



# **Berichte über Landwirtschaft**

Zeitschrift für Agrarpolitik und Landwirtschaft

**BAND 98 | Ausgabe 2**

**Agrarwissenschaft**  
**Forschung**  

---

**Praxis**

# Genotyp x Umwelt-Interaktionen in der Milchrinderzucht

## Teil 1: Methodische Aspekte und beobachtete Ergebnisse in der ökologischen und konventionellen Zucht

von Wilfried Brade

### 1. Einleitung

Als Phänotyp bezeichnet man den Beobachtungswert eines Tieres, der bezüglich eines bestimmten Merkmals auf Ebene einer Fortpflanzungsgemeinschaft (= Rasse) in einer definierten Umwelt erfasst werden kann (z.B. Milchmengenleistung). Die genetische Ausstattung eines Organismus, die durch seine DNA bestimmt wird, nennt man hingegen Genotyp (Johannsen, 1909). Der Phänotyp wird durch das Zusammenwirken von Erbanlagen und Umweltfaktoren bestimmt und folgt häufig (auf Ebene einer Population) der Normalverteilung.

Der Phänotyp ( $P$ ) ist im einfachsten Fall gleich dem genotypischen Wert ( $G$ ) eines Individuums plus (oder minus) einer umweltbedingten Abweichung ( $u$ ) (Falconer, 1981, Brade, 2016).

Das Vorhandensein von *Genotyp x Umwelt-Interaktionen (GUI)* beinhaltet nun, dass genetische Effekte und Umwelteffekte sich keineswegs addieren müssen, sondern unterschiedliche Genotypen differenziert auf veränderte Umweltfaktoren reagieren.

GUI werden entweder als ‚Skaleneffekte‘ (z.B. höhere Varianz im höheren Produktionsniveau) oder als Rangfolgeveränderungen sichtbar (Dickerson, 1962).

Das Ziel dieses Übersichtsbeitrages ist es, die Existenz und den Umfang von GUI in der konventionellen bzw. ökologischen Milchrinderzucht aufzuzeigen.

### 2. Definitionen

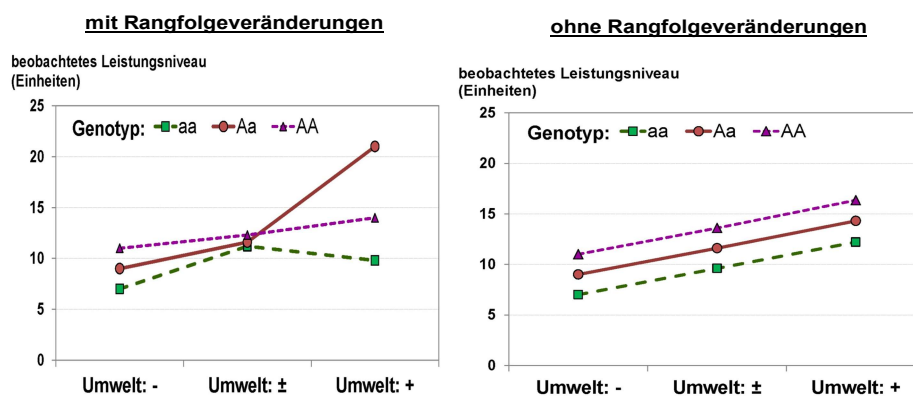
Die Fähigkeit von lebenden Organismen (Pflanzen oder Tiere), den Phänotyp als Reaktion auf Umweltveränderungen zu modifizieren, wird häufig auch als Umweltsensitivität oder phänotypische Plastizität bezeichnet. Plastische Genotypen können durch hochvariable Phänotypen in verschiedene Umwelten charakterisiert werden, während sich robuste oder stabile Genotypen durch relativ konstante Phänotypen in verschiedenen Umwelten auszeichnen (de Jong et al., 1995).

Unterschiede in der phänotypischen Plastizität können durch die Tatsache erklärt werden, dass manche Allele nur in einer bestimmten Umwelt aktiviert werden.

Günstige Gene (z.B. feine Haare in hoher Dichte) in einer bestimmten Umwelt (z.B. in kälteren Regionen) können unter anderen Umweltbedingungen (z.B. in den Tropen) unvorteilhaft sein.

Beldade et al. (1995) zeigen, dass sich die Genregulation je nach Umgebung ändern kann. Wenn die gleichen Genotypen (z.B. eineiige Rinderzwillinge [-mehrlinge]) differenzierte Rangfolgen in verschiedenen Umwelten (z.B. in Herden unter differenzierten Klimabedingungen) zeigen, spricht man auch von ‚echten‘ GUI (Abb.1).

GUI sind oft von geringerer genetisch-züchterischer Bedeutung, wenn ‚nur‘ ein Skalierungseffekt beobachtet wird, weil die besten Genotypen auch in einer veränderten Umwelt die Besten bleiben (Abb. 1).



**Abb. 1: Mögliche Auswirkungen der Interaktion zwischen Genotyp und Umwelt (eigene Zeichnung)**

Die Charakterisierung des Genotyps bzw. die Klassifizierung der Umwelt hängt von der Zielstellung der Studie ab.

So kann sich der interessierende Genotyp auf eine bestimmte (genotypische) Gruppe (Rasse, Kreuzungsstufe [reinrassige Tiere, F1-Tiere etc.], Töchtergruppe) beziehen oder auf eine definierte molekulargenetische Einheit (Gen).

Die zu berücksichtigenden Umwelten (Herde, Produktions-/Haltungssysteme, Region, Land, Klimazone usw.) können einerseits diskontinuierlich sein oder mittels kontinuierlicher Werte (Temperatur, Luftfeuchte etc.) beschrieben werden.

Die Bezugseinheit bezüglich der Definition der Umwelt ist in der Rinderzucht oft die Herde (= Managementgruppe). In der Literatur variiert das Clustering der Umwelteinheiten enorm weit. Oft werden detaillierte Faktorenanalysen ‚vorgeschaltet‘, um ein datenbezogenes Clustering der verschiedenen Umwelten zu finden (Windig et al., 2006).

Nachfolgend dient das Produktionssystem (konventionell vs. ökologisch) zur Klassifizierung der Umwelteinheit.

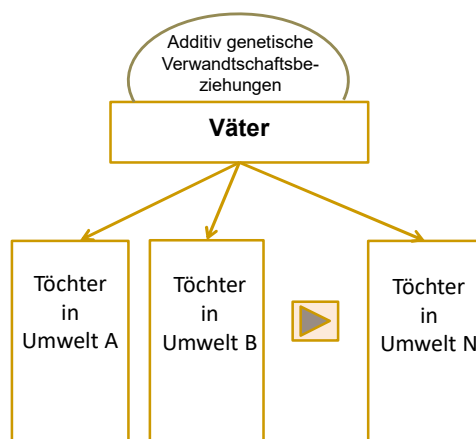
### 3. Genetisch-statistische Methoden zur Erfassung von GUI

#### 3.1.Vorbemerkung

Zur Erfassung existierender GUI bieten sich spezielle Versuche bzw. die Auswertung von Praxisdaten an.

In beiden Varianten sind Aufzeichnungen sowohl über die vorhandenen Genotypen als auch über die Differenziertheit der berücksichtigten Umwelteinheiten erforderlich.

Da die Leistung eines Individuums (Kuh) nicht gleichzeitig in mehr als einer Umwelt erbracht werden kann, sind Praxisauswertungen anhand der Töchter von KB-Bullen (= Töchter des gleichen Vaters in verschiedenen Herden [Umwelten]) in der Milchrinderzucht weit verbreitet (Abb. 2).



**Abb. 2: Oft genutzte Datenstruktur zur Quantifizierung von GUI in praxi: Halbgeschwisternachkommen in verschiedenen Umwelten (eigene Grafik)**

Um den Mangel an detaillierten Informationen zu überwinden (z.B. tierindividuelle Futteraufnahme, Verhalten beim Grasen etc.), können speziell interessierende GUI mittels gezielter Versuchsanstellungen geprüft werden. Höhere Kosten solcher Versuchsanstellungen stehen oft exaktere Informationen über das Vorhandensein von GUI gegenüber.

## 3.2. Modellierung der genetischen Variation

### 3.2.1 Vorbemerkung

Es gibt drei Hauptmethoden, die häufig zur Quantifizierung von GUI verwendet werden:

- das Interaktionsmodell,
- das Mehr-Merkmalsmodell und
- das Reaktionsnormmodell.

Alle drei Modelle können als Erweiterung des einfachen und traditionellen genetischen Modells für quantitative Merkmale betrachtet werden, in denen die Phänotypen (P) als Summe unabhängiger genetischer und umweltbedingter Effekte definiert werden (Dickerson, 1962, Falconer, 1981).

### 3.2.2 Das Interaktionsmodell

Das Interaktionsmodell stellt eine (einfache) Erweiterung des traditionellen genetischen Modells durch zusätzliche Einbeziehung einer Wechselwirkungskomponente ‚Genotyp x Umwelt‘ dar. Die Hypothese für die Merkmalsausprägung lautet somit (mit  $\mu$  = Populationsmittel):

$$P_{ij} = \mu + g_i + u_j + (g \cdot u)_{ij}.$$

Die Komponente  $(g \cdot u)_{ij}$  bezieht sich auf die Interaktion der Genotypwirkung  $i$  mit der Umweltkomponente  $j$  und ist somit eine Art Sondereffekt. Er kommt durch das Zusammentreffen der beiden Wirkungen  $g_i$  und  $u_j$  zustande. Daraus folgt auch:

$$(g \cdot u)_{ij} = P_{ij} - (\mu + g_i + u_j).$$

#### Auswertungsmethodik bei normalverteilten Daten

Die bekannteste Anwendung in der Rinderzucht ist eine Auswertung des ‚Vater x Herden-Interaktion‘-Modells. Eine zugehörige Varianzanalyse beispielsweise für ein Merkmal, das einer Normalverteilung folgt (= tägliche Milchleistung der Kühe in genügend großen Herden), kann nach dem folgenden Modell vorgenommen werden (gemischtes lineares Modell):

$$P_{ijk} = \mu + v_i + h_j + (v \cdot h)_{ij} + e_{ijk},$$

mit

$P_{ijk}$  = beobachteter Merkmalswert für die  $k$ -te Tochter des  $i$ -ten Bullen in der  $j$ -ten Herde,

$\mu$  = Populationsmittel,

$v_i$  = Effekt des  $i$ -ten Vaters (in der Literatur oft als zufällig definiert),

$h_j$  = Effekt der  $j$ -ten Herde (in der Literatur oft als fixer Effekt definiert),

$(v \cdot h)_{ij}$  = zufälliger Interaktionseffekt Vater x Herde (falls der Vaternereffekt zufällig definiert wurde),

$e_{ijk}$  = zufälliger Resteffekt

Bei stark unbalancierten Daten und Vorhandensein einer hohen Heterogenität der Restvarianz bereitet die Interpretation der geschätzten Interaktionsvarianz ( $s^2_{v,h}$ ) Schwierigkeiten (Dickerson, 1962). Eine zusätzliche Gruppierung der Herden bietet sich dann oft an.

Das Interaktionsmodell vom Typ ‚Vater x Herde‘ erlaubt problemlos die gleichzeitige Berücksichtigung einer sehr großen Anzahl von Umwelteinheiten (= Herden) und Halbgeschwister- (Nachkommen)gruppen (Abb. 2). Es ist somit vergleichsweise sensitiv, vorhandene GUI umfassend zu erfassen. Auch ist es möglich, die Verwandtschaft der Väter (= additiv-genetische Verwandtschaftsbeziehungen zwischen den Vätern) zusätzlich zu berücksichtigen (Abb. 2).

Aus den Varianzkomponenten kann auch eine genetische Korrelation abgeleitet werden, falls mögliche Unterschiede in der Vatervarianz ( $s^2_v$ ) innerhalb verschiedener Umwelteinheiten berücksichtigt werden (Dickerson, 1962, Yamada, 1962):

$$r_g = \frac{s^2_v}{s^2_v + s^2_{v,h} - s^2(s_{vj})}$$

$r_g$  = genetische Korrelation

$s^2_v$  = Varianz zwischen den Vätern (Halbgeschwisternachkommen)

$s^2_{v,h}$  = Interaktionsvarianz (Vater x Umwelt)

$s^2_{vj}$  = Varianz zwischen den Vätern innerhalb der j-ten Umweltstufe

$s^2(s_{vj})$  = Varianz der Zwischen-Väter-Standardabweichung in den verschiedenen Umweltstufen.

### **Auswertungsmethodik bei kategorialen Daten: die Logit-Link-Funktion und das statistische Modell**

Im Rahmen der Erfassung beispielsweise von Erkrankungs- oder Abgangsdaten sind oft nur zwei mögliche, sich ausschließende Ausprägungen vorhanden, wie z. B. „Ereignis findet statt“ ( $P = 1$ : z.B. die Kuh ist abgegangen) oder „Ereignis findet nicht statt“ ( $P = 0$ : z.B. die Kuh ist nicht abgegangen).

Für die Auswertung kategorialer Daten empfiehlt sich die Logit-Link-Funktion, die aus der logistischen Regression hergeleitet werden kann (Kreienbock et al., 2005).

Die logistische Regressionsgleichung lautet im Zwei-Variablen-Fall mit  $\pi_i$  als Wahrscheinlichkeit des Eintretens der Ausprägung  $P = 1$  für die abhängige Variable (hier: Abgangsereignis).

$$\pi_i = \frac{e^{\alpha + \beta x_i}}{1 + e^{\alpha + \beta x_i}} = \frac{1}{1 + e^{-(\alpha + \beta x_i)}}$$

Kürzt man den Ausdruck  $\alpha + \beta x_i$  in der logistischen Regressionsgleichung mit  $z$  ab, so kann die logistische Regression in das Logit-Modell überführt werden:

$$\ln \frac{\pi_i}{1 - \pi_i} = z$$

Der Quotient  $\pi_i/1-\pi_i$  ist das sogenannte Odds ratio (= mögliche deutsche Übersetzung: „Chancen“-Verhältnis) und drückt aus, wieviel wahrscheinlicher es ist, dass das Ereignis  $P=1$  eintritt, als dass es nicht eintritt.

Zur Bewertung von GUI bezüglich des Merkmals ‚Abgang/Nichtabgang‘ eines Tieres (während eines definierten Zeitraumes) wurde von Brade und Hamann (2009) ein Datensatz von Jungkühen mit dem *Glimmix-Makro* von SAS ausgewertet. Das Modell zur Datenauswertung eines *kategorialen* Merkmals lautete:

$$\text{logit}(\pi_{rptuvw}) = \log \left( \frac{\pi_{rptuvw}}{1 - \pi_{rptuvw}} \right) = \mu + h_r + v_p + i_t + k_u + a_v + e_{rptuvw}$$

mit

- $\pi_{rstuvw}$  = Ereigniswahrscheinlichkeit für das *kategoriale* Merkmal (hier: Abgang) einer Kuh
- $\mu$  = Gesamtmittel
- $h_r$  = zufälliger Effekt der r-ten Herde
- $v_p$  = zufälliger Effekt des p-ten Vaters
- $i_t$  = zufälliger Effekt für die Interaktion Herde x Vater
- $k_u$  = fixer Effekt für die u-te Kalbesaison
- $a_v$  = fixer Effekt für das v-te Erstkalbealter (Monate)
- $e_{rptuvw}$  = zufälliger Rest.

In der nachfolgenden Tabelle sind einige Ergebnisse aus einer früheren Arbeit im Sinne eines Beispiels dargestellt (Tab. 1). Gleichzeitig sollen die Ergebnisse belegen, dass die Bedeutung von GUI bei verschiedenen Merkmalen unterschiedlich sein kann.

**Tabelle 1:**  
**Berechnete Heritabilitäten ( $h^2 = 4 \cdot s^2_v / (s^2_v + s^2_i + s^2_e)$ ) und erfasste GUI (Vater x Herde) mittels zugehöriger Varianzanteile ( $v\text{Anteil} = s^2_v / (s^2_v + s^2_i)$ )\***

Merkmal	$h^2$	$v\text{Anteil}$
Milch-kg (305-Tage)	0,29±0,03	0,80
Eiw.-% (305-Tage)	0,45±0,04	0,89
Fett-% (305-Tage)	0,56±0,05	0,83
Abgänge (gesamt)	0,31±0,03	0,66
Abgänge wegen Eutererkrankungen	0,17±0,02	0,27

**Quelle:** Brade und Hamann (2009);

\*Sächsisches Jungkuhmateriale: Daten von 15.360 Kühen in der 1. Laktation

Setzt man den Varianzanteil für die Interaktion ‚Vater x Herde‘ in Beziehung zur Gesamtvarianz eines Merkmals, so ist er relativ gering (Brade und Hamann, 2009). Interessanter ist der Anteil der Interaktionsvarianz an der genetisch bedingten Varianz. Hier sind für die beiden untersuchten

Merkmale ‚Abgänge – gesamt‘ sowie ‚Abgänge wegen Eutererkrankungen‘ erhebliche Varianzanteile ( $v_{\text{Anteil}}$ ) zu nennen (Tab. 1).

### 3.2.3 Das Mehr-Merkmalsmodell

Die Genexpression kann unter verschiedenen Umwelten verschieden sein.

Man kann die beobachtete Leistung (z.B. Milchmengenleistung) von Tieren (= Bullentöchtern) in verschiedenen Umwelten auch als separate Merkmale definieren (Falconer, 1981).

Die Höhe der Abweichung der ermittelten genetischen Korrelation ( $r_g$ ) von Eins ( $r_g = 1$ ) charakterisiert nun die Bedeutung von GUI für das betreffende Merkmal.

Werden Daten nur in zwei Umwelteinheiten (-stufen) klassifiziert, ist ein Zwei-Merkmalsmodell die Methode der Wahl. Das Mehr-Merkmalsmodells ist durch seine Flexibilität bezüglich der Varianz-Kovarianz-Struktur bekannt.

Das Mehr-Merkmalsmodell ist sehr anschaulich, beinhaltet aber auch den Nachteil, dass vorhandene (weitere) Unterschiede innerhalb einer definierten Umwelt nicht vollständig erfasst werden.

### 3.2.4 Das Reaktionsnormmodell

Als *Reaktionsnorm* bezeichnet man in der Züchtung die Variationsbreite eines Phänotyps, die sich aus demselben Genotyp bei differenzierten Umweltfaktoren zeigt. Der Begriff wurde erstmalig von Richard Woltereck (1909) zur Erfassung von quantitativen Unterschieden bei Wasserflöhen genutzt.

Setzt man erbgleiche Lebewesen verschiedenen Umwelten aus, so werden sie in vielen Merkmalen unterschiedliche Erscheinungsformen manifestieren. Setzt man umgekehrt genetisch unterschiedliche Lebewesen einer Art der gleichen Umwelt aus, so entwickeln sie allein aufgrund der unterschiedlichen Allele verschiedene Erscheinungsformen.

Das Reaktionsnormmodell wurde erst vor kurzem in die Tierzucht eingeführt, um GUI zu erfassen (Strandberg et al., 2000)

Das Modell drückt den Phänotyp als Polynomfunktion bezüglich der Umweltwerte aus, wobei angenommen wird, dass die Polynomkoeffizienten unter genetischem Einfluss stehen (de Jong, 1995).

Das Reaktionsnormmodell ist effizient, wenn Phänotypen kontinuierlich über einen Umweltgradienten variieren. Es hat somit eine Analogie zum zufälligen Regressionsmodell.

Im Reaktionsnormmodell werden Kovarianzfunktionen verwendet, um genetische Effekte bezüglich der Gradientenänderung der Umwelt zu modellieren (Kirkpatrick et al., 1989, Strandberg et al., 2000).

Eine diskontinuierliche Klassifizierung der Umwelt kann bei Nutzung des Reaktionsnormmodells vermieden werden.



Strandberg et al. 2000 nutzten ein lineares Modell mit Einbeziehung einer zufälligen Regression, um die Reaktionsnorm bei Milchrindern auf der Basis von Töchterleistungen in verschiedenen Umwelten zu studieren.

Das verwendete Modell lautete wie folgt:

$$y_{ij} = \mu + b_F X_{ij} + s_{ai} + s_{bi} X_{ij} + e_{ij}$$

wenn jetzt

$y_{ij}$  = beobachtete Leistung der Tochter j des i-ten Vaters,

$\mu$  = Gesamtmittel (bzw. Intercept für die feste Regression),

$b_F$  = fixer Regressionskoeffizient von y auf  $X_{ij}$ ,

$s_{ai}$  = zufälliges Mittel der Reaktionsnorm des i-ten Vaters (auch Level genannt),

$s_{bi}$  = zufälliger lineare Regressionskoeffizient von y auf  $X_{ij}$  (auch Steigung genannt),

$X_{ij}$  = zugehörige Herden x Umwelteinheit, die die Tochter j des i-Vaters enthält,

$e_{ij}$  = zufälliger Rest, der der Tochter j des Vaters i zugeordnet werden muss

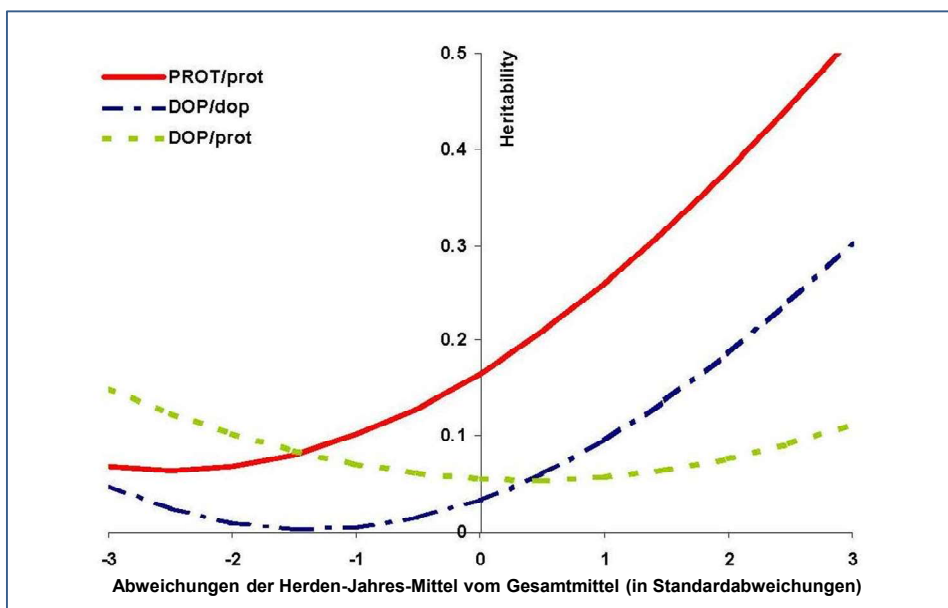
sind.

Im Reaktionsnormmodell ist der vorhergesagte Zuchtwert (ZW) abhängig von der Umwelt, in der die Töchter genutzt werden. So wird der ZW für den Bullen i wie folgt berechnet ( $m$  = Schätzwert für  $\mu$ ):

$$ZW_{i|X} = m + b_F X + s_{ai} + s_{bi} X.$$

In gleicher Weise wie der Zuchtwert mit der Umwelt variiert (in der die Nachkommen zu finden sind), variiert auch die beobachtete Heritabilität ( $h^2$ ).

Als Begründung ist zu nennen, dass die zugehörigen Umwelteinheiten auch bei der Erfassung der additiv-genetischen Varianz berücksichtigt werden (Abb. 3).



**Abb. 3: Heritabilitäten für den Milchproteintrag (PROT) bzw. die Zwischentragezeit (DOP) als Funktion der Umwelt (Strandberg et al, 2000, verändert)**

Anm: DOP/prot : beobachtete Heritabilität für die Zwischentragezeit bei Bewertung der Herden-Jahres-Umwelt nach der Höhe der Milchproteinherzeugung; DOP/dop: beobachtete Heritabilität für die Zwischentragezeit bei Bewertung der Herden-Jahres-Umwelt nach der Zwischentragezeit

### 3.2.5 Zusammenfassende Bewertung

In der folgenden Tabelle sind einige Kriterien zur Bewertung der verschiedenen Modelle in Anlehnung an Mulder (2007) aufgezeigt.

**Tabelle 2:**  
**Vergleich verschiedener Modelle zur Quantifizierung von GUI\***

Kriterium	Modell**		
	Interaktionsmodell	Mehr-Merkmalsmodell	Reaktionsnormmodell
Zahl gleichzeitig zu erfassende Umwelteinheiten	hoch	begrenzt	hoch
Klassifizierung der Umwelten	disjunkt (Klassen)	disjunkt (Klassen)	kontinuierlich
Vorhersagbarkeit (Predictability) des Phänotyps	begrenzt	0	+
genetische Interpretation	-/0	+	0
Selektion auf Makro-Umwelt-empfindlichkeit	begrenzt	0/+	+

\* in Anlehnung an Mulder (2007, modifiziert);

\*\* Interpretation: + = vorteilhaft; - = nachteilig; 0 = dazwischenliegend

Das Reaktionsnormmodell besitzt einige Vorzüge gegenüber den beiden anderen Modellen. Die Wahl des Auswertungsmodells ist aber auch von den verfügbaren Daten und der Zielstellung der Auswertung abhängig.

Mehr-Merkmalsmodelle haben den Nachteil, dass nur wenige Umwelten gleichzeitig erfasst werden können. Es bietet sich aber in besonderer Weise an, das Vorhandensein von GUI in der konventionellen und ökologischen Milchrinderzucht zu prüfen.

## 4. Konventionelle und ökologische Milcherzeugung in Deutschland

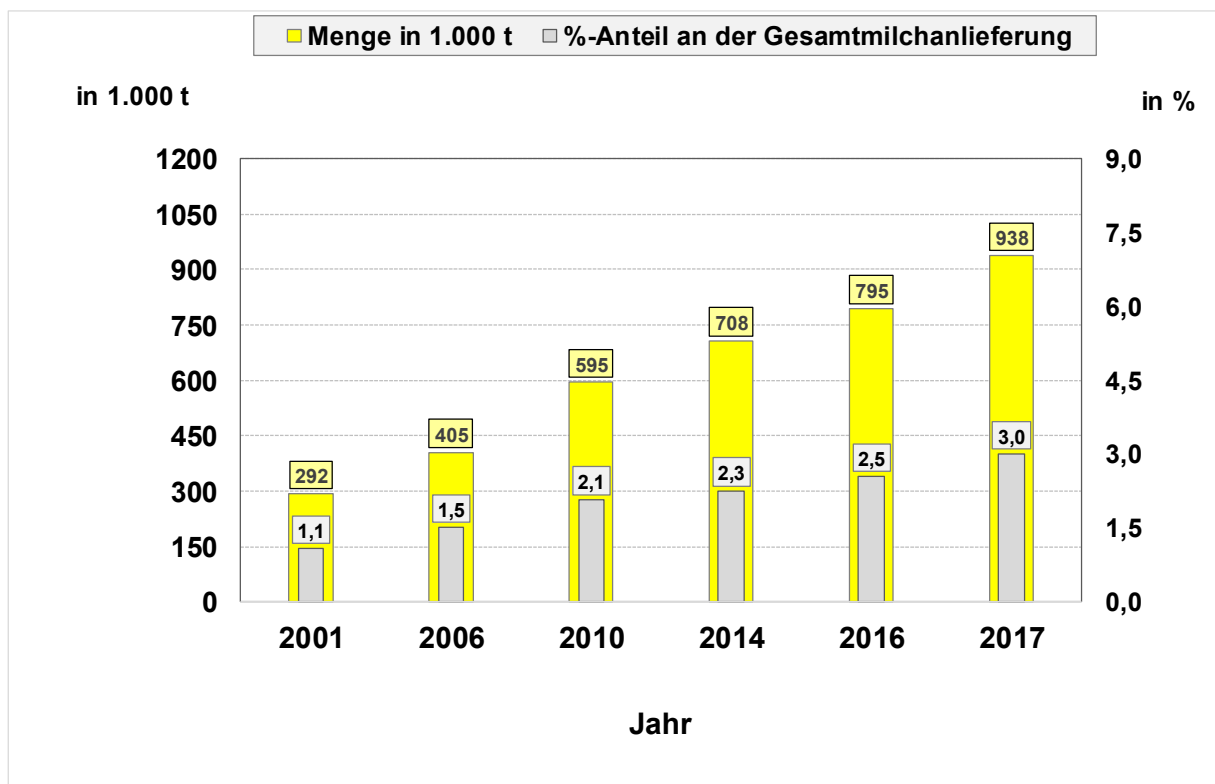
Ökologischer Landbau ist strenggenommen nichts Neues. Bereits im Jahre 1924 wurde beispielsweise die biologisch-dynamische Wirtschaftsweise eingeführt. Der landwirtschaftliche Betrieb wird als Einheit von Boden, Pflanze, Tier und Mensch gesehen. Folgende Maßnahmen stehen dabei im Vordergrund:

- keine Verwendung leicht löslicher mineralischer Düngemittel, zusätzlicher Anbau stickstoffsammelnder Pflanzen,
- kein Pflanzenschutz mit chemisch-synthetischen Mitteln, Anbau wenig anfälliger Sorten in geeigneten Fruchtfolgen,
- streng an die Fläche gebundener Tierbesatz,

- Fütterung der Tiere möglichst mit hofeigenem Futter (eng begrenzter Zukauf von Konzentratfuttermittel).

Die Integration der Milchproduktion in den ökologisch wirtschaftenden Betrieb entspricht in besonderem Maße den Ansprüchen an eine Kreislaufwirtschaft. Die Kernaufgabe besteht somit darin, vorrangig Raufutter zu Milch zu veredeln.

Zweifellos ist die konventionelle Milcherzeugung in Deutschland nach wie vor quantitativ bestimmend. Anzuerkennen ist jedoch auch, dass die Bio-Milcherzeugung in Deutschland kontinuierlich zunimmt (Abb. 4).



**Abbildung 4:** Entwicklung der Biomilcherzeugung in Deutschland

**Quelle:** Angaben des MIV (<https://milchindustrie.de/marktdaten/erzeugung/>); eigene Grafik

Der Markt für Biomilch ist ein eigenständiger Milchmarkt. In 2017 wurden in Deutschland 938.718 t Bio-Milch erzeugt (Abb. 4). Um als Biomilch bezeichnet werden zu dürfen, muss das Produkt gemäß der Verordnung (EG) Nr. 834/2007, auch *Öko-Verordnung* genannt, erzeugt worden sein.

Bedingt durch die geringere Konzentratfütterung sind die jährlichen Milchleistungen der Tiere im ökologischen Landbau oft deutlich geringer als im konventionellen Milchproduktionssystemen.

In der Studie von Blank et al. (2013) liegt die Milchleistung der ökologischen Betriebe im Mittel bei 6478 kg/(Kuh/Jahr) und somit unter der der konventionellen Betriebe mit 8571 kg/(Kuh/Jahr) in Deutschland. Ähnliche Resultate sind auch aus anderen Studien in Deutschland bekannt. In der Studie

von Brinkmann et al. (2011) wurde ein mittlerer Wert von 6224 kg/(Kuh/Jahr) für ökologische Herden (n = 106) gefunden.

In Deutschland konzentrieren sich Produktion und Verarbeitung von Biomilch auf wenige Bundesländer und etwas mehr als 30 Molkereien (o.V., 2018).

- Bayern: etwa die Hälfte der deutschen Biomilch wird in Bayern erzeugt. Dort befinden sich auch die meisten Molkereien;
- Baden-Württemberg: etwa 16% der Milch kommt aus Baden-Württemberg;
- Niedersachsen: aus dem zweitgrößten deutschen Milcherzeugerland kommen nur gut 6% der deutschen Biomilch.
- Brandenburg: mit einem Anteil von ca. 4 % ist es der größte ostdeutsche Biomilchlieferant.

Ökologische Milchproduktion unterliegt im Vergleich zur konventionellen Produktionsweise wesentlich strengeren Anforderungen an die Zucht und Haltung der Kühe (Simianer, 2007).

Untersuchungen über das Vorhandensein von GUI sind in der Vergangenheit vorrangig unter konventionellen Haltungssystemen vorgelegt worden.

Zwischenzeitlich sind jedoch umfassende Untersuchungen bezüglich des Vorhandenseins von GUI zwischen konventioneller und ökologischer Milcherzeugung in verschiedenen Ländern vorgelegt worden, deren Ergebnisse nachfolgend aufgezeigt werden sollen.

## 5. Quantifizierung von Genotyp-Umwelt-Interaktionen (GUI)

### 5.1. Milchleistungsmerkmale und Nutzungsdauer

Beeinflusst durch die vermehrte Nachfrage nach Produkten aus dem ökologischen Landbau und großzügiger staatlicher Förderprogramme wurden (in der Vergangenheit) auch mehrere Projekte zur Quantifizierung von GUI in Deutschland mit öffentlichen Mitteln gefördert.

Simianer (2007) berichtet über eine Auswertung basierend auf über 14.000 Holstein-Kühen in 479 ökologisch wirtschaftenden Betrieben und ca. 2,1 Mio. Kühen in 12.320 konventionellen Rinderhaltungen. Zur Berechnung interessierender genetischer Korrelationen ( $r_g$ ) konnten über 400 Halbgeschwisternachkommengruppen berücksichtigt werden. Da die Bullen, die Töchter (= Halbgeschwisternachkommen) in beiden Betriebstypen haben, generell unterschiedliche Umfänge haben, wurden gewichtete und ungewichtete Korrelationsberechnungen durchgeführt. Die wichtigsten Ergebnisse sind in der Tabelle 3 zusammengestellt.

**Tabelle 3:**  
**Berechnete genetische Korrelationen ( $r_g$ ) zwischen konventioneller und ökologischer Milcherzeugung in Deutschland in Abhängigkeit von der Laktation\***

Merkmal	genetische Korrelationen, $r_g$		
	1. Lakt.	2. Lakt.	3. Lakt.
Milchmengenmerkmale:			
Milchmenge	0,92 (0,91)**	0,93 (0,91)	0,91(0,87)
Fettmenge	0,92 (0,90)	0,90 (0,87)	0,85 (0,75)
Eiweißmenge	0,92 (0,90)	0,92 (0,89)	0,89 (0,85)
somatische Zellzahl	0,75 (0,57)	0,74 (0,55)	0,52 (0,27)
Nutzungsdauer	0,74 (0,60)		

\*Quelle: Simianer, 2007; \*\* in der Klammer jeweils die unkorrigierte Bewertung nach der Methode von Calo (1973; zit. Simianer, 2007)

Die Höhe der beobachteten Abweichungen der genetischen Korrelationen ( $r_g$ ) von Eins ( $r_g = 1$ ) sind vor allem bezüglich der Milchmengenmerkmale vergleichsweise gering (Tab. 3). Die Bedeutung von GUI sind somit bei den Milchmengenmerkmalen eher von geringer Bedeutung. Stärkere GUI zeigen sich demgegenüber für die somatische Zellzahl; speziell in höheren Laktationen.

Die aufgezeigten Ergebnisse für die Milchmengenmerkmale werden in ähnlicher Weise auch in niederländischen Daten gefunden (Tab. 4).

**Tabelle 4:**  
**Berechnete genetische Korrelationen ( $r_g$ ) zwischen konventioneller und ökologischer Milcherzeugung in den Niederlanden (erstlaktierende Holstein-Kühe)\***

Merkmal	genetische Korrelationen, $r_g$
Milchmenge (kg)	0,80 (0,07)*
Milchfettmenge (kg)	0,88
Milcheiweißmenge (kg)	0,78 (0,08)

Quelle: Nauta et al. (2006); \*in Klammer: zugehörige Standardfehler

Zusammenfassend bleibt festzuhalten, dass sich die Milchleistung als bemerkenswert stabil gegenüber dem Auftreten von GUI zeigt. Möglicherweise ist die Begründung für diese Beobachtung in der Zuchtgeschichte zahlreicher Milchrinderrassen zu suchen.

So werden seit vielen Jahrzehnten die benötigten Zuchttiere unter verschiedensten Umweltbedingungen (Weide- oder Stallhaltung, Produktionsniveau (PN)-Klassen etc.) ausgewählt. Dies wurde mit Einführung einer konsequenten Töchterprüfung von KB-Bullen in gleichzeitig sehr vielen verschiedenen Herden und damit Managementgruppen ab Anfang der 1960er Jahre noch verstärkt.

## 5.2 Abgangsursachen

Exakte Informationen über die Merzungsgründe der Milchkühe in der ökologischen Erzeugung sind begrenzt. Rozzi et al. (2007) zeigten, dass Fruchtbarkeitsstörungen und Mastitis die häufigsten Abgangsgründe in Bio-Herden waren.

Das Ziel einer großen Studie in Schweden war es, die Abgangsursachen der Milchkühe in ökologischen und konventionellen Haltungen zu vergleichen (Ahlman et al., 2011). Die Studie berücksichtigte Informationen aus über 400 ökologischen Milchkuhhaltungen sowie 5.335 konventionellen Herden. Abgangsdaten sowohl von Holsteins (n = 155.379) als auch von Schwedischen Roten (n = 160.794) wurden berücksichtigt.

**Tabelle 5:**  
**Anteil verschiedener Abgangsursachen (in %) in ökologischen und konventionellen Milchkuhhaltungen**

Abgangsursache/ Merkmal	Holstein-Kühe			Schwedische Rote		
	ökologisch	konventionell	Signifikanz	ökologisch	konventionell	Signifikanz
Eutergesundheit	30,7	22,5	ja	24,1	18,7	ja
mangelhafte Fruchtbarkeit	21,9	24,8	ja	23,8	26,9	ja
ungenügende Milchleistung	5,6	6,2	ja	10,1	11,3	ja
Gliedmaßenprobleme	5,3	6,6	ja	4,7	5,2	ja
Stoffwechselerkrankungen	2,1	2,2	n.s.	1,6	1,8	n.s.
sonstige Erkrankungen	3,0	2,9	n.s.	2,2	2,6	ja
andere spezifische Ursachen	14,1	15,2	n.s.	17,1	17,2	n.s.
Nicht-spezifische Ursachen	17,3	19,6	ja	16,4	16,3	n.s.

**Quelle:** Ahlman et al., 2011; n.s. = nicht signifikant

Der wichtigste Merzungsgrund von Milchkühen in der ökologischen Milcherzeugung ist die Eutergesundheit. Demgegenüber waren Fruchtbarkeitsprobleme die wichtigste Abgangsursache in der konventionellen Milcherzeugung. Das zugehörige Abgangsmuster ist für beide Rassen ähnlich (Tab. 5). Die Merzungsgründe unterschieden sich zwischen den Laktationen deutlich. In der ersten Laktation waren Fruchtbarkeitsstörungen der Hauptgrund für eine Merzung, unabhängig von der Rasse oder dem Produktionssystem (Tab. 6).

Mit zunehmender Laktationszahl waren Merzungen aufgrund einer unzureichenden Eutergesundheit wichtiger.

**Tabelle 6:**  
**Anteil der Äbgänge aufgrund ungenügender Eutergesundheit bzw. Fruchtbarkeit (in %) in Abhängigkeit von der Laktation**

Abgangsursache/ Merkmal	Holstein-Kühe			Schwedische Rote		
	ökologisch	konventionell	Signifikanz	ökologisch	konventionell	Signifikanz
<i>1. Laktation:</i>						
Eutergesundheit	20,6	15,5	ja	15,9	12,6	ja
Fruchtbarkeitsstörungen	30,9	31,7	n.s.	31,7	33,8	ja
<i>2. Laktation:</i>						
Eutergesundheit	32,2	23,2	ja	23,6	17,7	ja
Fruchtbarkeitsstörungen	23,2	27,3	ja	24,5	28,9	ja
<i>3. Laktation:</i>						
Eutergesundheit	36,6	26,2	ja	28,1	21,5	ja
Fruchtbarkeitsstörungen	18,3	20,4	ja	20,1	23,6	ja

**Quelle:** Ahlman et al., 2011 (gekürzt); n.s. = nicht signifikant

Anzuerkennen ist, dass ein hohes Abgangsrisiko aufgrund einer ungenügenden Eutergesundheit speziell bei den Holstein-Kühen zu nennen ist (Tab. 6).

Darüber hinaus belegt die Studie von Ahlmann et al. (2011) eine längere Nutzungsdauer der Milchkühe in der ökologischen Milcherzeugung (Tab. 7).

**Tabelle 7:**  
**Mittlere Nutzungsdauer der Kühe in ökologischen und konventionellen Milchkuh-haltungen**

Merkmal	Holstein-Kühe		Schwedische Rote	
	ökologisch	konventionell	ökologisch	konventionell
Nutzungsdauer (d)	1154	1087	1159	1043

Diese Beobachtung ist in guter Übereinstimmung mit Untersuchungen von Reksen et al. (1999), Hardeng und Edge (2001) oder Sundberg et al. (2009). Eine höhere Nutzungsdauer der Tiere in ökologisch wirtschaftenden Betrieben belegt auch eine deutsche Auswertung (Blank et al, 2013).

### 5.3. Fruchtbarkeit

Liu et al. (2018) nutzten bivariate Tiermodelle zur Erfassung von GUI bei (ausgewählten) Fruchtbarkeitsmerkmalen. Sie zeigten gleichzeitig, dass die Fruchtbarkeitsmerkmale unter ökologischen Haltungsbedingungen oft günstiger als unter konventionellen Haltungsbedingungen sind. Signifikante GUI konnten jedoch nur bei Färsenbesamungen beobachtet werden (Tab. 8).

**Tabelle 8:**  
**Beschreibende Statistik ausgewählter Fruchtbarkeitsmerkmale sowie berechnete Korrelationen ( $r_g$ ) zwischen der Merkmalsausprägung unter konventioneller und ökologischer Haltung (Holstein-Rinder)\***

Merkmal	Produktionssystem	ausgewertete Tierzahl (N)	Mittelwert	$r_g$	Signifikanz (Abweichung $r_g$ von Eins)
Non-Return-Rate (NNR) bei Färsen (56 Tage nach Besamung)	konventionell	85.252	63,5	0,607	ja
	ökologisch	34.712	68,0		
Anzahl Besamungen je Trächtigkeit (BI) bei Färsen	konventionell	82.832	1,74	0,742	ja
	ökologisch	33.589	1,65		
Non-Return-Rate bei Kühen (56 Tage nach Besamung)	konventionell	115.056	51,8	0,990	nein
	ökologisch	47.112	55,6		
Anzahl Besamungen je Trächtigkeit bei Kühen (1.-3. Lakt)	konventionell	114.947	2,14	0,992	nein
	ökologisch	47.049	2,06		

\*Quelle: Liu et al. (2018, stark gekürzt)

Die berechneten genetischen Korrelationen ( $r_g$ ) für die NRR bzw. für den Besamungsindex (BI) bei Färsen unter ökologischen und konventionellen Bedingungen sind geringer als  $r_g < 0,80$  (Tab. 8). Sie rechtfertigen somit die genannten Merkmale als differenzierte Kenngrößen in einer zugehörigen Zuchtwertbewertung zu bewerten.

### 5.4. Futteraufnahme und -verwertung

In der ökologischen Milcherzeugung sind Milchkühe erwünscht, die den größten Teil ihrer Milchleistung aus dem Raufutter erbringen. Einerseits ist ökologisch erzeugtes Getreide/Konzentratfutter teuer, andererseits ist das Raufutter das artgerechte Futter für den Wiederkäuer. Zur Frage, ob es GUI in der Futteraufnahme bzw. -verwertung von Kühen unter ökologischer bzw. konventioneller Haltung gibt, liegen keine Untersuchungen vor. Dieser Aspekt kann also derzeit nur indirekt bewertet werden.



Gruber et al. (2018) haben ein äußerst interessantes Fütterungsexperiment nach einem zweifaktoriellen Versuchsdesign (4 Genotypen × 4 Futterniveaus) am Institut für Nutztierforschung in Raumberg-Gumpenstein (Österreich) durchgeführt. Es belegt, das Vorhandensein von ausgeprägten GUI (Tab. 9).

Der Versuchsplan berücksichtigte folgende Genotypen und Futterniveaus:

**Genotypen (Rassen):** Fleckvieh-Doppelnutzung (FV), Holstein im nordamerikanischen Typ (H), Neuseeländische Friesian (NZL), österreichischer Holsteintyp ‚Lebensleistung‘ (H<sub>LL</sub>)

**Futterniveau:** Vollweide (W<sub>0</sub>), 0 % Kraftfutter (KF<sub>0</sub>), 20 % Kraftfutter (KF<sub>20</sub>) in der Ration, 40 % Kraftfutter (KF<sub>40</sub>) in der Ration.

Es zeigte sich ein signifikanter Anstieg der Milchleistung mit steigendem Kraftfutterniveau; ebenso erhöhte sich die Lebendmasse sowie die Lebendmasse-Effizienz (Tab. 9). Die wichtigsten Ergebnisse sind nachfolgend tabelliert.

**Tabelle 9:**  
**Beobachtete GUI im Fütterungsversuch in Gumpenstein (Gruber et al. 2018)**

Parameter (Einheit)	Genotyp (Rasse)				Futterniveau				Interaktion (Genotyp x Fütterung)
	FV	H	NZL	H <sub>LL</sub>	W <sub>0</sub>	KF <sub>0</sub>	KF <sub>20</sub>	KF <sub>40</sub>	
Milchleistung:									
Milchmenge (kg ECM/Lakt.)	5.672	6.916	5.858	5.219	5.331	5.140	6.107	7.087	ja
Lebendmasse (kg)	679	613	555	567	575	573	622	644	ja
ECM pro kg LM <sup>0,75</sup> (kg)	42,4	55,8	51,3	45,0	45,3	44,2	49,5	55,6	ja
Gesundheit bzw. Fruchtbarkeit:									
Häufigkeit der Ausfälle (%)	21,7	31,0	20,1	19,7	16,8	26,2	18,5	31,0	n.s.*
Besamungsindex	2,05	2,25	1,90	2,01	1,96	2,22	2,14	1,90	n.s.*
Güstzeit (d)	98	118	103	104	105	119	102	98	n.s.*

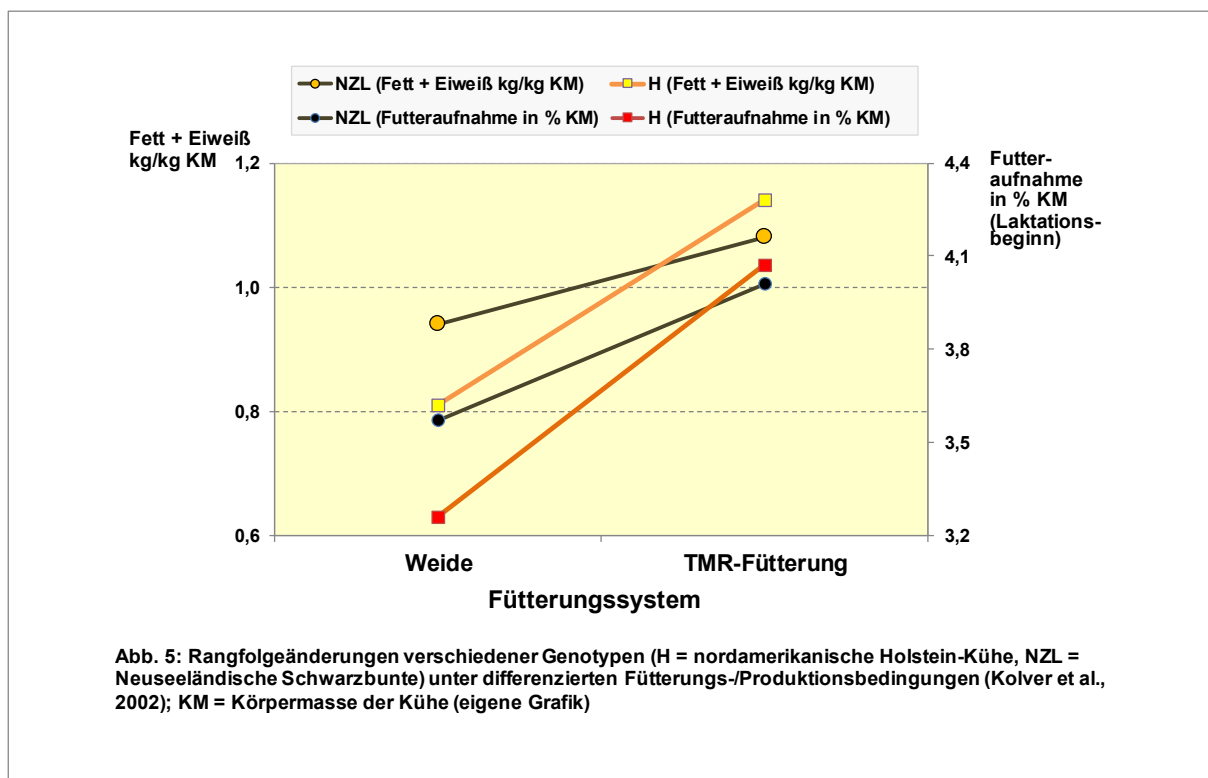
\*Anm.: aufgrund einer zu geringen Anzahl auswertbarer Daten/Kühe (= Versuchsplan (4 Genotypen × 4 Futterniveaus, N = 64)

Anzuerkennen ist, dass Wechselwirkungen zwischen Genotyp und Futterniveau bezüglich der Milchleistung, Lebendmasse und Lebendmasse-Effizienz vorliegen (Tab. 9). Die höchsten krankheitsbedingten Anfälle sind für die Holsteinrasse im nordamerikanischen Typ (H) zu nennen. Leider konnte - aufgrund des begrenzten Versuchsumfanges - keine GUI statistisch gesichert werden (Tab. 9).

Gruber et al. (2018) zeigen zusätzlich, dass die Milchleistungen bei den Tieren mit dem höchsten Leistungspotenzial (H) mit zunehmendem Kraftfutterangebot im höheren Ausmaß als bei den übrigen Genotypen ansteigen.

Eine G×U-Wechselwirkung zwischen Futterniveau und den Holstein-Genotypen ist auch bezüglich der Körpermasse (KM) zu finden. Während sich die drei Holstein-Linien bei niedrigem Kraftfutter-Niveau nur geringfügig unterscheiden, weisen die H-Kühe bei hohem Kraftfutter-Angebot eine wesentlich höhere KM auf als die beiden anderen Holstein-Genotypen (Gruber et al., 2018). Dies deutet darauf hin, dass die H-Tiere bei niedrigem Kraftfutter-Angebot in stärkerem Ausmaß Körpermasse mobilisieren.

Die Notwendigkeit einer guten Abstimmung zwischen dem genetischen Potenzial der Tiere und das Ernährungsniveau belegen bereits Kolver et al. (2008 – vgl. Abb. 5 und Tab. 10).



**Tabelle 10:**

**Vergleich großrahmiger nordamerikanischer H-Kühe und kleinrahmige Neuseeländische Kühe (NZL-Kühe) bei Fütterung mit TMR oder Weidehaltung\***

Kenngröße	Weide		TMR	
	NZL	H	NZL	H
mittlere Körpermasse (KM), kg	495	565	556	634
Milchleistung kg/Kuh (300 Tg.)	5300	5882	7304	10097
Fett + Eiweiß kg/kg KM	0,94	0,81	1,08	1,14
Kühe nicht trächtig (%)	7	62	14	29
<b>Laktationsbeginn:</b>				
• Futteraufnahme: kg T/d	16,6	17,3	20,4	24,0
• Futteraufnahme: in % KM	3,57	3,26	4,01	4,07
<b>Zunahme:</b> KM (kg/Kuh) während Laktation	44	-20	92	77

\*Quelle: Kolver et al. (2002, gekürzt)

Weitere experimentelle Prüfungen verschiedener Holstein-Linien unter einem grasbasierten Milchproduktionssystem in Irland bestätigen (Horan et al., 2005), dass bei der Bewertung der Effizienz von Produktionssystemen sowohl das praktizierte Fütterungssystem als auch die genutzten Genotypen gleichzeitig zu bewerten sind (Tab. 11).

**Tabelle 11:**  
**Effekte verschiedener Holstein-Linien (HL) unter verschiedenen Fütterungssystemen (F) in einer Irischen Versuchsanstellung mit Frühjahrsabkalbung**

Merkmal	H**		NZL**		Signifikanz H <sub>L</sub> x F
	HS* <sup>1)</sup>	HC* <sup>2)</sup>	HS* <sup>1)</sup>	HC* <sup>2)</sup>	
tgl. Milchleistung* (kg/d pro Kuh) unter Versuchsbedingungen (auf Weide)	20,8	26,0	18,1	20,3	ja
Milcheiweißgehalt (%)	3,52	3,56	3,68	3,84	ja
Abnahme Körperkondition (BCS) nach Kalbung	-0,73	-0,60	-0,57	-0,47	k. Angabe
korrigierte Milchleistung (kg pro Kuh) in der Gesamtlaktation	5999	7376	6065	6648	ja
KM (kg) nach Kalbung	553	548	518	521	k. Angabe

<sup>1)</sup>Quelle: Horan et al. (2005, wesentlich gekürzt); \*korrigiert bezüglich variierender Milchinhaltsstoffe;

\*\*H = nordamerikanische Holsteins; \*\*NZL = Neuseeländische Friesians (basierend auf Embryonenimporte); <sup>\*1)</sup>

Weidehaltung bei hoher Tierbestandsrate je ha Grünland;

<sup>\*2)</sup> Weidehaltung mit hoher Kraftfuttersupplementierung

Auch die Studie in Irland bestätigt, dass in einem Gras-basierten Milchproduktionssystem die nordamerikanischen Holsteins (H) eine größere Reaktion auf eine Kraftfuttersupplementierung als die NZL-Kühe zeigen. Gleichzeitig haben die NZL-Kühe einen höheren MilCHFett- bzw. Milchproteinkonzentration sowie die niedrigste Körpermasse.

Die Gesamtergebnisse bestätigen, dass es eine bemerkenswerte genetische Variabilität zwischen Populationen (Rassen) gibt, raufutterreiche Rationen (bei begrenzter Kraftfuttersupplementierung) zu nutzen als andere.

## Diskussion

Die Effektivität von Rinderzuchtprogrammen ist bei Vorhandensein ausgeprägter GUI deutlich reduziert. Existenz und Ausmaß von GUI sollten deshalb für alle wichtigen Selektionsmerkmale in einem Zuchtprogramm bekannt sein.

In Anlehnung an die Selektionstheorie sind für die (merkmalspezifische) Abschätzung des zu erwartenden Selektionserfolgs in Umwelt 2 aufgrund einer Selektion in Umwelt 1 ( $\Delta G_{2/1}$ ) Kenntnisse zur Höhe der zugehörigen genetischen Korrelation ( $r_g$ ) erforderlich (Dickerson, 1962):

$$\Delta G_{2/1} = i_1 \cdot h_1 \cdot r_g \cdot \sigma_{g2}$$

wenn jetzt

$i_1$  = standardisierte Selektionsintensität in Umwelt 1

$h_1$  = Quadratwurzel der Heritabilität in Umwelt 1

$r_g$  = genetische Korrelation für die Merkmalsausprägung in den beiden Umwelten

$\sigma_{g2}$  = additiv-genetische Varianz in Umwelt 2

sind.

Zahlreiche GUI-Studien sind in den letzten Jahren vorgelegt worden; vor allem für Milchleistungsmerkmale.

Das Auftreten von GUI zwischen ökologischen und konventionellen Haltungen sind speziell für die Milchleistungsmerkmale oft nur von geringer Bedeutung ( $r_g \geq 0,80$ ).

Vergleichende Gegenüberstellungen der Ergebnisse für ausgewählte funktionelle Merkmale zeigen beispielsweise, dass GUI bei Gesundheitsmerkmalen (Beispiel: Häufigkeit von Mastitiden; Abgänge wegen Eutererkrankungen) oft ein höheres Ausmaß an GUI aufweisen als vergleichsweise die Milchleistungsmerkmale (Brade und Hamann, 2009).

Da in Zukunft die Bedeutung von Gesundheits- und weiteren funktionellen Merkmalen (z.B. Futteraufnahme und -verwertung) in den Zuchtprogrammen weiter zunimmt, sollten auch zugehörige GUI verstärkt beachtet werden. Darüber hinaus sollte die weitere Ausdehnung ökologischer Produktionssysteme zugunsten konventioneller Zuchtprogramme entsprechende Leistungsprüfungen auch in Bio-Betrieben erleichtern

Wir stehen mit der Etablierung neuer Merkmale (Gesundheitsmerkmale, Futtereffizienz) in Rinderzuchtprogrammen offensichtlich erst am Anfang, spezielle GUI zu berücksichtigen.

Weitere Arbeiten scheinen speziell aus der Blickrichtung der Bewertung von Zuchtprogrammen für ökologische und konventionelle Milchproduktionssysteme erforderlich.

## Zusammenfassung

# Genotyp x Umwelt-Interaktionen in der Milchrinderzucht Teil 1: Methodische Aspekte und beobachtete Ergebnisse in der ökologischen und konventionellen Zucht

Ziel dieser Literaturrecherche ist es, die Existenz und den Umfang der Interaktion des Genotyps mit der Umwelt (GUI) unter den Bedingungen ökologischer und konventioneller Produktionssysteme merkmalspezifisch aufzuzeigen.

GUI-Studien basieren entweder auf die Auswertung großer Praxisdaten oder auf experimentelle Versuchsanstellungen.

Im vorliegenden Beitrag werden mögliche Methoden zur Quantifizierung von GUI hinsichtlich ihrer Vor- und Nachteile umfassend diskutiert. Ein interessanter methodischer Ansatz zur Quantifizierung von GUI ist die Bestimmung der genetischen Korrelation für ein definiertes Merkmal in zwei Haltungssystemen.

Die vorliegende Studie zeigt, dass GUI weniger bezüglich der Milchleistungsmerkmale sondern interessanterweise vor allem bei funktionellen Merkmalen bzw. Gesundheitsmerkmalen zu erwarten sind.

Wir stehen offensichtlich erst am Anfang, spezielle GUI in der Rinderzucht konsequent zu erfassen. Dies ist in besonderer Weise unter den Bedingungen des Vorhandenseins sehr differenzierter Milchproduktionssysteme (ökologisch vs. konventionell) anzuerkennen.

In einem nachfolgenden Beitrag (2. Teil) werden das Vorhandensein von GUI in ausgewählten Merkmalen - bei Clustering möglicher Umweltstufen (vorrangig im konventionellen Bereich) - detaillierter untersucht.

## Summary

# Genotype x environmental interactions in dairy cattle breeding

## Part 1: Methodological aspects and observed results in organic and conventional breeding

The aim of this literature review is to point out the existence and scope of the interaction of the genotype with the environment (GEI) under the conditions of organic and conventional production systems. GEI studies are based either on the evaluation of large-scale data or on experimental tests.

In this paper, possible methods for quantifying GEI are discussed in terms of their advantages and disadvantages. An interesting methodological approach to quantifying GEI is to determine the genetic correlation for a defined trait in two production systems.

The present study shows that GEI can be expected less in milk yield traits but, interestingly enough, particularly in functional traits or health traits.

Obviously, we are only beginning to recognize the special meaning of GEI in cattle breeding. This is to be recognized in a special way under the conditions of the existence of very differentiated milk production systems (organic vs. conventional). In a subsequent article (Part 2), the presence of GEI for selected characteristics - with clustering of different environmental levels (primarily in the conventional area) - is examined in more detail

## Literatur

1. Ahlman T, Berglund B, Rydhmer L, Strandberg E (2011): Culling reasons in organic and conventional dairy herds and genotype by environment interaction for longevity. *J. Dairy Sci.* 94, 1568-1575. doi: 10.3168/jds.2010-3483.
2. Beckhoff J (2012): Wie gesund sind Öko-Kühe?  
[http://www.oekolandbau.nrw.de/fachinfo/tierhaltung/milchkuehe/lz\\_27\\_2012-1\\_juergen\\_beckhoff\\_studie\\_tiergesundheit\\_oekokuehe.php](http://www.oekolandbau.nrw.de/fachinfo/tierhaltung/milchkuehe/lz_27_2012-1_juergen_beckhoff_studie_tiergesundheit_oekokuehe.php) (Zugriff am 15.09.2016).
3. Beldade P, Mateus AR, Keller RA (2011): Evolution and molecular mechanisms of adaptive developmental plasticity. *Molecular Ecology*, 20 (7), 1347-1363.
4. Blank B., Schaub D, Paulsen HM, Rahmann G (2013): Vergleich von Leistungs- und Fütterungsparametern in ökologischen und konventionellen Milchviehbetrieben in Deutschland. *Landbauforsch. (Appl Agric Forestry Res)* 63, 21-28
5. Brade W (2016): Kritische Anmerkungen zur Bewertung des Tierwohls mittels Genotyp-Phänotyp-Beziehungen bei hochleistenden Milchrindern. *Berichte über Landwirtschaft*, 94, Heft 3/2016, 14 S., <http://dx.doi.org/10.12767/buel.v94i3.123>.
6. Brade W, Hamann H (2009): Vater x Herde-Interaktion für Milchleistungsmerkmale und Verluste bei erstlaktierenden Kühen. *Züchtungskunde*. 81, 235 -242.
7. Brinkmann J, March S, Barth K, Becker M, Drerup C, Isselstein J, Klocke D, Krömker V, Mersch F, Müller J, Rauch P, Schumacher U, Spiekers H, Tichter A, Volling O, Weiler M, Weiß M, Winckler C (2011) Status quo der Tiergesundheitssituation in der ökologischen Milchviehhaltung in Deutschland: Ergebnisse einer repräsentativen bundesweiten Felderhebung. In: Leithold G, Becker K, Brock C et al. (eds) *Beiträge zur 11. Wissenschaftstagung Ökologischer Landbau*. Berlin: Köster, pp 161-169
8. de Jong G, 1995. Phenotypic plasticity as a product of selection in a variable environment. *Am. Nat.*, 145, 493- 512.
9. Dickerson GE (1962): Implication of genetic environmental interaction in animal
10. breeding. *Anim. Prod.* 4, 47-62.
11. Falconer DS (1981): *Introduction to quantitative genetics*. 2nd ed. Longman Inc., New York, USA.
12. Gruber L, Häusler J, Haiger A, Terler G, Schauer A, Royer M, Eingang D (2018): Einfluss von Genotyp und Futterniveau auf Leistung sowie Gesundheits- und Fruchtbarkeitsparameter von Milchkühen. 130. VDLUFA-KONGRESS, 18. bis 21. September 2018 in Münster.  
<https://www.vdlufa.de/kongress2018/Kurzfassungen2018.pdf>
13. Horan B, Dillon P, Faverdin P, Delaby L, Buckley F, Rath M (2005): The interaction of strain of Holstein-Friesian cows and pasture-based feed systems on milk yield, body weight and body condition score. *J. Dairy Sci.* 88, 1231-1243.

14. Hardeng F, Edge VL (2001): Mastitis, ketosis, and milk fever in 31 organic and 93 conventional Norwegian dairy herds. *J. Dairy Sci.* 84:2673–2679.
15. Johannsen W (1909): *Elemente der exakten Erblchkeitslehre*. Jena.
16. Kirkpatrick M, Heckman N (1989): A quantitative genetic model for growth, shape, reaction norms, and other infinite-dimensional characters. *J. Math. Biol.* 27, 429-450.
17. Kolver ES, Roche JR, De Veth MJ, Throne PL, Napper AR (2002): Total mixed rations versus pasture diets: Evidence for a genotype x diet interaction in dairy cow performance. *Proceedings New Zealand Society of Animal Production* 62, 246-251.
18. Kreienbock L, Schach S (2005): *Epidemiologische Methoden*. Spektrum-Verlag, München, 273 Seiten.
19. Liu A, Kargo M., Höglund J.; Zhang Z; Thomasen J, Christiansen I, Wang Y, Su G (2018): Genotype by environment interaction for female fertility traits under conventional and organic production systems in Danish Holsteins.
20. Paper, ICAR Conference and World Congress on Genetics Applied to Livestock Production 2018, Auckland, New Zealand.  
[https://www.researchgate.net/publication/324941589\\_Genotype\\_by\\_environment\\_interaction\\_for\\_female\\_fertility\\_traits\\_under\\_conventional\\_and\\_organic\\_production\\_systems\\_in\\_Danish\\_Holsteins](https://www.researchgate.net/publication/324941589_Genotype_by_environment_interaction_for_female_fertility_traits_under_conventional_and_organic_production_systems_in_Danish_Holsteins)  
(Zugriff: 12.02.2019)
21. Mulder HA (2007): Methods to optimize livestock breeding programs with genotype by environment interaction and genetic heterogeneity of environmental variance.
22. PhD thesis: Wageningen University, Netherlands.
23. Nauta WJ, Brascamp EW, Veerkamp RF, Bovenhuis H (2006): Genotype Environment Interaction between organic and conventional dairy production.  
[https://www.researchgate.net/publication/239538543\\_Genotype\\_Environment\\_Interaction\\_between\\_Organic\\_and\\_Conventional\\_Dairy\\_Production](https://www.researchgate.net/publication/239538543_Genotype_Environment_Interaction_between_Organic_and_Conventional_Dairy_Production)
24. o.V. (2018): <https://milchwirtschaft.de/aktuelles-und-veranstaltungen/aktuelles/2017/06-Biomilch.php> (Zugriff am 17.08.2018).
25. Reksen O, Tverdal A, Ropstad E (1999): A comparative study of reproductive performance in organic and conventional dairy husbandry. *J. Dairy Sci.* 82:2605–2610.
26. Rozzi P, Miglior F, Hand KJ (2007): A total merit selection index for Ontario organic dairy farmers. *J. Dairy Sci.* 90,1584-1593.
27. Simianer H (2007): *Ökologische Milchviehzucht: Entwicklung und Bewertung züchterischer Ansätze unter Berücksichtigung der Genotyp x Umwelt-Interaktion und Schaffung eines Informationssystems für nachhaltige Zuchtstrategien*. Projektnummer: 03OE373., Abschlussbericht.  
<http://orgprints.org/11222/1/11222-03OE373-uni-goettingen-simianer-2007-milchviehzucht.pdf>  
(Zugriff am 12.12.2014)
28. Strandberg E, Kolmodin R, Madsen P, Jensen J, Jorjani H (2000): Genotype by environment interaction in nordic dairy cattle studied by use of reaction Norms.
29. Sundberg, T., B. Berglund, L. Rydhmer, and E. Strandberg. 2009. Fertility, somatic cell count and milk production in Swedish organic and conventional dairy herds.
30. *Livest. Sci.* 126:176–182.
31. Windig JJ, Calus MPL, Beerda B, Veerkamp RF (2006): Genetic correlations between milk production and health and fertility depending on herd environment.
32. *J. Dairy Sci.* 89:1765–1775
33. Yamada Y (1962): Genotype by environmental interaction and genetic correlation of the same trait under different environments. *Jpn. J. Gen.* 37, 498-509.

34. Yao C, de los Campos G, VandeHaar MJ, Spurlock DM, Armentano LE, Coffey M, de Haas Y, Veerkamp RF, Staples CR, Connor EE, Wang Z, Hanigan MD, Tempelman RJ, Weigel KA (2016): Use of genotype × environment interaction model to accommodate genetic heterogeneity for residual feed intake, dry matter intake, net energy in milk, and metabolic body weight in dairy cattle. J. Dairy Sci. 100:2007–2016

<https://doi.org/10.3168/jds.2016-11606>

### **Anschrift der Autoren:**

Prof. Dr. habil. Wilfried Brade,

TiHo Hannover sowie Norddeutsches Tierzucht-Beratungsbüro

Zur Koppenheide 8, 18181 Graal-Müritz (Ostsee)

Email: [wilfried.brade@t-online.de](mailto:wilfried.brade@t-online.de)