-02
L/E x Pi	L x L	-1,8930E-02	,013	,950	-6,7518E-02	2,966E-02
	L x E	1,076E-02	,013	,998	-3,6802E-02	5,833E-02
	L x Du	-3,8858E-02	,013	,274	-8,8378E-02	1,066E-02
	L x Pi	-1,1106E-02	,011	,995	-5,3931E-02	3,172E-02
	E x Ha/Pi	-9,5637E-03	,014	1,000	-6,3912E-02	4,478E-02
	S x S	-6,8801E-02*	,016	,009	-,1284	-9,1531E-03
	S x E	-8,3930E-02*	,016	,000	-,1443	-2,3594E-02
E x Ha/Pi	L x L	-9,3659E-03	,015	1,000	-6,5509E-02	4,678E-02
	L x E	2,033E-02	,015	,964	-3,4933E-02	7,559E-02
	L x Du	-2,9294E-02	,015	,806	-8,6245E-02	2,766E-02
	L x Pi	-1,5423E-03	,014	1,000	-5,2779E-02	4,969E-02
	L/E x Pi	9,564E-03	,014	1,000	-4,4785E-02	6,391E-02
	S x S	-5,9237E-02	,017	,123	-,1252	6,710E-03
	S x E	-7,4366E-02*	,018	,015	-,1409	-7,7959E-03
S x S	L x L	4,987E-02	,016	,228	-1,1416E-02	,1112
	L x E	7,956E-02*	,016	,001	1,908E-02	,1400
	L x Du	2,994E-02	,016	,854	-3,2085E-02	9,197E-02
	L x Pi	5,769E-02*	,015	,043	8,686E-04	,1145
	L/E x Pi	6,880E-02*	,016	,009	9,153E-03	,1284
	E x Ha/Pi	5,924E-02	,017	,123	-6,7102E-03	,1252
	S x E	-1,5129E-02	,019	,999	-8,6091E-02	5,583E-02
S x E	L x L	6,500E-02*	,016	,031	3,044E-03	,1270
	L x E	9,469E-02*	,016	,000	3,354E-02	,1558
	L x Du	4,507E-02	,017	,396	-1,7618E-02	,1078
	L x Pi	7,282E-02*	,015	,002	1,528E-02	,1304
	L/E x Pi	8,393E-02*	,016	,000	2,359E-02	,1443
	E x Ha/Pi	7,437E-02*	,018	,015	7,796E-03	,1409
	S x S	1,513E-02	,019	,999	-5,5833E-02	8,609E-02

* Die mittlere Differenz ist auf der Stufe 0,05 signifikant.

Tabelle A-8: Multiple Mittelwertvergleiche / Merkmal: Remission (%)

Scheffé-Prozedur

(I) Genotyp	(J) Genotyp	Mittlere Differenz (I-J)	Standardfehler	Signifikanz	95%-Konfidenzintervall	
					Untergrenze	Obergrenze
L x L	L x E	-1,8823	,659	,320	-4,3651	,6005
	L x Du	-4,7509*	,684	,000	-7,3277	-2,1741
	L x Pi	-1,3873	,599	,615	-3,6436	,8690
	L/E x Pi	-1,4479	,645	,655	-3,8798	,9840
	E x Ha/Pi	-6,5256*	,745	,000	-9,3356	-3,7156
	S x S	-5,4403*	,814	,000	-8,5078	-2,3729
	S x E	-4,4250*	,823	,000	-7,5260	-1,3240
L x E	L x L	1,8823	,659	,320	-,6005	4,3651
	L x Du	-2,8686*	,671	,012	-5,3971	-,3401
	L x Pi	,4951	,584	,998	-1,7059	2,6960
	L/E x Pi	,4344	,632	1,000	-1,9463	2,8151
	E x Ha/Pi	-4,6433*	,734	,000	-7,4091	-1,8775
	S x S	-3,5580*	,803	,007	-6,5850	-,5310
	S x E	-2,5427	,812	,203	-5,6037	,5183
L x Du	L x L	4,7509*	,684	,000	2,1741	7,3277
	L x E	2,8686*	,671	,012	,3401	5,3971
	L x Pi	3,3636*	,612	,000	1,0572	5,6701
	L/E x Pi	3,3030*	,657	,001	,8245	5,7815
	E x Ha/Pi	-1,7747	,756	,599	-4,6252	1,0757
	S x S	-,6894	,824	,998	-3,7940	2,4151
	S x E	,3259	,832	1,000	-2,8118	3,4636
L x Pi	L x L	1,3873	,599	,615	-,8690	3,6436
	L x E	-,4951	,584	,998	-2,6960	1,7059
	L x Du	-3,3636*	,612	,000	-5,6701	-1,0572
	L/E x Pi	-6,0632E-02	,569	1,000	-2,2041	2,0828
	E x Ha/Pi	-5,1384*	,680	,000	-7,7028	-2,5739
	S x S	-4,0531*	,755	,000	-6,8973	-1,2089
	S x E	-3,0377*	,764	,029	-5,9181	-,1574
L/E x Pi	L x L	1,4479	,645	,655	-,9840	3,8798
	L x E	-,4344	,632	1,000	-2,8151	1,9463
	L x Du	-3,3030*	,657	,001	-5,7815	-,8245
	L x Pi	6,063E-02	,569	1,000	-2,0828	2,2041
	E x Ha/Pi	-5,0777*	,722	,000	-7,7979	-2,3575
	S x S	-3,9924*	,792	,001	-6,9779	-1,0070
	S x E	-2,9771	,801	,057	-5,9970	4,275E-02
E x Ha/Pi	L x L	6,5256*	,745	,000	3,7156	9,3356
	L x E	4,6433*	,734	,000	1,8775	7,4091
	L x Du	1,7747	,756	,599	-1,0757	4,6252
	L x Pi	5,1384*	,680	,000	2,5739	7,7028
	L/E x Pi	5,0777*	,722	,000	2,3575	7,7979
	S x S	1,0853	,876	,981	-2,2154	4,3860
	S x E	2,1006	,884	,582	-1,2313	5,4325
S x S	L x L	5,4403*	,814	,000	2,3729	8,5078
	L x E	3,5580*	,803	,007	,5310	6,5850
	L x Du	,6894	,824	,998	-2,4151	3,7940
	L x Pi	4,0531*	,755	,000	1,2089	6,8973
	L/E x Pi	3,9924*	,792	,001	1,0070	6,9779
	E x Ha/Pi	-1,0853	,876	,981	-4,3860	2,2154
	S x E	1,0153	,942	,992	-2,5364	4,5670
S x E	L x L	4,4250*	,823	,000	1,3240	7,5260
	L x E	2,5427	,812	,203	-,5183	5,6037
	L x Du	-,3259	,832	1,000	-3,4636	2,8118
	L x Pi	3,0377*	,764	,029	,1574	5,9181
	L/E x Pi	2,9771	,801	,057	-4,2747E-02	5,9970
	E x Ha/Pi	-2,1006	,884	,582	-5,4325	1,2313
	S x S	-1,0153	,942	,992	-4,5670	2,5364

* Die mittlere Differenz ist auf der Stufe 0,05 signifikant.

Tabelle A-9: Multiple Mittelwertvergleiche / Merkmal: Intramuskulärer Fettgehalt (%)

Scheffé-Prozedur

(I) Genotyp	(J) Genotyp	Mittlere Differenz (I-J)	Standardfehler	Signifikanz	95%-Konfidenzintervall	
					Untergrenze	Obergrenze
L x L	L x E	,1799	,164	,991	-,4387	,7986
	L x Du	-,5708	,153	,056	-1,1483	6,765E-03
	L x Pi	,1902	,147	,975	-,3651	,7456
	L/E x Pi	,2107	,150	,960	-,3550	,7765
	E x Ha/Pi	,3132	,150	,735	-,2526	,8789
	S x S	-,4040	,162	,516	-1,0166	,2085
	S x E	-,3924	,165	,584	-1,0175	,2328
L x E	L x L	-,1799	,164	,991	-,7986	,4387
	L x Du	-,7507*	,171	,009	-1,3973	-,1041
	L x Pi	1,030E-02	,166	1,000	-,6165	,6371
	L/E x Pi	3,081E-02	,168	1,000	-,6052	,6669
	E x Ha/Pi	,1333	,168	,999	-,5028	,7693
	S x S	-,5840	,179	,162	-1,2620	9,403E-02
	S x E	-,5723	,182	,202	-1,2617	,1171
L x Du	L x L	,5708	,153	,056	-6,7651E-03	1,1483
	L x E	,7507*	,171	,009	,1041	1,3973
	L x Pi	,7610*	,155	,001	,1747	1,3473
	L/E x Pi	,7815*	,158	,001	,1854	1,3776
	E x Ha/Pi	,8840*	,158	,000	,2878	1,4801
	S x S	,1667	,170	,995	-,4740	,8074
	S x E	,1784	,173	,994	-,4744	,8312
L x Pi	L x L	-,1902	,147	,975	-,7456	,3651
	L x E	-1,0303E-02	,166	1,000	-,6371	,6165
	L x Du	-,7610*	,155	,001	-1,3473	-,1747
	L/E x Pi	2,051E-02	,152	1,000	-,5541	,5952
	E x Ha/Pi	,1229	,152	,999	-,4517	,6976
	S x S	-,5943	,164	,074	-1,2151	2,649E-02
	S x E	-,5826	,168	,102	-1,2158	5,061E-02
L/E x Pi	L x L	-,2107	,150	,960	-,7765	,3550
	L x E	-3,0813E-02	,168	1,000	-,6669	,6052
	L x Du	-,7815*	,158	,001	-1,3776	-,1854
	L x Pi	-2,0510E-02	,152	1,000	-,5952	,5541
	E x Ha/Pi	,1024	,155	1,000	-,4823	,6871
	S x S	-,6148	,167	,063	-1,2449	1,530E-02
	S x E	-,6031	,170	,087	-1,2455	3,924E-02
E x Ha/Pi	L x L	-,3132	,150	,735	-,8789	,2526
	L x E	-,1333	,168	,999	-,7693	,5028
	L x Du	-,8840*	,158	,000	-1,4801	-,2878
	L x Pi	-,1229	,152	,999	-,6976	,4517
	L/E x Pi	-,1024	,155	1,000	-,6871	,4823
	S x S	-,7172*	,167	,012	-1,3473	-8,7137E-02
	S x E	-,7056*	,170	,018	-1,3479	-6,3204E-02
S x S	L x L	,4040	,162	,516	-,2085	1,0166
	L x E	,5840	,179	,162	-9,4030E-02	1,2620
	L x Du	-,1667	,170	,995	-,8074	,4740
	L x Pi	,5943	,164	,074	-2,6495E-02	1,2151
	L/E x Pi	,6148	,167	,063	-1,5302E-02	1,2449
	E x Ha/Pi	,7172*	,167	,012	8,714E-02	1,3473
	S x E	1,168E-02	,181	1,000	-,6722	,6956
S x E	L x L	,3924	,165	,584	-,2328	1,0175
	L x E	,5723	,182	,202	-,1171	1,2617
	L x Du	-,1784	,173	,994	-,8312	,4744
	L x Pi	,5826	,168	,102	-5,0608E-02	1,2158
	L/E x Pi	,6031	,170	,087	-3,9235E-02	1,2455
	E x Ha/Pi	,7056*	,170	,018	6,320E-02	1,3479
	S x S	-1,1680E-02	,181	1,000	-,6956	,6722

*Die mittlere Differenz ist auf der Stufe 0,05 signifikant

Tabelle A-10: Test bei unabhängigen Stichproben / geschlechterspezifischer Unterschied in den Prüfmerkmalen

Prüfmerkmal		Levene-Test der Varianzgleichheit		T-Test für die Mittelwertgleichheit						
		F	Signifikanz	T	df	Sig. (2-seitig)	Mittlere Differenz	Standardfehler der Differenz	95% Konfidenzintervall der Differenz	
								Untere	Obere	
Schlachtkörperwärmemasse(kg)	Varianzen sind gleich	,469	,494	2,877	459	,004	2,2263	,7739	,7055	3,7471
	Varianzen sind nicht gleich			2,866	436,517	,004	2,2263	,7767	,6996	3,7529
Rel.Muskelfleischanteil (%)	Varianzen sind gleich	,379	,539	-3,908	459	,000	-1,4674	,3755	-2,2052	-,7295
	Varianzen sind nicht gleich			-3,922	448,986	,000	-1,4674	,3741	-2,2026	-,7321
Rückenspeckdicke (mm)	Varianzen sind gleich	1,172	,280	3,720	422	,000	2,1893	,5885	1,0324	3,3461
	Varianzen sind nicht gleich			3,751	420,623	,000	2,1893	,5837	1,0420	3,3365
pH ₁	Varianzen sind gleich	,440	,507	-1,375	454	,170	-5,1264E-02	3,728E-02	-,1245	2,199E-02
	Varianzen sind nicht gleich			-1,367	426,051	,172	-5,1264E-02	3,750E-02	-,1250	2,245E-02
Lf ₁	Varianzen sind gleich	1,101	,295	1,826	448	,068	,2258	,1236	-1,7173E-02	,4687
	Varianzen sind nicht gleich			1,882	446,727	,060	,2258	,1199	-9,9563E-03	,4615
pH ₂	Varianzen sind gleich	,133	,715	-,775	454	,439	-1,5780E-02	2,036E-02	-5,5784E-02	2,422E-02
	Varianzen sind nicht gleich			-,771	429,627	,441	-1,5780E-02	2,047E-02	-5,6010E-02	2,445E-02
Locker gebundenes Wasser	Varianzen sind gleich	1,665	,198	-,832	454	,406	-6,0717E-03	7,297E-03	-2,0412E-02	8,269E-03
	Varianzen sind nicht gleich			-,839	450,820	,402	-6,0717E-03	7,238E-03	-2,0297E-02	8,154E-03
Remission	Varianzen sind gleich	,336	,563	,649	454	,517	,2557	,3942	-,5190	1,0303
	Varianzen sind nicht gleich			,650	443,402	,516	,2557	,3934	-,5175	1,0288
Intramuskulärer Fettgehalt (%)	Varianzen sind gleich	,910	,341	3,389	299	,001	,2932	8,652E-02	,1230	,4635
	Varianzen sind nicht gleich			3,414	297,139	,001	,2932	8,589E-02	,1242	,4623

Tabelle A-11: Korrelationskoeffizient zwischen den Prüfmerkmalen unter alleiniger Berücksichtigung der Prüfpopulation L x L
(Anzahl der Merkmalspaare in Klammern)

	SWG	MF%	RSD	IMF%	pH ₁	Lf ₁	pH ₂	lgW
MF%	-0,04 (60)							
RSD	0,30* (58)	-0,88* (58)						
IMF%	-0,14 (47)	-0,60* (47)	0,43* (45)					
pH₁	0,13 (60)	-0,11 (60)	-0,03 (58)	0,24 (47)				
Lf₁	0,32* (60)	-0,02 (60)	0,24 (58)	0,17 (47)	-0,30* (60)			
pH₂	0,15 (60)	-0,08 (60)	0,05 (58)	0,24 (47)	0,36* (60)	0,00 (60)		
lgW	-0,06 (60)	-0,05 (60)	-0,06 (58)	0,12 (47)	-0,15 (60)	0,13 (60)	-0,26* (60)	
Remission	0,14 (60)	0,05 (60)	-0,13 (58)	-0,03 (47)	-0,10 (60)	0,05 (60)	-0,28* (60)	0,22 (60)

Tabelle A-12: Korrelationskoeffizient zwischen den Prüfmerkmalen unter alleiniger Berücksichtigung der Prüfpopulation L x E
(Anzahl der Merkmalspaare in Klammern)

	SWG	MF%	RSD	IMF%	pH ₁	Lf ₁	pH ₂	lgW
MF%	-0,16 (65)							
RSD	0,42* (58)	-0,87* (58)						
IMF%	0,05 (30)	-0,09 (30)	0,08 (23)					
pH₁	0,02 (65)	-0,08 (65)	0,11 (58)	-0,16 (30)				
Lf₁	0,01 (65)	-0,16 (65)	0,01 (58)	-0,30 (30)	-0,32* (65)			
pH₂	0,15 (65)	-0,15 (65)	0,12 (58)	-0,06 (30)	0,09 (65)	0,07 (65)		
lgW	-0,07 (65)	-0,07 (65)	0,13 (58)	0,36 (30)	-0,21 (65)	0,19 (65)	-0,21 (65)	
Remission	-0,25 (65)	-0,16 (65)	0,08 (58)	-0,01 (30)	0,09 (65)	-0,04 (65)	-0,32* (65)	0,16 (65)

r Pearson'scher Korrelationskoeffizient

Die Korrelation ist auf dem Niveau von 0,05 (2-seitig) signifikant.

SWG Schlachtkörperwarmmasse

RSD Rückenspeckdicke

lgW locker gebundenes Wasser

Tabelle A-13: Korrelationskoeffizient zwischen den Prüfmerkmalen unter alleiniger Berücksichtigung der Prüfpopulation L x Du
(Anzahl der Merkmalspaare in Klammern)

	SWG	MF%	RSD	IMF%	pH ₁	Lf ₁	pH ₂	IgW
MF%	-0,14 (61)							
RSD	0,61* (61)	-0,52* (61)						
IMF%	0,12 (38)	-0,26 (38)	0,13 (38)					
pH₁	0,09 (56)	-0,06 (56)	0,02 (56)	-0,16 (34)				
Lf₁	-0,01 (56)	0,03 (56)	-0,08 (56)	0,08 (34)	-0,35* (56)			
pH₂	-0,11 (56)	-0,01 (56)	-0,08 (56)	0,60* (38)	0,18 (51)	-0,09 (51)		
IgW	-0,31* (56)	-0,03 (56)	-0,11 (56)	-0,17 (38)	-0,38* (51)	0,01 (51)	-0,17 (56)	
Remission	-0,03 (56)	0,18 (56)	-0,08 (56)	-0,43* (38)	0,00 (51)	-0,04 (51)	-0,59* (56)	0,06 (56)

Tabelle A-14: Korrelationskoeffizient zwischen den Prüfmerkmalen unter alleiniger Berücksichtigung der Prüfpopulation L x Pi
(Anzahl der Merkmalspaare in Klammern)

	SWG	MF%	RSD	IMF%	pH ₁	Lf ₁	pH ₂	IgW
MF%	-0,40* (102)							
RSD	0,69* (89)	-0,90* (89)						
IMF%	-0,09 (44)	-0,31* (44)	0,40* (31)					
pH₁	0,16 (102)	-0,20 (102)	0,19 (89)	0,25 (44)				
Lf₁	-0,16 (96)	0,20 (96)	-0,15 (83)	-0,18 (42)	-0,50* (96)			
pH₂	-0,02 (102)	-0,30* (102)	0,42* (89)	0,26 (44)	0,45* (102)	-0,21* (96)		
IgW	-0,37* (102)	0,25* (102)	-0,36* (89)	0,12 (44)	-0,10 (102)	0,18 (96)	-0,10 (102)	
Remission	-0,12 (102)	0,13 (102)	-0,23* (89)	0,02 (44)	-0,22* (102)	0,16 (96)	-0,36* (102)	0,30* (102)

r Pearson'scher Korrelationskoeffizient

* Die Korrelation ist auf dem Niveau von 0,05 (2-seitig) signifikant.

SWG Schlachtkörperwarmmasse

RSD Rückenspeckdicke

IgW locker gebundenes Wasser

Tabelle A-15: Korrelationskoeffizient zwischen den Prüfmerkmalen unter alleiniger Berücksichtigung der Prüfpopulation L/E x Pi
(Anzahl der Merkmalspaare in Klammern)

	SWG	MF%	RSD	IMF%	pH ₁	Lf ₁	pH ₂	lgW
MF%	-0,48* (71)							
RSD	0,68* (56)	-0,90* (56)						
IMF%	-0,12 (41)	0,01 (41)	-0,06 (26)					
pH₁	0,22 (71)	-0,22 (71)	0,15 (56)	-0,01 (41)				
Lf₁	-0,19 (71)	0,17 (71)	-0,21 (56)	0,05 (41)	-0,41* (71)			
pH₂	-0,15 (71)	-0,08 (71)	0,01 (56)	0,09 (41)	0,39* (71)	0,08 (71)		
lgW	-0,18 (71)	0,16 (71)	-0,23 (56)	0,13 (41)	-0,23 (71)	0,26* (71)	-0,22 (71)	
Remission	-0,11 (71)	0,15 (71)	-0,06 (56)	0,16 (41)	-0,33* (71)	0,11 (71)	-0,26* (71)	0,07 (71)

Tabelle A-16: Korrelationskoeffizient zwischen den Prüfmerkmalen unter alleiniger Berücksichtigung der Prüfpopulation E x Ha/Pi
(Anzahl der Merkmalspaare in Klammern)

	SWG	MF%	RSD	IMF%	pH ₁	Lf ₁	pH ₂	lgW
MF%	0,22 (41)							
RSD	-0,01 (41)	-0,91* (41)						
IMF%	0,08 (41)	-0,11 (41)	0,13 (41)					
pH₁	0,07 (41)	0,28 (41)	-0,28 (41)	-0,70 (41)				
Lf₁	0,12 (41)	0,11 (41)	-0,23 (41)	-0,33* (41)	0,04 (41)			
pH₂	-0,15 (41)	0,04 (41)	-0,07 (41)	0,12 (41)	0,37* (41)	-0,07 (41)		
lgW	0,19 (41)	0,10 (41)	-0,01 (41)	0,06 (41)	-0,41* (41)	-0,02 (41)	-0,36* (41)	
Remission	0,06 (41)	0,20 (41)	-0,17 (41)	-0,21 (41)	-0,14 (41)	0,10 (41)	-0,29 (41)	0,17 (41)

r Pearson'scher Korrelationskoeffizient

* Die Korrelation ist auf dem Niveau von 0,05 (2-seitig) signifikant.

SWG Schlachtkörperwarmmasse

RSD Rückenspeckdicke

lgW locker gebundenes Wasser

Tabelle A-17: Korrelationskoeffizient zwischen den Prüfmerkmalen unter alleiniger Berücksichtigung der Prüfpopulation S x S
(Anzahl der Merkmalspaare in Klammern)

	SWG	MF%	RSD	IMF%	pH ₁	Lf ₁	pH ₂	IgW
MF%	0,09 (31)							
RSD	0,50* (31)	-0,22 (31)						
IMF%	0,23 (31)	-0,09 (31)	0,10 (31)					
pH₁	-0,10 (31)	-0,09 (31)	-0,28 (31)	0,27 (31)				
Lf₁	0,41* (31)	0,28 (31)	0,20 (31)	-0,13 (31)	-0,20 (31)			
pH₂	-0,35 (31)	-0,24 (31)	-0,07 (31)	0,13 (31)	0,05 (31)	-0,41* (31)		
IgW	0,16 (31)	0,23 (31)	-0,10 (31)	0,23 (31)	-0,11 (31)	0,04 (31)	-0,02 (31)	
Remission	-0,11 (31)	0,27 (31)	-0,40* (31)	-0,37* (31)	0,07 (31)	0,04 (31)	-0,47* (31)	-0,32 (31)

Tabelle A-18: Korrelationskoeffizient zwischen den Prüfmerkmalen unter alleiniger Berücksichtigung der Prüfpopulation S x E
(Anzahl der Merkmalspaare in Klammern)

	SWG	MF%	RSD	IMF%	pH ₁	Lf ₁	pH ₂	IgW
MF%	-0,08 (30)							
RSD	0,53* (30)	-0,54* (30)						
IMF%	0,13 (29)	-0,13 (29)	0,14 (29)					
pH₁	-0,15 (30)	0,04 (30)	-0,33 (30)	-0,19 (29)				
Lf₁	-0,04 (30)	0,28 (30)	-0,13 (30)	-0,23 (29)	-0,10 (30)			
pH₂	-0,44* (30)	-0,13 (30)	-0,24 (30)	-0,28 (29)	0,34 (30)	-0,03 (30)		
IgW	-0,03 (30)	0,25 (30)	0,02 (30)	0,08 (29)	-0,23 (30)	0,42* (30)	-0,45* (30)	
Remission	0,02 (30)	0,25 (30)	-0,35 (30)	-0,02 (29)	0,07 (30)	0,21 (30)	-0,01 (30)	0,27 (30)

r Pearson'scher Korrelationskoeffizient

* Die Korrelation ist auf dem Niveau von 0,05 (2-seitig) signifikant.

SWG Schlachtkörperwarmmasse

RSD Rückenspeckdicke

IgW locker gebundenes Wasser

Tabelle A-19: Vergleichende Darstellung der Einstufung in die Qualitätsklassen durch die Prüfmerkmale pH₁ und Remission

Qualitätsklassen nach Remissionswert	Qualitätsklassen nach pH ₁ -Wert						Gesamt	
	PSE		PSE-Verdacht		Normal		n	%
	n	%	n	%	n	%		
PSE	-	-	-	-	6	2	6	1
Normal	16	94	18	100	405	97	439	98
DFD	1	6	-	-	5	1	6	1
Gesamt	17	4	18	4	416	92	451	100

Tabelle A-20: Vergleichende Darstellung der Einstufung in die Qualitätsklassen durch die Prüfmerkmale pH₂ und Remission

Qualitätsklassen nach Remissionswert	Qualitätsklassen nach pH ₂ -Wert						Gesamt	
	PSE		Normal		DFD		n	%
	n	%	n	%	n	%		
PSE	-	-	6	2	-	-	6	1
Normal	77	98	362	97	5	100	444	98
DFD	2	2	4	1	-	-	6	1
Gesamt	79	17	372	82	5	1	456	100

Tabelle A-21: Vergleichende Darstellung der Einstufung in die Qualitätsklassen durch die Prüfmerkmale pH₁ und locker gebundenes Wasser

Qualitätsklassen nach Wert IgW	Qualitätsklassen nach pH ₁ -Wert						Gesamt	
	PSE		PSE-Verdacht		Normal		n	%
	n	%	n	%	n	%		
PSE	-	-	2	11	23	5	25	6
Normal	17	100	16	89	382	92	415	92
DFD	-	-	-	-	11	2	11	2
Gesamt	17	4	18	4	416	92	451	100

IgW

locker gebundenes Wasser

Tabelle A-22: Vergleichende Darstellung der Einstufung in die Qualitätsklassen durch die Prüfmerkmale pH₂ und locker gebundenes Wasser

Qualitätsklassen nach IgW-Wert	Qualitätsklassen nach pH ₂ -Wert						Gesamt	
	PSE		Normal		DFD		n	%
	n	%	n	%	n	%		
PSE	11	14	14	4	-	-	25	6
Normal	66	84	350	94	4	80	420	92
DFD	2	2	8	2	1	20	11	2
Gesamt	79	17	372	82	5	1	456	100

IgW

locker gebundenes Wasser