



Berichte über Landwirtschaft

Zeitschrift für Agrarpolitik und Landwirtschaft

BAND 95 | Ausgabe 3

Dezember 2017

AGRARWISSENSCHAFT
FORSCHUNG
—
PRAXIS

Die Körpergröße der Holsteinkühe – eine kritische Bewertung aus der Blickrichtung der Züchtung und des Tierwohls

Von Wilfried Brade

1 Einleitung

Die Körpergröße gilt als ein hoch heritables Merkmal, das durch eine Vielzahl von Genen beeinflusst wird (Marouli et al., 2017). Zugehörige Mittelwerte sowie vorliegende Verteilungen der Messwerte - in Abhängigkeit von der Rasse, dem Alter bzw. Geschlecht der Tiere - sind für die Stallplatzgestaltung (Liegeboxengröße, Fressplatzbreite etc.) oder bei der Konstruktion von Melkplätzen enorm wichtig. Die Körpergröße eines Tieres ist ein einfach erfassbares Merkmal. Ihre Ermittlung erfolgt bei Deutschen Holsteinrindern üblicherweise (standardisiert) durch Messung über dem Kreuzbein in der 1. Laktation im Rahmen der Exterieurbeurteilung (Abb. 1). In zahlreichen anderen Holsteinzuchten (z.B. Neuseeland) bzw. anderen Rassen (z.B. Ayrshire) wird sie vorzugsweise als Widerristhöhe bestimmt. Die Körpergröße gehört zu den hoch heritablen Merkmalen. Der Grund dafür ist, dass sie zu einem überwiegenden Teil durch die Veranlagung eines Tieres bestimmt wird und außerdem zuverlässig zu ermitteln ist.

Im Zuchtziel für Deutsche Holsteins wird eine mittlere Größe von 142 bis 153 cm (bei primiparen Kühen) bzw. 145 bis 156 (bei multiparen Kühen) angestrebt (nach Angaben des Deutschen Holsteinverbandes [DHV, 2013]). Für extreme Unter- und Übergrößen werden in der (Gesamt)-Exterieurbewertung wiederum Abzüge vorgenommen, wobei zu kleine Kühe einen stärkeren Punktabzug erhalten als zu große Kühe (DHV, 2013).



Abbildung 1: Ermittlung der Körpergröße von Jungkühen (nach Angaben des DHV)

Bei der Bewertung der Körpergröße sind generell das Alter und Geschlecht des Tieres, die Rasse und weitere genetische Faktoren (z.B. Heterosiseffekte bei Kreuzungstieren), das Ernährungsniveau (speziell in der Aufzucht), das Erstkalbealter, maternale Effekte sowie vor allem auch die Art der Merkmalerfassung (direkte Messung oder alternativ die subjektive Bewertung) zu berücksichtigen.

Im nachfolgenden Beitrag sollen der aktuelle Kenntnisstand der genetischen Determinierung der Körpergröße sowie bestehende Zusammenhänge zu weiteren wichtigen Nutzeigenschaften in der Milchrinderzucht aufgezeigt werden.

2 Aktuelle molekulargenetischer Kenntnisse

Die Körpergröße gilt als ein klassisches polygenes Merkmal mit einer typischen Normalverteilung der Messwerte um das zugehörige Mittel. Aktuelle Basis der molekulargenetischen Erfassung vorhandener Variationen (innerhalb und zwischen Populationen) auf DNS-Ebene¹ sind zugehörige Einzelnukleotid-Polymorphismen (= Punktmutationen; engl.: Single Nucleotide Polymorphisms, SNPs) (Abb. 2). Die DNS ist ein in allen höheren Lebewesen vorkommendes Biomolekül (= im Zellkern jeder lebenden Zelle) und die Trägerin der Erbinformation. Sie enthält unter anderem die Gene, die Proteine codieren, welche für die biologische Entwicklung eines Organismus und den Stoffwechsel in der Zelle notwendig sind. Im Normalzustand ist die DNS in Form einer Doppelhelix organisiert; vereinfacht ausgedrückt: ein „Original-Strang“ und ein „Komplementär-Strang“ sind spiralförmig verknüpft. Veränderungen (= Variationen) einzelner Basenpaare in einem DNS-Strang sind die interessierenden SNPs

Beispiel: Die Abfolge der Basen im „Original-Strang“ ist üblicherweise: AAGCCTA. Eine Veränderung der Basenabfolge in AAGCTTA führt zu einer Variation im DNS-Strang (Abb. 2).

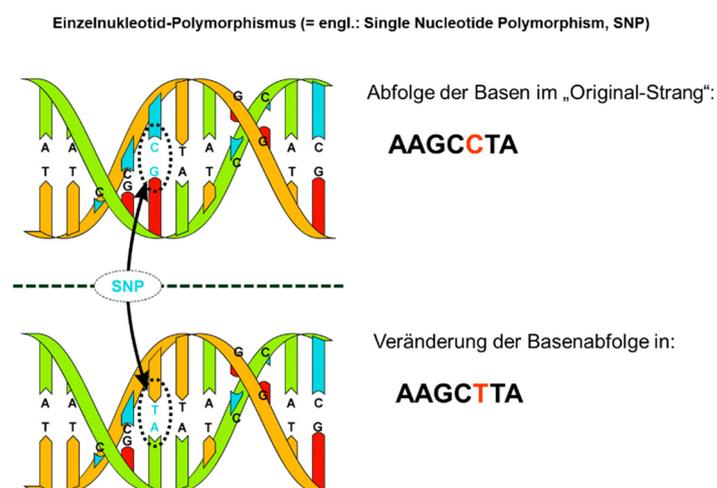


Abbildung 2: Darstellung eines SNP auf DNS-Ebene (eigene Darstellung)

¹ Desoxyribonukleinsäure (kurz: DNS)

In der Tat sind zwischenzeitlich - vor allem auch durch den enormen Erkenntniszuwachs in der Humangenetik und deren Übertragung auf die Nutztiergenetik - eine Vielzahl von SNPs (praktisch auf allen Chromosomen des Rindes) nachgewiesen, die mit der Körpergröße (adulter) Tiere in Beziehung stehen (Bolorma et al., 2011; Cole et al., 2011; Pryce et al., 2011). Tan (2013) hat 50 SNPs - einschließlich die zugehörigen Chromosomen und Basen-Paar-Positionen - tabelliert, die für die Neuseeländische Holstein-Population zu nennen sind. Auch die Körpergröße des Menschen ist weitgehend im Erbgut determiniert und folgt einer klassischen Normalverteilung (Abb. 3).

Welche Gene das Wachstum bestimmen, ist leider auch in der Humangenetik nur ansatzweise bekannt. Nach einer Studie von Wood et al. (2014) dürften hunderte, wenn nicht gar Tausende von Genvarianten einen Einfluss auf die Größe adulter Menschen haben.

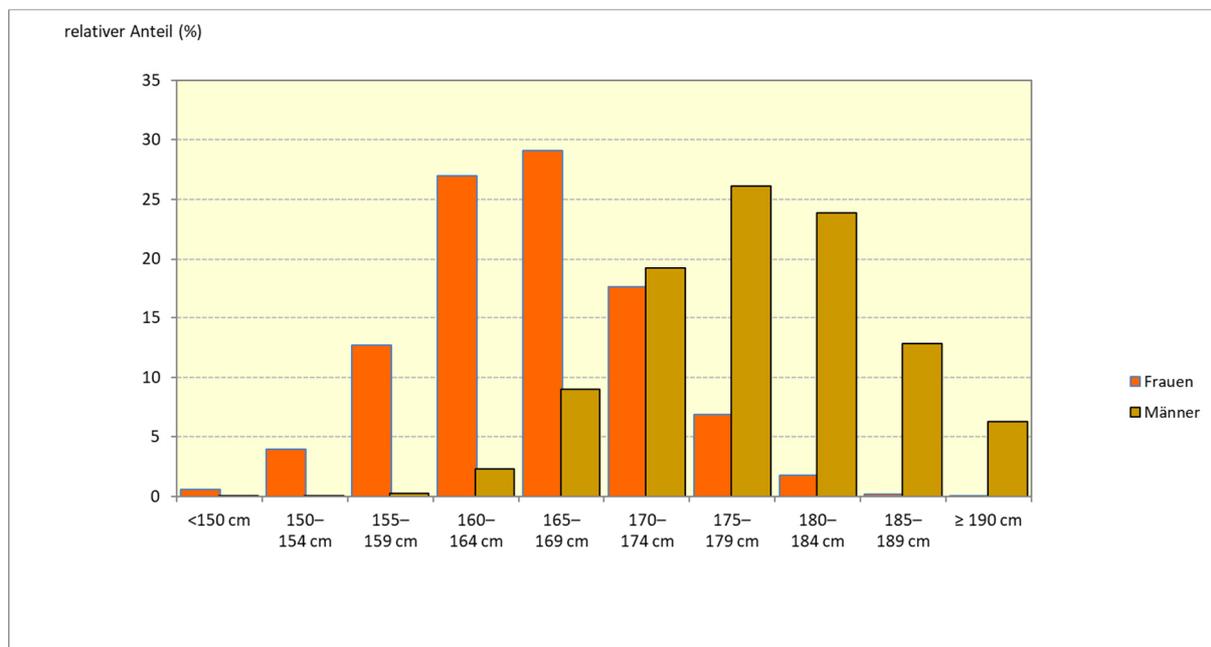


Abbildung 3: Verteilung der Körpergrößen bei Menschen nach Geschlecht in Deutschland im Jahr 2006; Quelle: Statistisches Bundesamt (eigene Grafik)

In einer früheren genom-weiten Assoziationsstudie (GWAS) an 183.727 Menschen waren bereits 180 SNPs belegt worden (Lango Allen et al., 2010).

Die Untersuchung von Wood et al. (2014) steigert die Zahl auf 697 SNPs, die auf 423 Loci, also auf oder nahe bekannten Genen, gefunden werden. Jedoch selbst diese hohe Zahl an SNPs erklärt nicht vollständig die adulte Körpergröße aus humangenetischer Sicht. Man vermutet, dass mit zunehmender Zuverlässigkeit der GWAS in Zukunft noch weitere SNPs gefunden werden, die jedes für sich genommen wahrscheinlich einen immer kleineren Einfluss auf die Körpergröße haben.

Die Aussicht auf einen sehr genauen Gentest, mit dem sich beispielsweise Wachstumsstörungen frühzeitig am neugeborenen Kind erkennen lassen, dürfte deshalb (vorerst) noch gering sein (Wood et

al., 2014). Einige der entdeckten Genvarianten zeigen gleichzeitig die enorme Bandbreite der möglichen Einflussfaktoren. So wurden SNPs im mTOR-Gen gefunden, das das Wachstum einzelner Zellen reguliert. Auch der Stoffwechsel von Kollagenen im Knochen und von Chondroitinsulfat im Knorpelgewebe sind ein möglicher Einflussfaktor, ebenso die Aktivität von Genen in der Epiphysenfuge der langen Röhrenknochen (Wood et al., 2014).

Pryce et al. (2011) zeigen, dass zahlreiche Genen, die mit der Größe beim Menschen korreliert sind, interessanterweise auch im Rindengenom wirken. Sie konnten mittels erfasster SNPs bereits nahe von acht dieser Gene gleichfalls signifikante Zusammenhänge mit der beobachteten Größe adulter Rindern zeigen. Dies berechtigt zur Schlussfolgerung, dass zahlreiche Gene, die an der Determination der Größe eines Menschen beteiligt sind, über verschiedene Säugetierarten wirken. Ponys weisen maximal ein Stockmaß von 148 Zentimetern auf. Liegt ihre Widerristhöhe darüber, zählen sie zu den Großpferden. Metzger et al. (2013) haben die genetischen Ursachen für die unterschiedlichen Körpergrößen bei Pferden detailliert untersucht und ein (Haupt-)Gen entdeckt, das das Größenwachstum – zumindest bei Pferden – beeinflusst.

Für das Größenwachstum der Pferde ist eine Mutation verantwortlich, die das Gen LCORL (= ligand-dependent nuclear receptor compressorlike protein) beeinflusst. Die veränderte Erbinformation bewirkt, dass das Gen bei großen Pferden seltener abgelesen wird als bei Ponys. Alle ursprünglichen Przewalski-Wildpferde tragen die Ponymutation in sich und auch die Vollblutaraber besitzen nur diese Genvariante (Metzger et al., 2013). Warmblutpferde zeigen eine große Spannweite in der Widerristhöhe und eine sehr große genetische Variation. Für fast die Hälfte dieser Variation ist die regulatorische Mutation für das Gen LCORL mit verantwortlich. Die kleineren Warmblutpferde sind homozygot für die Ponymutation, also reinerbig (Metzger et al., 2013).

Warmblutpferde im mittleren Bereich tragen die beiden genetischen Varianten, sind also heterozygot (mischerbig) und die großen Warmblutpferde sind homozygot für die Mutation der Großpferde. Bei großen Kaltblutpferderassen wie dem Rheinisch-Deutschen Kaltblut, Noriker und Süddeutschen Kaltblut gibt es keine Tiere mit der homozygoten Ponymutation (Metzger et al., 2013). Beim Menschen beeinflusst LCORL die Rumpf- und Hüftlänge; ist jedoch kein Hauptregulator für die Größe.

Sahana et al (2015) zeigen bei Norwegischen Roten Rindern gleichzeitig pleiotrope Beziehungen zwischen dem fötalen Wachstum bzw. der Schwer- und Totgeburtenrate und der adulten Körpergröße, an dem offensichtlich wiederum der LCORL-Locus beteiligt ist. Bereits Weedon und Frayling (2008) berichten über diesbezügliche Zusammenhänge zwischen der Körpergröße und dem fötalen Wachstum beim Menschen. Eine weitere Bestätigung der Beteiligung sowohl des LCORL- als auch des NCAPG-Locus beim Rind erfordert zweifellos noch eine weitere Untersuchung.

3 Populationsgenetische Kenngrößen und Beziehungen zu weiteren Merkmalen

Die Körpergröße weist im Vergleich zu anderen wichtigen Merkmalen in der Milchrinderzucht eine hohe Heritabilität aus (Abb. 4).

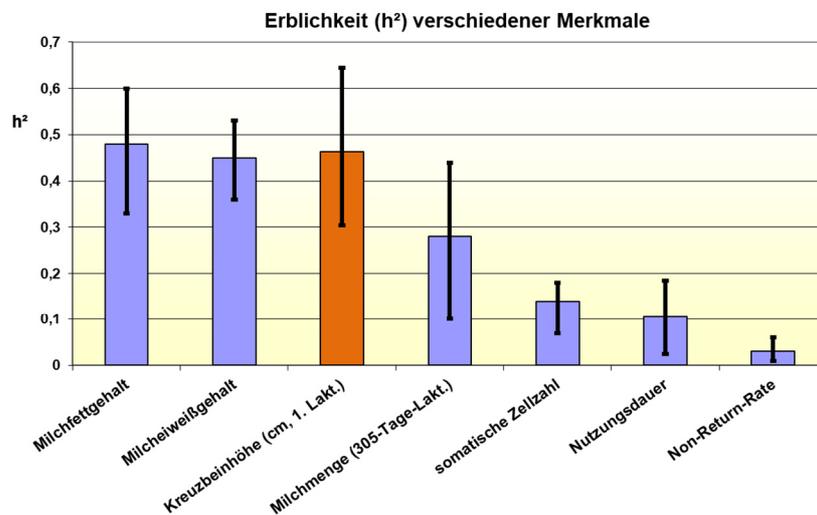


Abb. 4: Orientierungswerte für die Erblichkeit (h²) verschiedener Merkmale

Allerdings findet man erhebliche Unterschiede in verschiedenen Untersuchungen, deren Ursachen neben rassenbedingten Einflüssen vor allem in der Art und Weise der Merkmalerfassung (direkte Messung, subjektive Bewertung) bzw. in der Berücksichtigung nichtgenetischer Effekte im Auswertungsmodell zu suchen sind (Tab. 1).

Tab. 1: Heritabilitätsschätzungen (h²) für die Körpergröße bei Milchrindern*

Autor	Land/Region	Rasse	h ² ± s
Norman et al. (1988)	USA	Holstein (Jungkühe)	0,32
Mizstal et al. (1992)	USA	Holstein (Jungkühe)	0,42
Short und Lawlor (1992)	USA	registrierte Holstein	0,40
Ahlborn und Dempfle (1992)	Neuseeland (NZ)	NZ-Friesian	0,29±0,04
		Jersey	0,23±0,05
Brotherstone (1994)	UK	Holstein	0,48±0,03
Cue et al. (1996)	Neuseeland	NZ-Holstein	0,38±0,02
		Jersey	0,27±0,02
		Kreuzungen	0,40±0,02
Fürst-Waltl et al. (1998)	USA	Holstein	0,39
Parke et al. (1999)	Kanada	Holstein	0,42
Schrooten et al. (2000)	Niederlande	Holstein	0,60
Perez-Cabal et al. (2002)	Spanien	Holstein	0,43±0,01
Cassell (2009)	USA	Holstein	0,42
		Jersey	0,39
Brand et al. (2010)	Deutschland	Holstein	0,41
Zink et al. (2011)	Tschechien	Holstein	0,39±0,02

* Quelle: (23, intensiv ergänzt)

In der Tabelle 2 sind einige genetische Korrelationen (r_g) zusammengestellt, die erkennen lassen, dass die Körpergröße mit zahlreichen weiteren Eigenschaften verknüpft ist (Tab. 2)

Tab. 2: Genetische Korrelationen (r_g) zwischen Größe der Milchkuh und weiteren Merkmalen

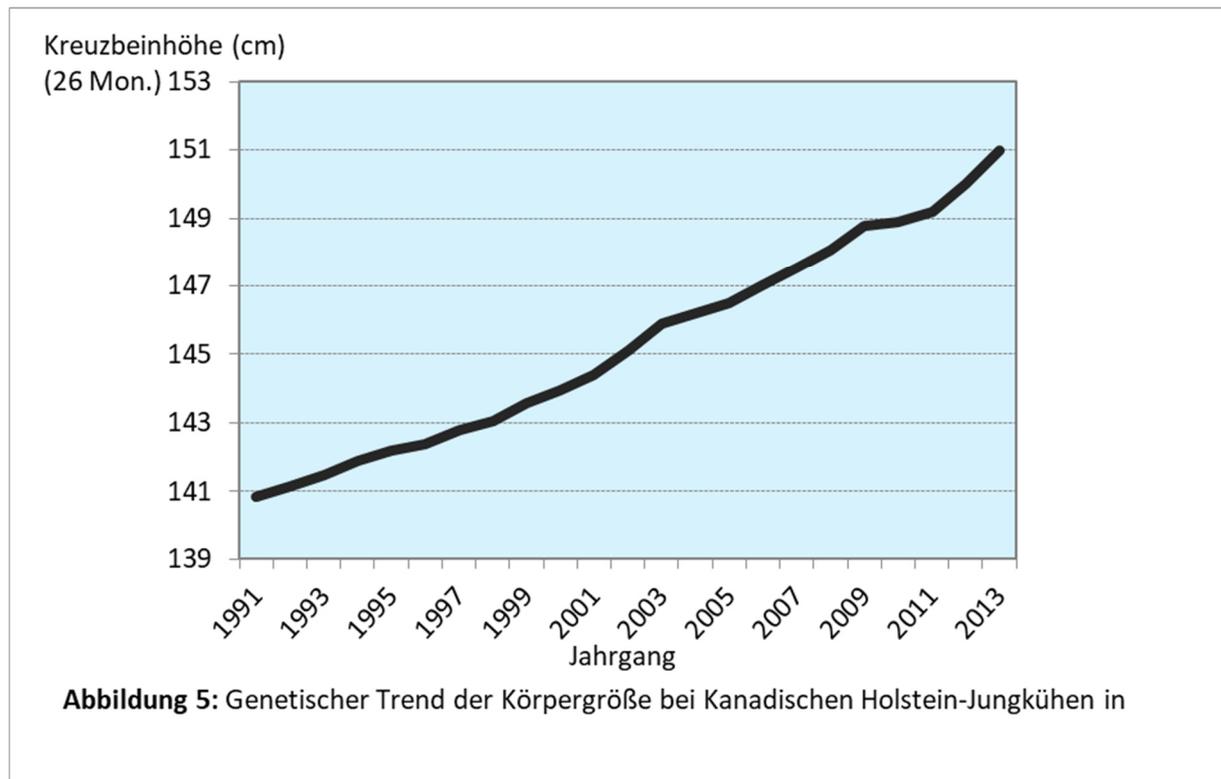
Autor	genetische Korrelation (r_g)				Anmerkung
	Milch-kg/Laktation	Lebendmasse (kg)*	DMI**	Nutzungsdauer***	
Norman et al (1988)	0,02				US-Gernsey-Jungkühe
Rogers et al. (1989)				-0,23 ¹⁾ -0,09 ²⁾	¹⁾ Überlebensrate bis zum 48. Monat; ²⁾ Überlebensrate bis zum 84. Monat
Short und Lowlor (1992)	0,01			-0,01 ¹⁾	Herdbuch- und Nichtherdbuch Holsteins (kombiniert); ¹⁾ Überlebensrate bis zum 84. Monat
Misztal et al. (1992)	0,06				US-Holstein-Jungkühe
Veerkamp und Brotherstone (1997)		0,52	0,13		Kühe und Färsen
Berry et al. (2004)	0,42	0,63			mittlere Körpermasse
Zwald (2013)	0,00			-0,44	US-Holsteins; Korrelation mit Trächtigkeitsrate $r = -0,27$
Beavers und Van Doormaal, 2016	0,13			0,00	Kanadische Erst-Kalbinnen (Holsteins)

Anm.: * bei Kalbung; ** DMI= dry matter intake (Trockenmasseaufnahme; Futter);

*** differenzierte Definitionen

Ein mäßiger (bis starker) genetischer Zusammenhang zwischen der Größe und der mittleren Körpermasse darf erwartet werden, da die Körpergröße die mittlere Körpermasse reflektiert (Veerkamp und Brotherstone, 1997; Tan, 2013; Zwald, 2013). Da die Körpergröße eine Komponente bei der Auslese nach dem ‚idealen‘ Holstein-Typ ist, geht diese Information auch in den sogenannten Conformation-Index (Typ-/Körper-Index) ein, der in zahlreichen Ländern, auch in Deutschland, zur Anwendung kommt.

Beavers und Van Doormaal (2016) berichten über eine Korrelation von $r = 0,30$ zwischen dem kanadischen Gesamtselektionsindex (LPI) und der Körpergröße. Ähnliche Beziehungen sind auch für den Deutschen Gesamtindex (RZG) und dem vom DHV definierten Milchtyp zu finden (Brade, 2006). Die Einbeziehung der Körpergröße in den Conformations-Index und damit in den Gesamtselektionsprozess führt - in Verbindung mit der vergleichsweise hohen Erblichkeit (h^2) des Merkmals - zu einer systematischen Zunahme der Körpergröße (Abb. 5).

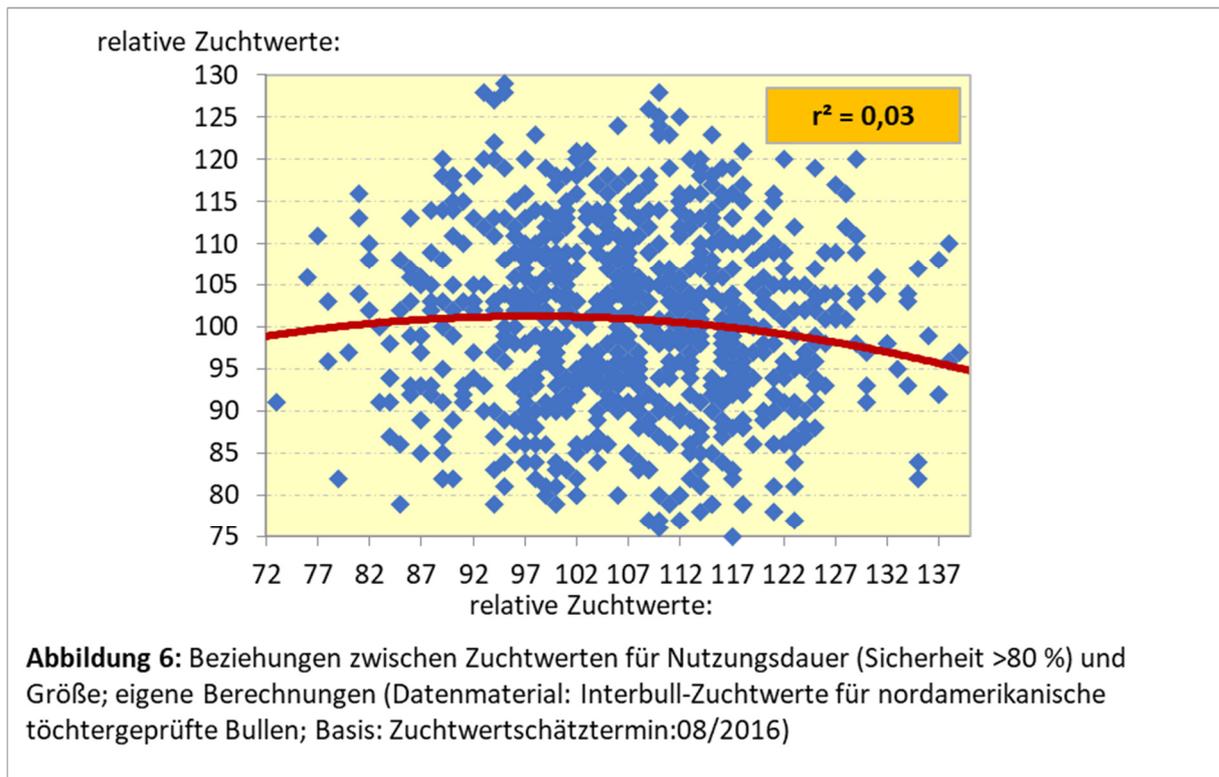


Die Auswertung zeigt, dass die Kanadischen Holsteins im Mittel ca. einen halben Zentimeter pro Jahr (in den letzten zwei Jahrzehnten) größer wurden (Abb. 5). Da die deutsche Holstein-Zucht seit fast 50 Jahren ein Nachzuchtgebiet für nordamerikanische Holsteins ist und sehr ähnliche Zuchtstrategien verfolgt werden, hat die bevorzugte Verwendung nordamerikanischer Bullen, vor allem als Bullenväter, auch in Deutschland längst ihre Spuren hinterlassen (Brade, 2014 und 2017).

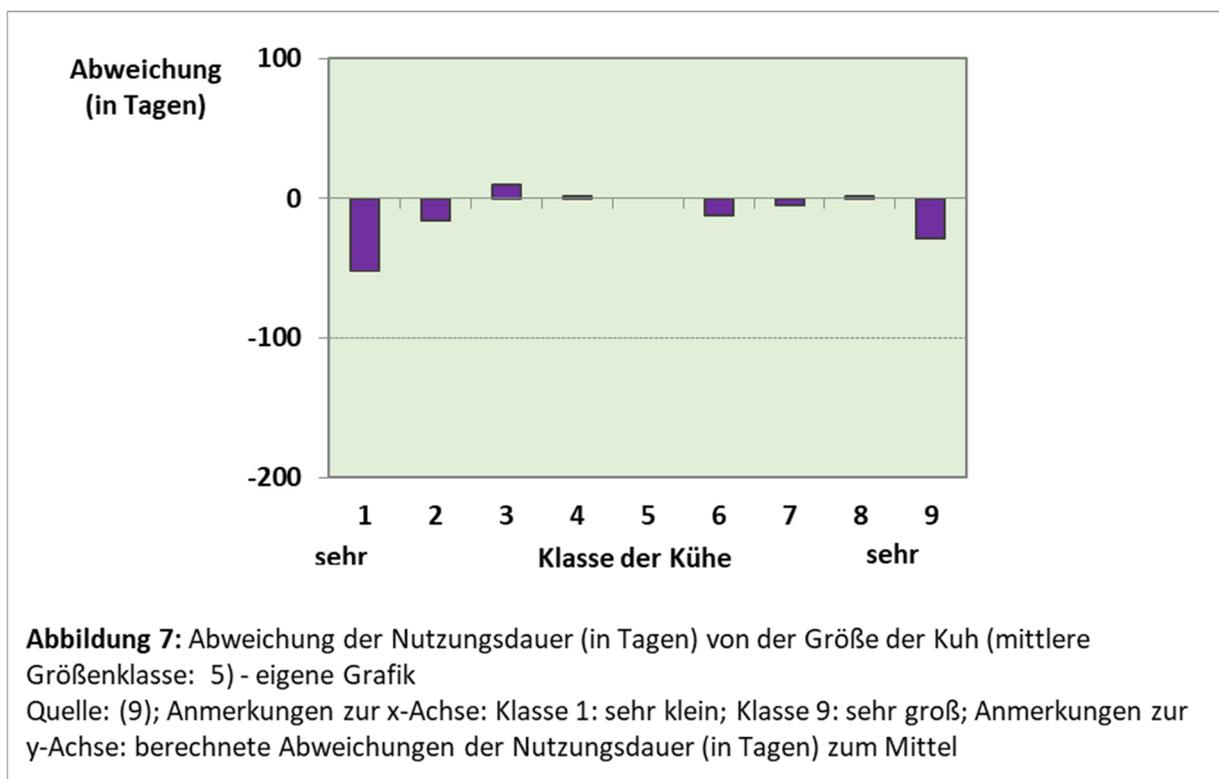
Zwald (2013) berichtet, dass größere Kühe eine kürzere Nutzungsdauer und eine schlechtere Fruchtbarkeit (= Trächtigkeitsrate) haben als ihre kleineren Stallgefährtinnen. Auch weist die Körpergröße eine unerwünschte Beziehung zum Kalbeverlauf auf, da größere Kälbern generell zu deutlich schwierigeren Geburten führen. Die exakte Beschreibung des Zusammenhanges zwischen Körpergröße und Nutzungsdauer erfordert jedoch, die Beziehung als nichtlinear zu bewerten.

4 Nichtlineare Beziehungen zwischen Körpergröße und Nutzungsdauer

Die interessierenden Beziehungen zwischen Körpergröße und Nutzungsdauer zeichnen sich generell durch eine große Variation zwischen den Tieren innerhalb einer Population aus (Abb. 6). Dabei zeigt sich der Trend, dass sowohl die extrem großen als auch sehr kleinen Tieren oft eine kürzere Nutzungsdauer als diejenigen Stallgefährtinnen haben, die nahe am zugehörigen Mittel liegen. Die Körpergröße hat offensichtlich ein biologisches Optimum. Eine aktuelle Auswertung eines vorhandenen Datenmaterials (Holstein-Zuchtwerte aus den USA und Kanada) bestätigt das Vorliegen nichtlinearer Zusammenhänge (Abb. 6).



Bereits Bünger et al. (2001) belegen nichtlineare Beziehungen an einem großen deutschen Holsteinmaterial (Abb. 7).



Die Exterieurbeurteilung ist in der Rinderzuchtung - in Verbindung mit der Erfassung von Körpermaßen - von langer Tradition. Ihre einfache und kostengünstige Durchführung, verbunden mit zum Teil relativ hohen Erblichkeiten, sind hier von Vorteil (Brade, 2006).

Eigene detaillierte Analysen der Merkmalszusammenhänge ausgewählter Exterieurmerkmale sowie der Zuchtwerte für die direkte Nutzungsdauer (RZN-Dir) von ca. 5.000 deutschen Holsteinbullen aus dem gesamten Bundesgebiet bestätigen die nichtlinearen Zusammenhänge (Abb. 8 und 9).

Die verfügbaren Bullen-Zuchtwerte wurden in zwei Klassen geteilt (Vatertiere mit hohem Zuchtwert für Nutzungsdauer [RZN ≥ 116]; Vatertiere mit niedrigem Zuchtwert für Nutzungsdauer [RZN ≤ 84]).

Die beiden Bullengruppen wurden anschließend hinsichtlich ihrer Exterieurvererbung analysiert.

Mittlere Exterieurzuchtwerte von Bullen mit einem positiven Zuchtwert für die direkte Nutzungsdauer (RZN-Dir. > 116)

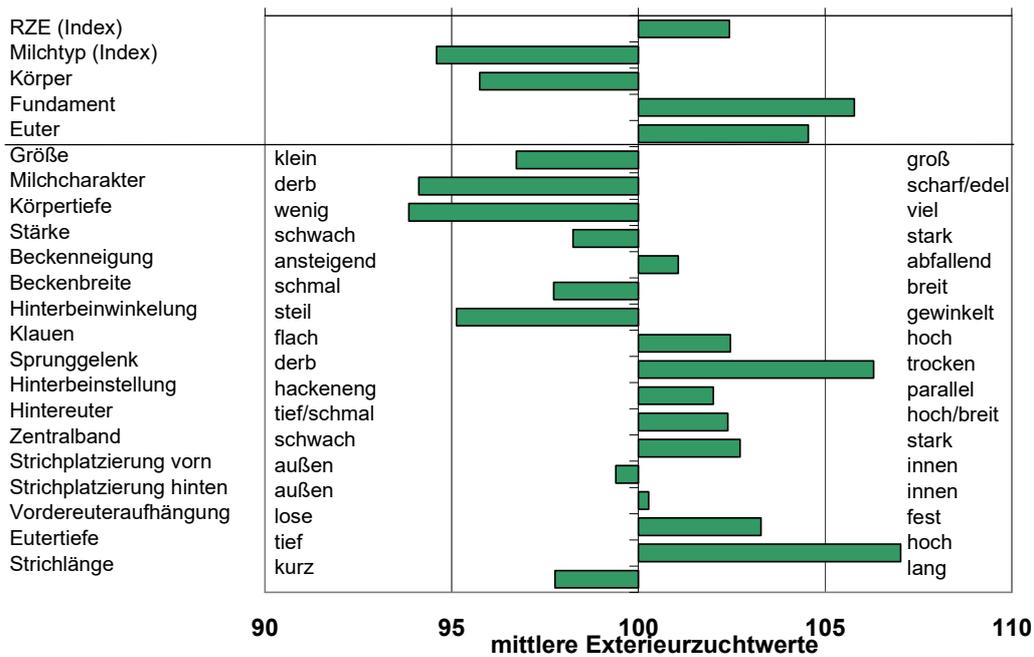


Abbildung 8: Mittlere Exterieurzuchtwerte von Bullen mit einem positiven Zuchtwert für die direkte Nutzungsdauer (RZN-Dir. > 116)

Mittlere Exterieurmerkmale von Bullen mit negativen bzw. positiven Zuchtwerten für die direkte Nutzungsdauer (RZN-Dir. < 84)

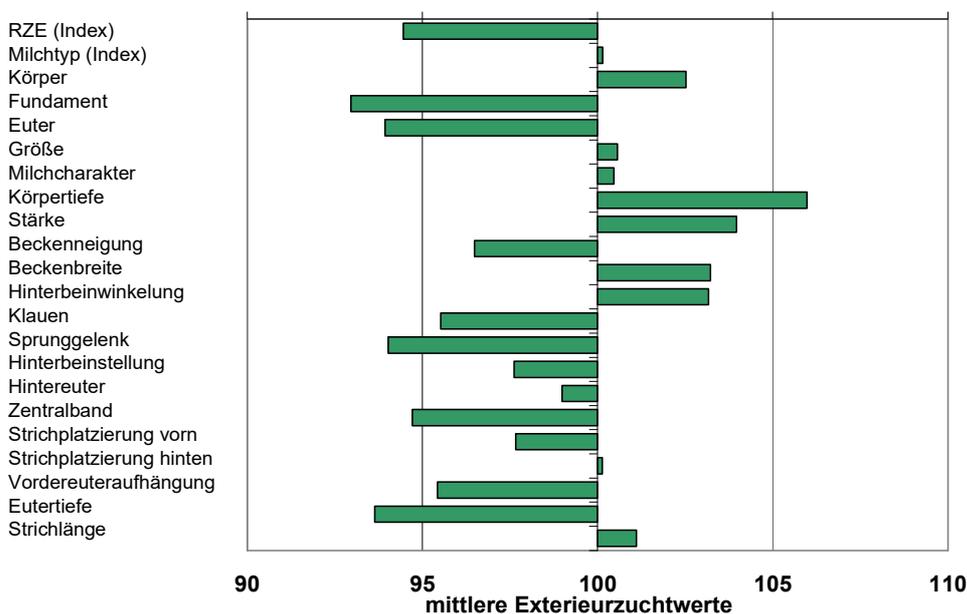
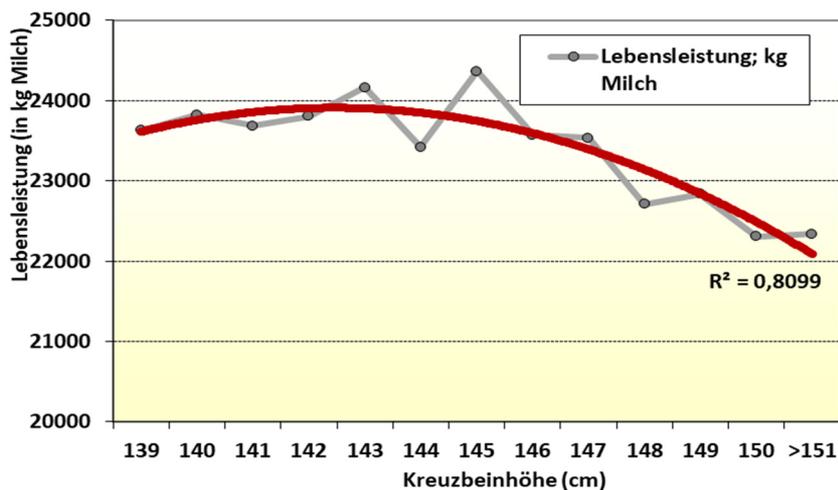


Abbildung 9: Mittlere Exterieurzuchtwerte von Bullen mit einem negativen Zuchtwert für die direkte Nutzungsdauer (RZN-Dir. < 84)

Es zeigt sich, dass Bullen mit einer Veranlagung für hohe Nutzungsdauer gleichzeitig eine nur mittlere bis (leicht) unterdurchschnittliche Größe vererben (Abb. 8 und 9). Die Ergebnisse belegen weiter: Bullen mit hohen Zuchtwerten für die Nutzungsdauer weisen auch überlegene Zuchtwerte für das Fundament oder das Euter auf. Positive Beziehungen sind zwischen der Nutzungsdauer und den Merkmalen „Sprunggelenk“, „Zentralband“, „Vordereuteraufhängung“ und „Eutertiefe“ vorhanden. Vorteilhaft sind trockene Sprunggelenke, ein starkes Zentralband, eine feste Vordereuteraufhängung bzw. hoch angesetzte Euter (Abb. 8 und 9).

Simon (2010) zeigt zusätzlich, dass die Lebensleistung vor allem übergroßer Milchkühe vergleichsweise geringer als ihre weniger großen Stallgefährtinnen ist (Abb. 10).

Abbildung 10: Beziehung zwischen Kreuzbeinhöhe (cm) und Lebensleistung - Quelle (22); Anm.: eigene Berechnung des zugehörigen Polynoms



Offensichtlich kommen vor allem die übergroßen Kühe mit den vorhandenen Haltungs- und Fütterungsbedingungen weniger gut zurecht. Erfahrungsgemäß liegen sie bei zu kleinen Liegeboxen oft nicht vollständig im Boxenbereich oder bevorzugen die Treibgänge bzw. Spaltenböden beim Liegen. Das Tierwohl ist deutlich eingeschränkt.

Diskussion und Schlussfolgerungen

Die Körpergröße hat ein biologisches Optimum. Folglich zeigen Kühe mit extremen Abweichungen oft eine nachlassende Vitalität; die Basis einer langen Nutzung. Direkte selektive Maßnahmen sind beim Größenwuchs aufgrund der hohen Erbllichkeit hoch wirksam. Im Gegensatz zu vielen anderen Merkmalen ist die Körpergröße in beiden Geschlechtern ohne Leistungsprüfung deutlich erkennbar; auch bereits vor der ersten Zuchtbenutzung. Züchterische Vorentscheidungen (z.B. bei der Jungrinderauswahl zur Kuhbestandsreproduktion) sind somit bereits oft gefallen, bevor die echten Leistungsmerkmale wie Milchleistung und Fruchtbarkeit etc. erkennbar sind.

Darüber hinaus ist die Körpergröße für diejenigen Holstein-Züchter, die gern ihre Tiere auf Schauen präsentieren, offensichtlich besonders reizvoll, denn sie wird bis in die Gegenwart immer wieder neu belebt. Auch im Schauwesen mit Holsteinrindern sind längst Maßnahmen überfällig, um negative Auswirkungen vor allem auf die Nutzungsdauer und damit auf das Tierwohl auch visuell zu begrenzen. Das Deutsche Holsteinrind ist eine Rasse, in der noch immer der Größenwuchs weiter gefördert wird, wie jedem KB-Bullenkatalog entnommen werden kann. Gleiches gilt für die Rangierung der Siegetiere auf zentralen Holstein-Schauen.

Die Folgen dieser widernatürlichen Merkmalsförderung zeigen sich in zurückgehender Lebensleistung bei extrem großen Tieren; einschließlich Zunahme der Schwer- und Totgeburtenrate bzw. tierärztlicher Behandlungskosten (Simon, 2010, Becker et al., 2012, Zwald, 2013). Auch auf molekulargenetischer

Ebene liegen erste Beweise dafür vor, dass pleiotrope Beziehungen zwischen dem fötalen Wachstum bzw. der Schwer- und Totgeburtenrate und der adulten Körpergröße bestehen (Sahana et al., 2015).

Bereits im Jahre 1966 wurde in einer Versuchsherde der Universität von Minnesota (USA) damit begonnen, spezielle Holstein-Line mit großer bzw. kleiner Widerristhöhe („Large Line“ bzw. „Small Line“) zu züchten. Becker et al. (2012) untersuchen detailliert die Kosten für die tierärztlichen Behandlungen innerhalb der beiden Tiergruppen. Die „Large-Line“-Kühe haben signifikant höhere Gesamtkosten als Kühe der „Small-Line“ (Tab. 3).

Tabelle 3: Ergebnisse aus dem Züchtungsexperiment an der Uni Minnesota bezüglich der Kosten für tierärztliche Behandlungen (in US- $\text{\$}$)

Kenngroße		„Large-Line“	„Small-Line“	Signifikanz
Körpermasse (postpartum)	1. Parität	615	556	+++
	3. Parität	726	631	+++
Widerristhöhe (cm)	1. Parität	136,3	129,0	+++
	3. Parität	139,2	131,8	+++
Kosten für Tiergesundheit (in $\text{\$}$)	1. Parität	62,41	41,41	++
	2. Parität	50,85	28,33	+
	3. Parität	49,20	44,54	-

Quelle: (2)

Die in vielen Betrieben bedrückende Situation von (älteren) Haltungsbedingungen (z.B. zu enge und zu kurze Liegeboxen, ungenügende Fressplatzbreite) wird zunehmend größer; werden diese Stalleinrichtungen nicht fortlaufend dem weiteren Größenwuchs angepasst.

Holbach (2014) nennt für Holstein-Jungkühe eine ideale Kreuzbeinhöhe von ca.142 cm; in einem akzeptablen Bereich zwischen 135 cm bis 149 cm. Seine Empfehlung ist somit deutlich geringer als das vom DHV (2013) genannte Ziel. Experimentelle Prüfungen bestätigen die Überlegenheit der mittelrahmigen Probanden in den speziellen und allgemeinen Leistungen. Da die Körpergröße zusätzlich in moderater genetischer Beziehung zur Körpermasse steht (Tab. 2), ist die Wuchshöhe auch indirekt mit der Energieverwertung in der Milcherzeugung kombiniert (Abb. 11).

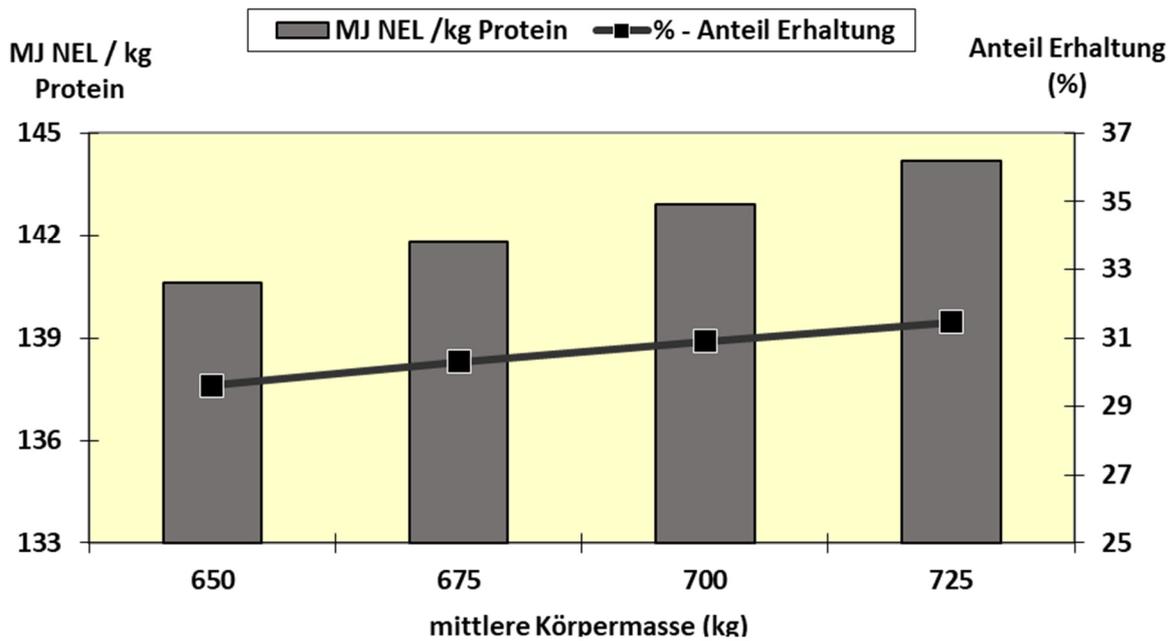


Abbildung 11: Futterenergiebedarf pro kg Milchprotein in Abhängigkeit von der mittleren Körpermasse (konstant 10.000 kg Milch / Kuh / Laktation; 4,00 % Fett, 3,3 % Eiweiß)

Frühere Auswertungen im Hinblick auf die Futtermittelverwertung einschließlich dem zugehörigen Methan-Output in der Milcherzeugung zeigen, dass es sinnvoll ist, die Körpermasse und damit auch Körpergröße im Gesamtselektionsprozess konsequent zu berücksichtigen (Brade et al., 2013).

Mit anderen Worten: *Die Holsteinzüchter sollten umdenken: Weg von „falschen Schönheitsidealen“ in Form von sehr edlen, sehr großen Kühen mit einem extrem scharfen Widerrist etc., sondern betonte Hinwendung zur Funktionalität/Stabilität der Kühe.*

Zusammenfassung

Die Körpergröße der Holsteinkühe – eine kritische Bewertung aus der Blickrichtung der Züchtung und des Tierwohls

Die Körpergröße gilt als ein Merkmal, das durch eine Vielzahl von Genen beeinflusst wird und hoch heritabel ist. Der Grund dafür ist, dass sie zu einem überwiegenden Teil durch die Veranlagung eines Tieres bestimmt wird und außerdem einfach zu messen ist. Direkte selektive Maßnahmen sind beim Größenwuchs - bereits aufgrund der hohen Erbllichkeit - hoch wirksam. Pleiotrope Wirkungen begründen zusätzlich korrelierte Antworten der Körpergröße infolge einer praktizierten Selektion nach weiteren Merkmalen; speziell weiteren Exterieurereigenschaften (Typ-Selektion).

Das Feedback von Milchbauern auf der ganzen Welt bestätigt: Holstein-Kühe werden immer größer, und als Ergebnis, passen sie oft nicht in die vorhandenen (älteren) Ställe. Die Körpergröße hat ein biologisches Optimum. Folglich zeigen extreme Abweichungen vom Mittel, interessanterweise vor allem extrem positive Abweichungen, eine nachlassende Nutzungsdauer und damit Lebensleistung. Allerdings sind diese Beziehungen nichtlinear.

Die Größe der Kuh sollte bereits bei jeder Anpaarungsplanung berücksichtigt werden, anstatt das Streben nach fortgesetzter Größenzunahme genetisch-züchterisch zu fördern. Dies setzt voraus, dass auch solche Holstein-Jungbullen wieder regelmäßig in Besamungsstationen eingestellt werden, die eine hohe Funktionalität und Lebensleistung ihrer Töchter bei unterdurchschnittlicher Größenvererbung erwarten lassen. In Zukunft ist zu erwarten, dass die Größe - aufgrund der bestehenden positiven Beziehung zur (mittleren) Lebendmasse - sogar ein negatives wirtschaftliches Gewicht erhält, um die Futtereffizienz zu verbessern und damit auch die Methanemission indirekt zu reduzieren.

Summary

Body size of Holstein cows – A critical analysis from the point of view of breeding and animal welfare

Body size is considered a characteristic which is affected by a great number of genes and which is highly heritable. The reason for this is that for the most part it is determined by the predisposition of an animal, and, what is more, it can be easily measured. Direct selective measures for body size are highly effective, already by virtue of their high heritability. Pleiotropic effects provide further information on correlations with respect to body size and are the result of selection practiced with a view to further characteristics; this is particularly true for further exterior characteristics (type selection). Feedback from dairy farmers around the world confirms: Holstein-cows get bigger and bigger, and, as a consequence, they frequently do not fit in existing (older) cowsheds. There is a biological optimum

for body size. It is for this reason that extreme deviations from the mean, and, which is interesting, often extremely positive deviations, show a decrease in efficiency and thus in productivity.

However, these relations are non-linear. The size of the cow should already be taken into consideration when planning each mating instead of merely promoting a continuous pursuit of an increase in size through genetics and breeding. This means that also those Holstein young bulls for which high functionality and a high lifetime production for their daughters are to be expected, coupled with below average size heredity, should regularly be taken to semen collection centres again.

In the future, it is to be expected that size will, due to the existing positive relation to (average) live weight, even be viewed negatively in economic terms because the intention is to improve feed efficiency and thus to indirectly reduce methane emissions.

Résumé

La taille des vaches Holstein – une évaluation critique d'un point de vue de l'élevage et du bien-être des animaux

La taille présente une caractéristique qui est influencée par une multitude de gènes et est hautement héréditaire. La raison en est qu'elle est déterminée en majeure partie par la prédisposition d'un animal et elle est en outre très facile à mesurer. Des mesures sélectives directes sont très efficaces pour les grandes tailles déjà en raison de l'hérédité élevée. Les effets pléiotropiques justifient également des réponses corrélées de la taille suite à une sélection pratiquée selon d'autres caractéristiques ; en particulier d'autres caractéristiques extérieures (sélection du type).

Les commentaires des producteurs laitiers du monde entier confirment : Les vaches Holstein deviennent toujours plus grandes et, comme résultat, elles ne rentrent plus souvent dans les (anciennes) étables existantes. La taille a un optimum biologique. Par conséquent, des écarts extrêmes par rapport à la moyenne, curieusement avant tout des écarts positifs, montrent une durée d'utilisation et donc un rendement vital décroissants.

Ces rapports sont toutefois non linéaires. La taille des vaches devrait être prise en compte déjà avant chaque accouplement au lieu de rechercher à favoriser génétiquement par sélection l'augmentation continue de la taille. Cela implique que de tels jeunes bovins sont également introduits régulièrement dans des centres de collecte de sperme qui laissent supposer une fonctionnalité et une rentabilité vitale de leurs filles lors de tailles héritées inférieures à la moyenne.

Il faut s'attendre à l'avenir à ce que la taille - en raison du rapport positif existant par rapport au poids vif (moyenne), s'accompagne même d'un poids économique négatif afin d'améliorer l'efficacité alimentaire et donc de diminuer indirectement aussi les émissions de méthane.

Literatur

1. Beavers L, Van Doormaal B (2016): A Closer Look at Stature.
[https://www.cdn.ca/images/uploaded/file/Closer%20Look%20at%20Stature%20Article%20-%20February%202016\(1\).pdf](https://www.cdn.ca/images/uploaded/file/Closer%20Look%20at%20Stature%20Article%20-%20February%202016(1).pdf) (Zugriff 14.08.2016)
2. Becker JC, Heins BJ, Hansen LB (2012): Costs for health care of Holstein cows selected for large versus small body size. *J. Dairy Sci.* 95, 5384-5392.
3. Bolormaa S, Hayes BJ, Savin K, Hawkin R, Barendse W, Arthur P, et al. (2011): Genome wide association studies for feedlot and growth traits in cattle. *J Anim Sci.* 89,1684–97.
4. Brade W (2006): Gleichzeitige Selektion auf Milchleistung, Nutzungsdauer und Exterieur bei Holsteins - Möglichkeiten und Grenzen. *Tierärztl. Umschau* 61, 181-186.
5. Brade W (2014): Holstein-Zuchtprogramme: Genetik weltweit nutzbar. *Milchpraxis* 52, Heft 2, 46 - 49.
6. Brade W. (2015): Futterraufnahme und -effizienz bei Milchkühen: Chancen und Risiken aus der Sicht der Züchtung und der Tiergesundheit. *Tierärztl. Umschau* 70, 60-71.
7. Brade W, Brade E (2011): Gleichzeitige Verbesserung der Milchleistung und Fitness der Milchkühe durch züchterische Maßnahmen – neue Ansätze zur Zuchttierauslese bei Deutschen Holsteins. *Prakt. Tierarzt* 92, 698-705.
8. Brade W, Dämmgen U, Reinsch N (2013): Züchterische Möglichkeiten zur Emissionsminderung bei Deutschen Holsteins. *Züchtungskunde* 85, 188-205
9. Bünger A, Ducrocq V, Swalve HH (2001): Analysis of survival in dairy cows with supplementary data on type scores and housing systems from a region of northwest Germany. *J. Dairy Sci.* 84, 1531-1541.
10. Cole JB, Wiggans GR, Ma L, Sonstegard TS, Lawlor TJ, Crooker BA, Van Tassel CP et al., (2011): Genome-wide association analysis of thirty-one production, health, reproduction and body conformation traits in contemporary U.S. Holstein cows. *BMC Genomics.* 12:408; doi: 10.1186/1471-2164-12-408
11. DHV (2013): Zuchtziel: Deutsche Holsteins. Pressemitteilung zur DHV-Mitgliederversammlung. Suthfeld, 6.November 2013.
12. Halbach T (2014): Linear Scoring. Analyzing the frame.
<http://dysci.wisc.edu/wp-content/uploads/sites/40/2013/11/Analyzing-the-frame.pdf>
(Zugriff: 12.08.2016)
13. Lango Allen H, Estrada K, Lettre G, Berndt SI, Weedon MW, Rivadeneira F et al. (2010): Hundreds of variants clustered in genomic loci and biological pathways affect human height. *Nature* 467, 832–838. doi:10.1038/nature09410

14. Metzger J, Schrimpf R, Philipp U, Distl O (2013): Expression levels of LCORL are associated with body size in horses. *PLoS One*, 8(2): e56497.
<http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0056497> (Zugriff am 12.12.2014)
15. Misztal I, Lawlor TJ, Short TH, Van Raden PM (1992): Multiple-trait estimation of variance components of yield and type traits using an animal model. *J. Dairy Sci.* 75, 544–551.
16. Norman HD, Powell RL, Wright JR, Cassell BG (1988): Phenotypic and genetic relationship between linear functional type traits and milk yield for five breeds. *J. Dairy Sci.* 71, 1880-1896.
17. o.V. (2006): Verteilung der Körpergrößen nach Geschlecht im Jahr 2006
<http://de.statista.com/statistik/daten/studie/1825/umfrage/koerpergroesse-nach-geschlecht/>
(Zugriff 12.11.2016)
18. Pryce JE, Hayes BJ, Bolormaa S, Goddard ME (2011): Polymorphic Regions Affecting Human Height also Control Stature in Cattle. *Genetics* 187, 981-984. DOI: 10.1534/genetics.110.123943
19. Rogers GW, McDaniel BT, Dentine MR, Funk DA (1989): Genetic Correlations Between Survival and Linear Type Traits Measured in First Lactation. *J. Dairy Sci.* 72, 523-527
20. Sahana G, Höglund JK, Gulbrandtsen B, Lund MS (2015): Loci associated with adult stature also affect calf birth survival in cattle. *BMC Genetics*, 16:47. 12 pp, DOI 10.1186/s12863-015-0202-3
21. Short TH, Lawlor TJ (1992): Genetic parameters of conformation traits, milk yield, and herd life in Holstein. *J. Dairy Sci.* 75, 1978-1998.
22. Simon M (2010): Auswertungen über den Einfluss der Geburt auf die Leistungsfähigkeit von Kühen der Rasse Deutsche Holsteins. *Blickpunkt Rind*. Heft 2/2010, 44-47.
23. Tan ME (2013): Genome-wide association study for stature in New Zealand dairy cattle. Master-Arbeit, Massey University Palmerston North (New Zealand), 82 Seiten.
24. Veerkamp RF, Brotherstone S (1997): Genetic correlations between linear type traits, food intake, live weight and condition score in Holstein Friesian dairy cattle. *Animal Sci.* 64, 385-392
25. Weedon MN, Frayling TM (2008): Reaching new heights: insights into the genetics of human stature. *Trends Genet.* 24(12), 595–603.
26. Wood AR, Esko T, Yang J, Vedantam S, Pers T, Gustafson St., Chu A et al. (2014) Defining the role of common variation in the genomic and biological architecture of adult human height. *Nature Genetics* 46,1173–1186. doi:10.1038/ng.3097.
27. Zimin AV, Delcher AL, Florea L, et al. (2009): A whole-genome assembly of the domestic cow, *Bos taurus*. *Genome Biology*. 10(4): R42. doi:10.1186/gb-2009-10-4-r42.

28. Zwald N (2013): Hype on linear type: Perceptions or real management issues?

http://web.altagenetics.com/france/DairyBasics/Details/7903_Hype-on-linear-type-Perceptions-or-real-management-issues.html (Zugriff am. 12.08.2016)

Autorenanschrift:

Prof. Dr. Wilfried Brade,
Tierärztliche Hochschule Hannover (TiHo);
zurzeit (Gast): Leibniz-Institut für Nutztierbiologie Dummerstorf (FBN),
Wilhelm-Stahl-Allee 2,
18196 Dummerstorf.
Email: wilfried.brade@t-online.de