



Berichte über Landwirtschaft

Zeitschrift für Agrarpolitik und Landwirtschaft

BAND 98 | Ausgabe 2

Agrarwissenschaft
Forschung

Praxis

Genotyp x Umwelt-Interaktionen in der Milchrinderzucht

Teil 2: Merkmalspezifität

von Wilfried Brade

1. Einleitung

Das Interesse an balancierten Zuchtprogrammen bei Milchrindern hat in den letzten beiden Jahrzehnten deutlich zugenommen. Dies wird sowohl durch den Trend zur Nutzung nachhaltigerer Produktionssysteme als auch durch die Weiterentwicklung der Selektionsverfahren (= Etablierung der genomisch gestützten Selektion) in praxi gefördert (Brade, 2013).

Bekanntermaßen führt eine einseitige Selektion auf höhere Milchleistung zur Erhöhung der Risiken für (spezielle) Erkrankungen sowie Fruchtbarkeitsstörungen (Brade, 1993 und 1995, Collard et al., 2000, Calus, 2006, Koeck et al., 2012, Neuenschwander et al., 2012, Rudolphi et al., 2012, u.a.m.). Es existieren prinzipiell zwei Möglichkeiten, diesen unerwünschten Nebenwirkungen entgegenzuwirken:

- weitere gezielte Verbesserung des Haltungssystems und -managements;
- konsequente Einbeziehung von funktionellen Merkmalen (Beispiel: esundheit und Fruchtbarkeit) in der Zuchttierauslese.

Bei signifikantem Vorhandensein von (merkmalspezifischen) GUI (z.B. Genotyp × Fütterung-Interaktionen) wird das zu realisierende Zuchtprogramm generell komplexer.

Die meisten Studien bezüglich des Vorhandenseins von GUI waren bisher auf die Ertragsmerkmale ausgerichtet. Vergleichsweise wenig ist über die Bedeutung von G×U-Wechselwirkungen beispielsweise für die Gesundheits- und Fruchtbarkeitsmerkmale bekannt.

Die vorliegende Studie hat das Ziel, das Vorhandensein von GUI für Ertrags-, Exterieur- und Gesundheitsmerkmale sowie für die Futteraufnahme bei Milchrindern zu charakterisieren.

2. Definitionen

Eine Interaktion zwischen Genotyp und Umwelt (GUI) kann identifiziert werden, wenn die phänotypische Leistung von mindestens zwei Genotypen in mindestens zwei Umwelten bewertet wird.

In der Tierhaltung ist die häufigste Umwelteinheit die Herde. Jede Herde kann als einzigartige Umwelt betrachtet werden, die durch spezielle Eigenschaften und Managemententscheidungen (innerhalb dieser Herde) charakterisiert wird.

Das Definieren von Umwelteinheiten (Herden) als Gruppen mit beispielsweise einem charakteristischen Produktionsniveau (PN) reduziert nicht nur die mögliche Anzahl unterschiedlicher Umwelteinheiten, sondern kann auch den Vergleich über (definierte) Umwelteinflüsse (z.B. PN-Klassen) erleichtern.

In diesem Sinn können alle möglichen spezifischen Herdenkenngrößen (und zugehörige Kombinationen) zur Klassifizierung der Umwelteinheiten (Herden) verwendet werden.

Aufgrund des internationalen Charakters aktueller Milchrinderzuchtprogramme und des Interesses an einer internationalen Zuchtwertschätzung wird gleichzeitig die Definition von Zuchtprogrammen auf Länderebene als unterschiedliche Umwelteinheiten immer wichtiger; auch wenn es fraglich ist, ob Ländergrenzen zufriedenstellende Umweltgruppierungen ermöglichen. Ein Lösungsvorschlag, der zweifellos effizienter und realistischer ist, könnte (zukünftig) die Gruppierung von Herden (innerhalb vergleichbarer Länder) basierend auf ausgewählten Herdenkenngrößen sein (Hammami et al., 2009)

3. Ergebnisse zur Quantifizierung von GUI

3.1. Vorbemerkung

In zahlreichen Studien wurden vor allem die Milchleistungsmerkmale auf Vorhandensein von GUI geprüft. Besonders groß ist die Anzahl der Intra-Länder-Analysen, die spezielle Umweltdeskriptoren unter Einbeziehung von väterlichen Halbgeschwisternachkommen (Töchter, Söhne) zum Inhalt haben.

Nachfolgend werden wichtige Arbeiten für Milchleistungsmerkmale und weitere Merkmale (vorzugsweise bei Gruppierung der Studien nach Inter- bzw. Intra-Länder-Analysen) zusammengestellt.

3.2. Milchleistungsmerkmale

3.2.1. Intra-Länder-Analysen

In der Tabelle 1 sind einige frühzeitige Arbeiten zur Quantifizierung von GUI bei Milchleistungsmerkmalen zusammengestellt.

Zu Beginn der (ersten) GUI-Studien (in den 1960-er Jahren) wurde oft das Produktionsniveau (PN) als Umweltdeskriptor gewählt. Später folgten weitere Umweltdeskriptoren wie das Haltungssystem (z.B. Stall vs. Weide) oder die Herdengröße (Tab. 1).

Tabelle 1: Genetische Korrelationen (r_g) für Milchleistungsmerkmale innerhalb von Ländern

Literaturquelle	Rasse ^{*2)}	Milchleistungsmerkmal	Deskriptoren (weitere Details)	r_g
Van Vleck (1963)	H	Milchmenge	PN: über/unter New Yorker-Herden-Jahres-Mittel (> +453 kg M.; < -453 kg M.)	0,93
		Milchfettmenge		0,97
Brade et al. 1979 (gekürzt)	F1 (J x DSN)	Milchmenge (305-Tg), DDR Milchfettgehalt	Produktionsniveau (2800 kg bis 4400 kg in 305-Tg)	0,87
	SMR	Milchmenge (305-Tg), DDR Milchfettgehalt		0,99 1,00
Brade und Groeneveld, 1995 (gekürzt)	H	Milchmenge (305-Tg) (184.700 Jungkühe in Niedersachsen)	Produktionsniveau (<5450 kg >5450 bis 6450 kg)	0,99 ($\pm 0,03$)
			Produktionsniveau (<5450 kg >6450 kg)	0,97 ($\pm 0,03$)
Weigel et al., 1999	H	Milchmenge	Weide- : Stallhaltung bei ähnlichem PN (Mittel: 8.848 : 9.189 kg M.)	0,92 ($\pm 0,10$)
		Milchfettmenge		0,88 ($\pm 0,10$)
		Milcheiweißmenge		0,99 ($\pm 0,10$)
Hayes et al., 2003	H	Milchmenge	Herdengröße (mittlere Kuhzahl: 90...536);	0,94
		Milchfettmenge		0,95
		Milcheiweißmenge		0,96
		Milchmenge	differenziertes PN: mittl. tägl. Proteinmenge: 17,2 kg/d 32,8 kg/d)**	0,83
		Milchfettmenge		0,78
		Milcheiweißmenge		0,70
		Milchmenge	Intra-Herden-Variabilität (Testtagswerte): 12,3%...23,6%	0,96
		Milchfettmenge		0,97
		Milcheiweißmenge		0,92
		Milchmenge	Luftfeuchte-Index (THI); 60,0%...78,4%	0,94
		Milchfettmenge		0,92
		Milcheiweißmenge		0,90
Windig et al., 2006 (stark gekürzt)	H	Milchmenge	PN: Milchleistung 6777 ...8159 kg M. (Mittel; 305 –Tage)	0,98
		Milchmenge	HN ^{*1)} : Fruchtbarkeit Besamungsindex (Mittel: 1,82...2,34)	0,96

* PN = gewähltes Produktionsniveau (zur Klassifizierung der Herden); ** errechnet;

*1) HN = Herdenniveau für die Fruchtbarkeit, klassifiziert nach dem Besamungsindex;

*2) H= Holsteinrinder, F1-Tiere aus der Verpaarung Jersey (J) mal Schwarzbunt (DSN)); SMR = Schwarzbuntes Milchrind in der früheren DDR (mit Jerseygenanteil)

Wie bereits Van Vleck (1963) zeigte, sind die beobachteten GUI vergleichsweise nur gering, falls die Differenziertheit der Umweltstufen (z.B. PN-Klassen) in engen Grenzen bleibt.

Auch bei Klassifizierung der Herden nach ihrer Größe oder der Intra-Herden-Variabilität sind die beobachteten GUI, gemessen an den Abweichungen berechneter genetischer Korrelationen von Eins ($r_g=1$), vergleichsweise gering (Tab. 1).

3.2.2 Milchleistungsmerkmale: Inter-Länder-Analysen

Der intensive internationale Handel mit Bullensamen - nach Etablierung einer konsequenten Töchterprüfung der Vatertiere (im Arbeitsgebiet einer KB-Station) zu Beginn der 1960er Jahre sowie der gleichzeitigen Entwicklung der Kryokonservierung (= Tiefgefrierung) von Spermien - hat zu einer weltweiten Nutzung von (einzelnen) Vatertieren geführt, die oft eine (überragende) Töchterbewertung in nur einem Land (Region) hatten (Brade, 1993, Groeneveld und Brade, 1996). Der leichte Zugang zu Bullenzuchtwerten, die in den Exportländern abgeleitet wurden, erforderte nun - zwecks korrekter Bewertung der Vatertiere auch unter den Bedingungen der importierenden Länder - eine merkmalspezifische Bewertung der GUI zwischen verschiedenen Ländern.

Zahlreiche Inter-Länder-Studien wurden vorgelegt. In der Tabelle 2 sind einige zugehörige Ergebnisse zusammengestellt.

Tabelle 2:
Berechnete genetische Korrelationen für Milchleistungsmerkmale in Inter-Länder-Studien (1. Laktationsleistung von Holsteinrindern)

Literaturquelle	Länder-Paare	genetische Korrelation (r_g)		
		Milch-kg	Fett-kg	Eiw.-kg
Carabaño et al., 1989 (gekürzt)	USA : Spanien	0,82		
Cienfuegos-Rivas et al., 1999, gekürzt)	USA : Mexiko	0,60*		
		0,93*		
Weigel et al., 2001 (stark gekürzt)	Deutschland :			
	Deutschland : Irland	0,85	0,84	0,83
	Deutschland : Israel	0,83	0,81	0,82
	Deutschland : Australien	0,83	0,80	0,82
	Deutschland : NL	0,92	0,93	0,93
	Deutschland : USA	0,93	0,93	0,94
	Deutschland : Kanada	0,93	0,91	0,92
	Australien:			
	Australien : NZL	0,96	0,95	0,94
	Australien : Irland	0,94	0,92	0,91
Australien : USA	0,86	0,85	0,85	
Hammami et al., 2008	Luxemburg : Tunesien (ohne weitere Subklassifizierung innerhalb der Länder)	Milch-kg: 0,60±0,03 Persistenz: 0,36±0,04		
Ojango et al., 2002	Kenia : UK	0,49±0,06		

Anmerkung: * unterschiedliche Datensätze

Die berechneten genetischen Assoziationen (r_g) auch auf Basis von Inter-Länder-Studien belegen, dass GUI (für Ertragsmerkmale) dann von geringerer Bedeutung sind, wenn die Umwelt-Differenziertheit (zwischen den Länderpaaren) begrenzt ist (Tab. 2).

Während die genetischen Beziehungen für die Milchmengenmerkmale im Ländervergleich beispielsweise zwischen Deutschland und den NL vergleichsweise hoch sind (= Belege für geringe GUI), weichen die ermittelten Werte im Ländervergleich Luxemburg und Tunesien oder UK und Kenia deutlich von Eins ab.

Hammami et al. (2009) haben in einer sehr detaillierten Arbeit zusätzlich das PN innerhalb der beiden Länder Luxemburg und Tunesien berücksichtigt (Tab. 3).

Tabelle 3:
Ermittelte genetische Parameter (h^2 , s^2g , rg) mittels eines Mehrmerkmals-Random-Regression-Modells unter Verwendung von Testtagsergebnissen für die Milchmenge in Luxemburg und Tunesien in Abhängigkeit vom Produktionsniveau (PN)*

Kenngroße/ Umwelteinheit	Luxemburg (PN)			Tunesien (PN)		
	hoch	mittel	gering	hoch	mittel	gering
<i>Luxemburg (PN):</i>						
hoch	0,41±0,02** (496.169)	0,98±0,01***	0,97±0,01	0,61±0,09	0,43±0,11	0,39±0,12
mittel		0,37±0,01 (339.274)	0,97±0,01	0,79±0,10	0,70±0,10	0,43±0,10
gering			0,31±0,02 (203.808)	0,77±0,06	0,67±0,10	0,55±0,09
<i>Tunesien (PN):</i>						
hoch				0,21±0,02 (272.794)	0,78±0,04	0,70±0,05
mittel					0,15±0,03 (151.628)	0,73±0,05
gering						0,12±0,03 (96.568)

***Quelle:** Hammami et al. (2009);

** in den Diagonalelementen: zugehörige Heritabilität, h^2 (in Klammern darunter: s^2g);

*** in den Nicht-Diagonalelementen: berechnete genetische Korrelationen; r_g

Die Arbeit dokumentiert, dass auf Länderebene - mit zunehmender Differenziertheit der PN-Einheiten - die GUI für die Milchmengenleistung signifikant zunehmen (Tab. 3). Zusätzlich bestätigt sich die Abhängigkeit der genetischen Varianz vom PN, wie es zuvor auch schon Ojango und Pollot (2002) im Ländervergleich UK : Kenia berichteten (Tab. 4).

Tabelle 4:

Ergebnisse zum Auftreten von GUI für die Milchmenge bei H-Kühen in Großbritannien (UK) und Kenia*

Kenngroße	UK	Kenia	genet. Korr. (r_g)
Zahl Kühe	20.296	1.614	0,49±0,06
mittl. 305-Tage-Lstg. (Milchmenge, kg)	7674±1820	4.557±1620	
h^2 -Werte	0,46±0,02	0,26±0,06	
genet. Varianz (s^2_g)	582.537	221.797	

* Quelle: Ojango und Pollot (2002, gekürzt)

3.3. Exterieurmerkmale: Intra-Länder-Analysen

In der Milchrinderzüchtung werden seit vielen Jahren neben der Milchleistung auch zahlreiche Exterieurmerkmale und weitere Merkmale, wie Melkbarkeit und Temperament, im Selektionsprozess berücksichtigt.

Nachfolgend sind Ergebnisse zur Quantifizierung von GUI für Exterieurmerkmale zusammengestellt.

Schwerpunktmäßig beinhaltet die zugehörige Umweltklassifizierung oft das Haltungssystem (Laufstall vs. Anbindehaltung; Stall vs. Weide), da die zugehörigen Merkmalerfassungen vorzugsweise innerhalb der verschiedenen Systeme erfolgten (Tab. 5).

Tabelle 5:
Genetische Korrelationen für Exterieurmerkmale und einige weitere Merkmale (innerhalb von Ländern)

Literaturquelle	Rasse	Merkmal	Deskriptoren (weitere Details)	r_g
Fateji et al., 2003 (gekürzt)	H (Kanad. Erstkalbskühe)	Klauenuniformität (= relative Größen der äußeren u. inneren Klaue am Hinterbein (hohe Bewertung: beide Klauen bei einheitlicher Größe))	Laufstall- : Anbindehaltung	0,98 ($\pm 0,03$)
		Hinterbeinstellung, Seitenansicht (= Bewertung des Sprunggelenkwinkel (nachteilig: stark gewinkelt))		0,86 ($\pm 0,04$)
Lassen und Mark, 2008 (gekürzt)	H (Dän. Erstkalbskühe)	Größe	Laufstall- : Anbindehaltung	0,99 ($\pm 0,01$)
		Hinterbeinwinkelung		0,98 ($\pm 0,03$)
		Hinterbeinstellung		0,92 ($\pm 0,06$)
		Sprunggelenkqualität		0,99 ($\pm 0,03$)
		Klauen		0,98 ($\pm 0,04$)
		Strichplazierung, vorn		0,98 ($\pm 0,02$)
		Strichplazierung, hinten		0,91 ($\pm 0,05$)
Van der Laak et al. (2016)	H (Niederl. Erstkalbskühe)	Körpertiefe	Stall- : saisonale Weidehaltung	0,994 (0,024)
		Eutertiefe		0,995 (0,018)
		Temperament (beim Melken)		0,989 (0,087)
		Melkbarkeit		0,996 (0,036)

Tabelle 6:
Genetische Korrelationen (r_g) für verschiedene subjektive Exterieurbewertungen*

Merkmal (subjektive Exterieurbewertung)	r_g (bivariate Auswertung)		
	Kanada: Dänemark	Kanada: USA	Dänemark: USA
Größe (Stature)	0,83	0,95	0,84
Beckenbreite	0,90	0,87	0,84
Hinterbeinstellung	0,84	0,94	0,79
Vordereuteraufhängung	0,78	0,94	0,86
Zentralband	0,79	0,93	0,86
Strichplazierung	0,77	0,95	0,83

*Quelle: Fikse (1995, stark gekürzt)

Vergleicht man die Ergebnisse auf Ebene einzelner Länderpaare, so zeigt sich, dass die Exterieurbewertungen vor allem zwischen den nordamerikanischen Staaten (USA : Kanada) eng beieinander liegen. Weniger übereinstimmend sind die Merkmalsausprägungen zwischen Dänemark und den USA oder Dänemark und Kanada. Allerdings bleiben die ermittelten genetischen

Korrelationen auch in diesen Ländervergleichen bemerkenswert hoch. Dies bestätigten auch die folgenden Arbeiten von Klei und Lawlor (1998) oder Interbull (2011).

3.4. Merkmale der Gesundheit

Als Gründe für die konsequente Berücksichtigung von Merkmalen der Tiergesundheit in modernen Rinderzuchtprogrammen sind zu nennen:

- die direkte Verbesserung der Gesundheit ermöglicht eine Kostenreduzierung und bietet die Möglichkeit der Verlängerung der Nutzungsdauer der Milchkühe;
- Sicherung einer permanent hohen Produktqualität;
- Verbesserung der Tiergesundheit ist Tierschutz.

Erschwerend kommt hinzu, dass zahlreiche unerwünschte Merkmalszusammenhänge (= Merkmalsantagonismen) in der Milchrinderzucht existieren, deren ‚Durchbrechung‘ oft schwierig ist (z.B. sehr hohe Milchleistung, leichte Melkbarkeit sowie sehr kurze Striche einerseits und zugehörige Mastitisanfälligkeit andererseits).

Für den Verbraucher ist die Gesundheit der Tiere wichtigste Voraussetzung für die Akzeptanz von Milch und Milchprodukten. Die Eutergesundheit besitzt hierbei eine spezifische Sonderstellung.

Unbestritten ist, dass die leistungsbezogene und bedarfsgerechte Energie- und Proteinversorgung der Tiere ein wichtiger Teilaspekt im gesamten Betriebsmanagement ist (Rudolphi et al., 2012). Eine zentrale Herausforderung im gesamten Herdenmanagement besteht somit darin, die Fütterung speziell nach der Kalbung an den schnell wachsenden Nährstoffbedarf und damit an die Leistung der Tiere anzupassen (Abb. 1).

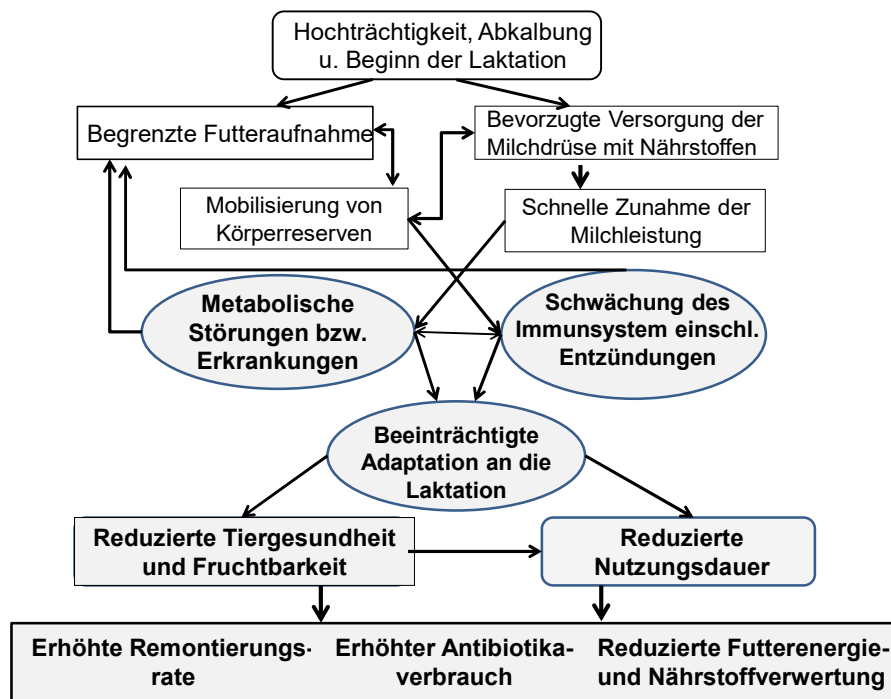


Abbildung 1: Vereinfachtes Schema bestehender Zusammenhänge bei hochleistenden Milchkühen in der Früh-laktation (eigene Grafik)

Offensichtlich gelingt es nicht in allen Herden, hohe Einsatzleistungen (≥ 40 kg Milch/Kuh/d) permanent erfolgreich zu managen (Abb. 2).

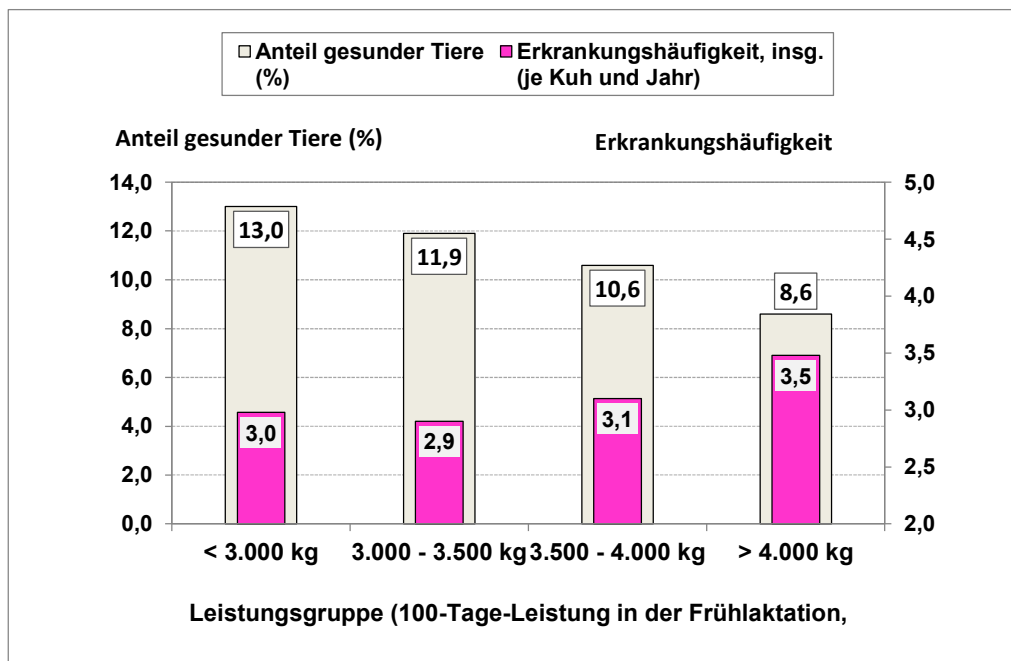


Abbildung 2: Erkrankungshäufigkeit (= Fälle pro Kuh und Jahr) in Abhängigkeit vom Leistungsniveau in der Frühlaktation (Ergebnisse aus den Testherden in Brandenburg - Quelle: Roffeis und Waurich, 2013) - eigene Grafik

Das Managementniveau auf Betriebsebene ist eine der wichtigsten Faktoren für das Erzielen einer langen Nutzungsdauer und einer hohen Lebensleistung. Bestätigt wird diese Aussage durch vergleichsweise niedrige *Heritabilitäten* (h^2 -Werte) für zahlreiche Gesundheitsmerkmale (Zwald et al., 2004a und b, Abdel-Azim et al., 2005, Koeck et al., 2012, Neuenschwander et al., 2012, Parker Gaddis et al., 2012, Cole, 2017, u.a.m.). Erschwerend kommt hinzu, dass das Vorhandensein von GUI bei Gesundheitsmerkmalen bisher nur wenig erforscht wurden (vgl. Brade und Hamman, 2009). Auch Siminaner (2007) berichtet über deutlich höhere GUI für die Eutergesundheit, erfasst über den somatischen Milchzellgehalt, vergleichsweise gegenüber den Ertragsmerkmalen. Dies ist in guter Übereinstimmung mit Ergebnissen von Calus (2006) oder Windig et al. (2006) in den Niederlanden. Die Existenz von züchterisch relevanten GUI beispielsweise bezüglich einer Mastitis kann gut mit der *Pathogenese* dieser Erkrankung erklärt werden: die Entstehung einer Mastitis setzt voraus, dass ein Erregerreservoir im Umfeld der Kuh vorhanden ist. Zusätzlich müssen Übertragungsmechanismen existieren, die beispielsweise das Durchdringen von Pathogenen durch den Strichkanal in die Zitzenzisterne ermöglichen. Schließlich muss eine, an der Invasionsrate und Pathogenität der Mikroorganismen gemessene, unzureichende Abwehrleistung des Euters bestehen (Harmon, 1994,

Spoehr, 2006). Reith (2006) bestätigte, dass es unterschiedliche Reaktionen des milchbildenden Epithels auf verschiedene Mastitiserreger gibt.

Die sogenannten Kuh-assoziierten Mastitiserreger sind gut an das Leben im Euter angepasst. Eine Infektion führt oft zu einer langandauernden subklinischen Mastitis, die auf eine antibiotische Therapie unzureichend reagiert (z.B. Staph. aureus).

Bei den sogenannten Umwelt-assoziierten Mastitiserregern handelt es sich hauptsächlich um coliforme Keime (z.B. E. coli), Enterokokken (z.B. Strep. uberis) und eine Vielzahl anderer im Kot, Einstreu, Wasser oder Futter lebender Mikroorganismen.

Da die Umwelt-assoziierten Mastitiserreger an das Leben im Euter weniger angepasst sind (wenig oder keine Adhärenzfaktoren) werden eingedrungene Mikroorganismen beispielsweise durch das Melken wiederum reduziert. Daher sind solche Infektionen speziell in der Laktationsruhe (= Trockenstehzeit) häufig zu finden (Spoehr, 2006).

Wie in konventionell wirtschaftenden Betrieben ist auch die Mastitis-Neuinfektionsrate auf Biobetrieben während der Trockenstehphase deshalb oft auf hohem Niveau (Beckhoff, 2012).

Der Keimgehalt spezifischer Umwelt-assoziiertes Mastitiserreger wird durch zahlreiche stall-/herdenspezifische Faktoren zusätzlich beeinflusst (z.B. Belegungsdichte, Boxenmaße, Reinigungshäufigkeit der Liegeflächen, mikrobiologische Belastung des verwendeten Einstreumaterials, Melkhygiene etc.). Dies führt zu sehr differenzierten ‚mikrobiellen‘ Umwelten.

Vielfältige Interaktionen vom Typ ‚Genotyp x Herde‘ können die Folge sein, denn die gleichen Genotypen (= Töchtergruppen) können in der einen Herde aufgrund eines spezifisch hohen Keimdrucks (z.B. durch unzureichende Hygiene beim Melken einschließlich Fütterungsmängel) erkranken, während sie in anderen Herden mit anderem Keimmilieu gesund bleiben.

Der deutliche Unterschied zwischen einzelnen Bio-Betrieben, den beispielsweise Beckhoff (2012) für die Mastitis-Neuinfektionsrate zeigte, konnte auch bezüglich des somatischen Milchzellgehaltes aufgezeigt werden. Dazu kommt: je nach Erregertyp, Krankheitsverlauf und Krankheitsausprägung ändert sich der prozentuale Anteil einzelner Zelltypen an der Gesamtzellzahl in der Milch. So zeigen chronische Euterkrankheitsverläufe mit schlechten Heilungschancen oft einen erhöhten Makrophagenanteil und damit ein anderes Zelldifferenzialbild als akute Mastitiden (Reith, 2006).

Van Straten et al. (2009) prüften weitere herdenspezifische Einflüsse bezüglich der Häufigkeit des Auftretens von ≥ 400.000 Zellen/ml Milch bei hochleistenden israelischen Milchkühen. Die Chance, eine deutlich erhöhte Zellzahl (> 400.000 Zellen/ml) während einer Laktation zu zeigen, war bei Kühen mit hohem Körpermasseverlust (= hohe negative Energiebilanz, NEB) 43% größer als in der Kuhgruppe, die weniger Körpermasse abbauten. Das Ergebnis unterstützt die Hypothese, dass eine lang andauernde negative Energiebilanz (NEB) in der Früh-laktation, infolge eines unzureichenden Fütterungsmanagements auf Herdenebene bei gleichzeitiger Nutzung wenig stoffwechselstabiler

Genotypen (= Töchtergruppen), eine Euterentzündung fördert (Collard et al., 2000, Van Straten et al., 2009).

Diese am Beispiel einer Euterentzündung diskutierten Wechselwirkungen zwischen Herde(n) (= Managementgruppe(n)) und Milchkuh-Genotyp(en) sind auch für das Merkmal ‚Futteraufnahme‘ zu nennen.

3.5. Futteraufnahme

3.5.1 Bewertungen von Holstein-Kühen in verschiedenen Ländern

Futter umfasst einen großen Anteil der variablen Kosten in der Milcherzeugung. Der Verzicht auf das Merkmal ‚Futteraufnahme‘ in der bisherigen Zuchtpraxis ist vor allem durch die enormen Kosten individueller Merkmalerfassungen (im Laktationsverlauf) zurückzuführen. Tierindividuelle Futteraufnahme-Daten (TA) stehen (bisher) vor allem aus Versuchsherden zur Verfügung. Oft sind die verfügbaren Datensätzen aus einer Versuchsherde jedoch nicht ausreichend groß, um zuverlässige genetisch-statistische Auswertungen zu generieren.

In einer Studie von Berry et al. (2013) wurden deshalb tierindividuelle Daten zur täglichen Futteraufnahme von Holstein-Rindern aus neun Ländern (Irland, Großbritannien, Kanada, USA, Niederlande, Deutschland, Dänemark, Australien, Neuseeland) gemeinsam ausgewertet. Insgesamt konnten 224.174 Test-Tagswerte analysiert werden (Tab. 7).

Tabelle 7:
Genetische Parameter für die tägliche Futter-Trockenmasseaufnahme (TA in kg/d) bei laktierenden Milchkuhen in einer länderübergreifenden Studie*

Datenmaterial	Zahl Laktationen	Mittelwert TA (kg/d)	Heritabilität (h^2); in Klammer: s_{h^2}	Wiederholbarkeit
laktierende Kühe:				
Gesamtmaterial	10.068	19,7	0,34 (0,03)	0,66 (0,01)
davon:				
USA (Iowa)	398	23,5	0,41 (0,14)	
USA (Wisconsin)	447	24,9	0,24 (0,16)	
Deutschland	1141	20,2	0,08 (0,06)	0,84 (0,05)
Dänemark	668	22,1	0,52 (0,12)	0,62 (0,04)
Irland	1677	16,7	0,41 (0,10)	0,64 (0,02)

*Quelle: Berry et al. (2013), stark gekürzt

Die tägliche Futter-Trockenmasseaufnahme (TA in kg/d) variieren zwischen den Versuchsherden erheblich (Tab. 7).

In Irland, Australien oder Neuseeland wird - im Gegensatz zu den meisten Herden in den USA, Kanada oder Deutschland - das zugehörige Fütterungssystem durch die Weidehaltung (bei sehr begrenzter Kraftfuttersupplementierung) dominiert (Abb. 3).

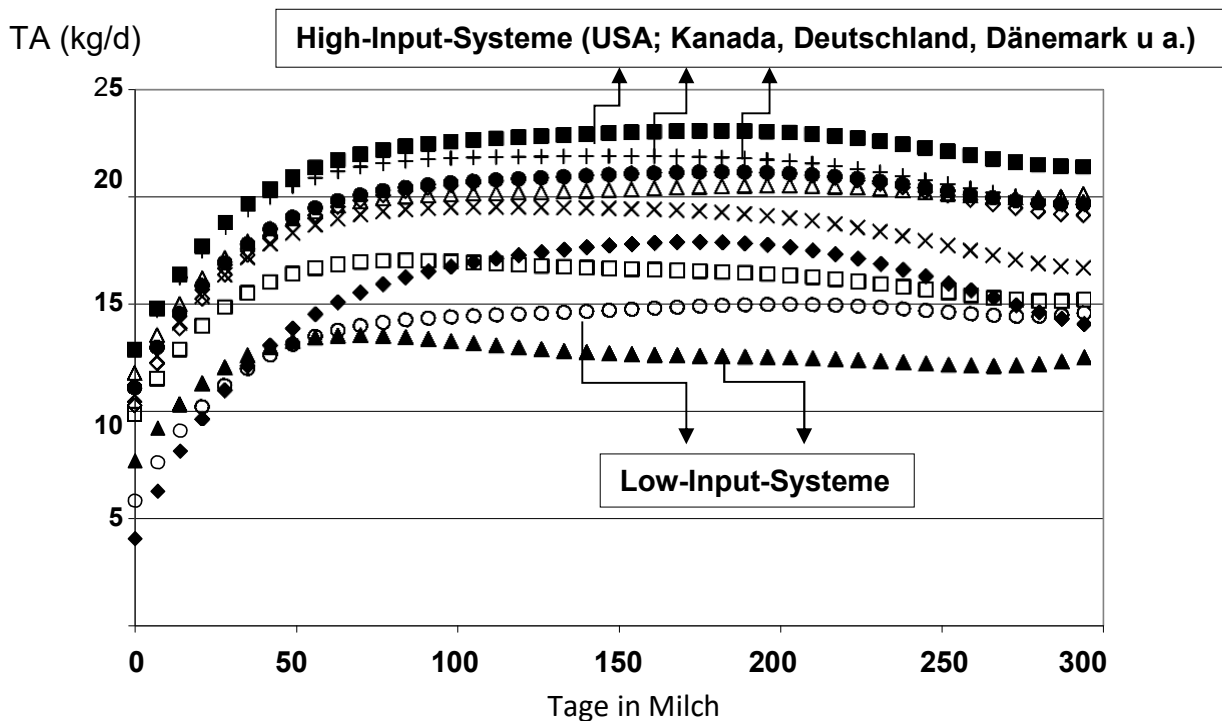


Abbildung 3: Tägliche Futtertrockenmasseaufnahme (TA, in kg/d) von Jungkühen in der 1. Laktation in verschiedenen Studien unter differenzierten Umweltbedingungen (eigene Grafik, erstellt nach Angaben von Berry et al., 2013)

Die Existenz von GUI im Merkmal ‚TA‘ wurde dadurch belegt, dass zugehörige genetische Korrelationen im paarweisen Vergleich verschiedener Produktionssysteme berechnet wurden (Tab. 8).

Tabelle 8: Berechnete genetische Korrelationen (r_g) für die TA in verschiedenen Produktionssystemen*

Region (Bezugseinheit)	Vergleichsgruppe: EU: High-Input
	r_g (s_{rg})
EU: Low-Input	0,84 (0,14)
Nordamerika	0,76 (0,21)
Weidesysteme (Low-Input)	0,33 (0,20)

*Quelle: Berry et al. (2013), stark gekürzt

Erwartungsgemäß sind die genetischen Korrelationen für die TA - bei Einbeziehung von Weideproduktionssystemen (= Low-Inputsysteme) - am geringsten.

Berry et al. (2013) schlussfolgerten aus ihren Untersuchungen, dass es möglich ist, länderübergreifende Daten für die TA zu kombinieren, um beispielsweise Zuchtwerte für KB-Bullen zu generieren. Korrekterweise sollten aber GUI, vor allem bei Integration von Weideproduktionssystemen, berücksichtigt werden.

3.5.2. Bewertung verschiedener Milchrinderrassen

Holsteins und Jerseys sind zwei weltweit verbreitete Rassen, die konsequent auf Milchleistungsmerkmale selektiert werden. Eigene frühere Untersuchungen beinhalteten einen Vergleich von Jersey(F1-)Tieren (J x H) mit reinrassigen Holstein-Stallgefährtinnen (H) in Sachsen. Mit zunehmendem Produktionsniveau nahm die Unterlegenheit der F1-Tiere im Merkmal ‚Milchmenge‘ vergleichsweise gegenüber den H-Kühen zu (Abb. 4).

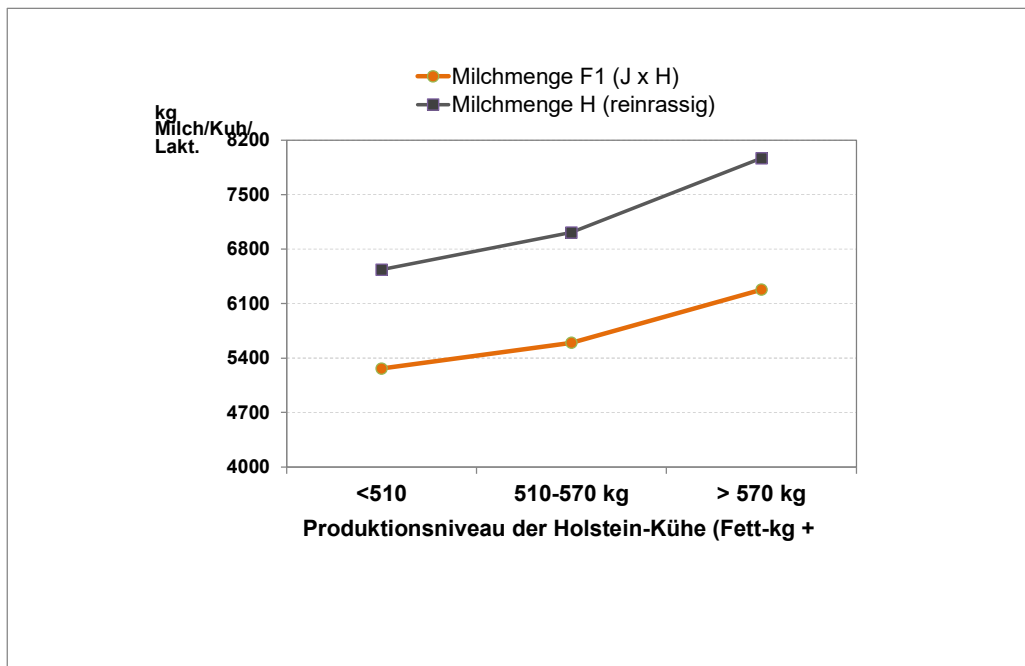


Abbildung 4: Leistungsvergleich von Holstein- und Jersey-F1-Kühen in Abhängigkeit vom Produktionsniveau in der 1. Laktation in Sachsen (Brade et al., 2010)

Die Ergebnisse belegen einen Skaleneffekt für die Milchmengenleistung in Abhängigkeit vom Produktionsniveau (Abb. 4).

Unter intensiven Weidesystemen sind Jersey-Kühe in der Lage hohe Milchleistungen pro kg Körpermasse zu erzielen (Grainger und Goddard, 2007, Prendiville et al., 2009).

Prendiville et al. (2010) bewerteten die Milcherzeugung, Körpermasse (BW), Futteraufnahme und das Weideverhalten von Holstein- (H), Jersey- (J) und Jersey (F1)-Kühen (Tab. 9).

Die H-Kühe hatten eine absolut höhere (Gras-)TA als die J-Kühe (16,7 vs. 14,6 kg/d); aber pro 100 kg Körpermasse (KM) war diese Kenngröße bei den J-Kühen im Vergleich zu den H-Kühen (4,03 vs. 3,40 kg/100 kg KM) deutlich größer. Auch im Weideverhalten zeigten sich - bei Bewertung der Merkmale in Abhängigkeit von der Körpermasse - weitere signifikante Unterschiede (Tab. 9). Die J-Kühe zeigten eine längere Gesamtweidezeit (171 vs. 129 min/d) oder mehr Bisse pro Tag bzw. mehr Bisse pro Minute (15,8 vs. 11,5 Biss/min) als ihre H-Gefährtinnen. Nachzutragen bleibt: die F1-Kühe tendierten meist dazu, dem Elternmittel zu folgen (Tab. 9).

Tabelle 9:

Mittlere tägliche Milchleistung, Körpermasse, Körperkondition (BCS), Gras-Aufnahme und Weideverhalten von 3 Milchkuh-Gruppen unter intensiven Weidebedingungen

Kenngröße	H	J	F1 (J x H)	P-Wert
Milchmenge (kg/d)	16,9	12,8	15,7	<0,001
Fett-%	4,00	5,40	4,79	<0,001
Protein-%	3,56	4,18	3,93	<0,001
mittlere Körpermasse, KM (kg)	503	373	452	<0,001
BCS (Noten: 1 bis 5)	2,75	2,91	3,00	<0,01
(absolute)T-Aufnahme: Gras (kg/d)	16,7	14,6	15,9	<0,001
mit Bezug zur Körpermasse (KM):				
T-Aufnahme: Gras (kg/100 kg KM)	3,40	4,03	3,63	<0,001
Milch-T (kg/100 kg KM)	0,25	0,33	0,30	<0,001
Verhaltensmerkmale (absolut):				
Grasenszeit (min/d)	646	637	662	n.s.
Zahl der tgl. Grasensperioden (n Bouts/d)	10	8,9	10,2	n.s.
mittl. Dauer einer Grasensperiode (min/bount)	79,5	83,9	71,7	n.s.
Gesamtbisse (n/d)	40.672	39.433	39.859	n.s.
Bissrate (n Bisse/min)	57	59	60	n.s.
Kaurate (n Kauaktivitäten/min)	6,3	7,5	6,6	<0,05
mit Bezug zur Körpermasse (KM); ausgedrückt pro 100 kg KM				
Grasenszeit (min/d)	129	171	149	<0,001
Gesamtbisse (n/d)	8.186	10.543	8.841	<0,001
Bissrate (n Bisse/min)	11,5	15,8	13,4	<0,001
Gras-T-Aufnahme (g/Biss)	0,083	0,102	0,093	<0,001

*Anmerkung T=Trockenmasse; ** n.s. = nicht signifikant

Zusammenfassend bleibt festzuhalten: Die Wahl der zu haltenden Rasse/Kombination ist betriebsabhängig (vorhandene Haltungsbedingung, Futterressourcen, Emotionalität, Vermarktung etc.). Der Milchkuhhalter sollte diejenige Rasse/Kombination nutzen, mit der er unter seinen Bedingungen am besten zu Recht kommt.

4. Veränderte Merkmalsbeziehungen unter differenzierten Umweltbedingungen

Windig et al. (2006) untersuchten die genetischen Beziehungen zwischen der Milchleistung und der Gesundheit bzw. Fruchtbarkeit in Abhängigkeit von der Herdenumwelt. Insgesamt wurden 71.720 Laktationen von Erstkalbskühen (Holsteins) in den Niederlanden analysiert. Die Herdenumwelt wurde nach verschiedenen Deskriptoren klassifiziert. Die Fruchtbarkeit wurde durch die Rastzeit (RZ) und dem Besamungsindex (BI) erfasst. Der somatische Zellgehalt in der Milch wurde als Maß für die Eutergesundheit verwendet.

Die Daten wurden mit einem Multitrait-Modell ausgewertet. Ermittelte genetische Korrelationen zwischen der Milchleistung und dem BI variierten von 0,09 bis 0,67; in Abhängigkeit von der Klassifizierung der Umwelt (Tab. 10).

Beispielsweise war die genetische Korrelation zwischen dem BI und der Milchleistung bei niedrigem Niveau (beider Merkmale) $r_g = 0,21$, während die genetische Korrelation zwischen dem BI in Herden mit hoher Fruchtbarkeitslage und hohem PN in der Milchleistung wesentlich ungünstiger war ($r_g = 0,49$ – vgl. Tab. 10).

Tabelle 10:

Genetische Korrelationen zwischen der Milchleistung (305-Tage-Leistung) und dem Besamungsindex (BI) bei differenzierter Klassifizierung der Umwelt

Milchleistung (305-Tage); klassifiziert nach dem PN	BI; klassifiziert nach dem Fruchtbarkeitslevel		
	niedrig	mittel	hoch
Deskriptor:	niedrig	mittel	hoch
niedrig	0,21	0,14	0,09
mittel	0,47	0,40	0,34
hoch	0,67	0,56	0,49

Quelle: Windig et al. (2006, stark gekürzt)

Erwartungsgemäß sind auch die korrelierten Antworten einer gezielten Selektion auf verbesserte Fruchtbarkeit (= Reduzierung des BI) unterschiedlich.

Beispielsweise führt eine gerichtete Selektion mit dem Ziel der Reduzierung des BI um 0,1 Einheiten in Herden mit durchschnittlicher Milchleistung zu einem Rückgang des (korrelierten) Selektionserfolges in der Milchleistung um ca. 111 kg. Demgegenüber war der Rückgang des Selektionserfolges für die Milchleistung in den Herden mit hohem PN bereits 178 kg Milch (Tab. 11).

Auch eine konsequente Selektion auf reduzierte Zellzahl (SCS) führt zu einer Abnahme des korrelierten Selektionserfolges bezüglich der Milchleistung; wiederum vor allem in den hochproduktiven Herden (Tab. 11).

Tabelle 11:
Korrelierte Selektionserfolge bei Selektion nach unterschiedlichen Zuchtzielen in differenzierten Umwelten

Selektionsziel (in durchschnittlicher Umwelt)	korreliertes Merkmal	PN (Milchleistung)	korrel. Selektionserfolge (Milch-kg)
BI: -0,10	Milch (305-Tage)	gering	-35
		mittel	-111
		hoch	-178
SCS: -0,5	Milch (305-Tage)	gering	-176
		mittel	-233
		hoch	-298

Quelle: Windig et al. (2006, stark gekürzt)

Die Ergebnisse erlauben die Schlussfolgerung: es ist wichtig, die Umwelt zu berücksichtigen, in der die genetische Assoziationen zwischen verschiedenen Merkmalen (Ertragsmerkmale und Gesundheit bzw. Fruchtbarkeit) erfasst werden.

Diskussion

Zahlreiche GUI-Studien sind in den letzten 50 Jahren vorgelegt worden; vor allem für Milchleistungsmerkmale.

Für die Ertrags- und Exterieurmerkmale werden nur selten bedeutende GUI beobachtet. Allerdings haben Schätzungen zugehöriger genetischer Varianzkomponenten gleichzeitig auch gezeigt, dass die genetisch bedingte Variabilität speziell für die Milchmengenmerkmale auch von der Umwelt (z.B. PN-Klassen) abhängig ist (Abschnitt 3.2)

Vergleichende Gegenüberstellungen der Ergebnisse für differenzierte Merkmale zeigen, dass GUI bei Gesundheitsmerkmalen (Beispiel: Häufigkeit von Mastitiden; Abgänge wegen Eutererkrankungen) bzw. ausgewählten funktionellen Merkmalen (z.B. Futteraufnahme) oft ein höheres Ausmaß an GUI zeigen als vergleichsweise die Ertragsmerkmale (Windig et al., 2006, Simianer, 2007, Brade und Hamann, 2009, Prendiville et al., 2010, Yao et al., 2016).

Bereits Kolver et al. (2002) berichteten über eine signifikante Interaktion zwischen Genotyp und Fütterung/Haltung. Die wichtigsten tierbedingten Faktoren für die Höhe der Futteraufnahme sind neben der Rasse wiederum der Laktationsstand, die Laktationsnummer, die Lebendmasse und die Milchleistung. Mit zunehmender Lebendmasse der Kühe steigt die Futteraufnahme nicht linear an. Erklärungsgrößen sind ein größeres Pansenvolumen und ein Anstieg des Erhaltungsbedarfs (Gruber et al., 2006).

Die möglichen Wechselwirkungen zwischen der Fütterung und dem Milchkuh-Genotyp sind bei der Bewertung speziell der Futteraufnahme äußerst vielfältig. Da in Zukunft die Bedeutung von Gesundheitsmerkmalen und weiteren funktionellen Merkmalen in den Zuchtprogrammen weiter zunimmt (Brade und Brade, 2011), bedürfen auch zugehörige GUI einer verstärkten Beachtung.

Zusammenfassung

Genotyp x Umwelt-Interaktionen in der Milchrinderzucht Teil 2: Methodische Aspekte und beobachtete Ergebnisse in der ökologischen und konventionellen Züchtung

Eine Genotyp × Umwelt-Interaktion (GUI) bedeutet, dass Genotypen in unterschiedlichen Umwelten unterschiedlich exprimieren. Dies hat im Wesentlichen folgende Konsequenzen:

1) für verschiedene spezifische (Produktions-)Umwelten können verschiedene optimal produzierende Genotypen gezüchtet werden, und 2) Umweltveränderungen können zu unterschiedlichen phänotypischen Antworten verschiedener Genotypen führen.

GUI-Studien basieren entweder auf der Auswertung großer Praxisdaten oder auf experimentellen Versuchsanstellungen.

Das Ziel dieser Literaturrecherche ist es, die Existenz und den Umfang von GUI merkmalspezifisch aufzuzeigen.

In Milchrinderzuchtprogrammen sollten GUI für die Ertrags- und Exterieurmerkmale, falls sich die Haltungs-, Klima- und Fütterungsumwelten nicht sonderlich unterscheiden, von untergeordneter Bedeutung angesehen werden.

Vergleichsweise wenig ist bezüglich des Vorhandenseins von GUI für Gesundheitsmerkmal und/oder Merkmale der Futteraufnahme/Futtermehrfizienz bekannt. Hier deuten erste Untersuchungen auf die Existenz züchterisch relevanter GUI hin.

Die (künftige) Etablierung solcher Zuchtprogramme mit konsequenter Einbeziehung von Gesundheitsmerkmalen (z.B. Mastitis) und weiteren funktionellen Merkmalen (z.B. Futteraufnahme) lassen erwarten, dass hier vorhandene spezifische GUI berücksichtigt werden müssen.

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 sowie des internationalen Spermahandels (-austausches) anzuerkennen.

Summary

Genotype x environmental interactions in dairy cattle breeding

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

Genotype × environment interaction (GEI) describes the phenomenon that genotypes express differently in different environments. This has basically the following consequences: 1) for different specific (production) environments, different optimally producing genotypes can be bred, and 2) environmental changes can lead to different phenotypic responses of different genotypes.

GEI studies are based either on the evaluation of large amounts of practice data or on experimental trials. The aim of this paper is to identify the existence and extent of the interaction of the genotype with the environment (GEI).

In dairy cattle breeding programs, GEI should be considered to be of minor importance for yield traits and exterior characteristics, if the husbandry, climate and feeding environments are not very different.

Comparatively little is known about the presence of GEI for health and/or feed intake/feed efficiency characteristics. Here, first investigations point to the existence of breeding relevant GEI.

The (future) establishment of such breeding programs with consistent inclusion of health traits (e.g. mastitis) and other functional traits (e.g. feed intake) suggests that specific GEI will have to be considered.

Obviously, we are only just beginning to grasp special GEI in bovine breeding more consistently. This is to be acknowledged in particular under the conditions of the presence of very differentiated milk production systems as well as international sperm trading (sperm exchange).

Literatur

1. Abdel-Azim GA, Freeman AE, Kehrlı ME, Kelm SC, Burton JL, Kuck AL, Schnell S (2005): Genetic basis and risk factors for infectious and noninfectious diseases in US Holsteins. I. Estimation of genetic parameters for single diseases and general health. *J. Dairy Sci.* 88, 1199-1207. DOI: [http://dx.doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(05\)72786-7](http://dx.doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(05)72786-7)
2. Beckhoff J (2012): Wie gesund sind Öko-Kühe?
http://www.oekolandbau.nrw.de/fachinfo/tierhaltung/milchkuehe/lz_27_2012-1_juergen_beckhoff_studie_tiergesundheits_oekokuehe.php (Zugriff am 15.09.2016)
3. Berry D.P., M.P. Coffey, J.E. Pryce, Y. de Haas, P. Lovendahl, N. Krattenmacher, J.J. Crowley, Z. Wang, D. Spurlock, K. Weigel, K. Macdonald, R.F. Veerkamp (2013) International Genetic Evaluations for Feed Intake in Dairy Cattle. *Interbull Bulletin* No. 47, Nantes, France, August 23 - 25, 2013, 52 -57.
4. Brade W (1979): Schätzung populationsgenetischer Parameter für Milchleistungs-merkmale. 5. Mitt.: Ermittelte Varianzkomponenten für den Faktor „Vater“ bei unterschiedlicher Klassifikation des Datenmaterials. *Archiv Tierzucht*, 22, 313-318.
5. Brade W (1993): Was gibt es Neues in der Rinderzuchtung? *Berichte über Landwirtschaft*, 71, 270-299.
6. Brade W (1995): The incorporation of health traits into cattle-breeding programmes *Animal Research and Development*, 42, 1995, 27-41.
7. Brade W (2013): Genombasierte Selektion: Konsequenzen für Zuchtprogramme und einzelbetriebliche Nutzung. *Der Prakt. Tierarzt*, 94, 157 -163
8. 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>.
9. Brade W, Brade E (2010): Genombasierte Selektion: neue Ansätze in der Rinderzuchtung – ein aktueller Überblick. *Praktischer Tierarzt*, 91, 899 -205.

10. 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 (8), 698 – 705.
11. Brade W, Groeneveld E (1995): Einfluss des Produktionsniveaus auf genetische Populationsparameter der Milchleistung sowie auf Zuchtwertschätzergebnisse. *Archiv Tierzucht*, 38, 289-298.
12. Brade W, Groeneveld E (1999): Wechselwirkung zwischen Vater und Mutter in der Milchrinderzüchtung. *Archiv Tierzucht*, 41, 527-533.
13. Brade W, Hamann H (2009): Vater x Herde-Interaktion für Milchleistungsmerkmale und Verluste bei erstlaktierenden Kühen. *Züchtungskunde*. 81, 235 -242.
14. Brade, W, Brandsch H, Ross K (1979): Schätzung populationsgenetischer Parameter für Milchleistungsmerkmale. 4. Mittl.: Einfluß des Produktionsniveaus. *Archiv Tierzucht* 22, 243-252.
15. Brade W , Hamann H, Brade E, Distl O (2008): Untersuchungen zum Verlustgeschehen von Erstkalbinnen in Sachsen. *Züchtungskunde*, 80, 127-136.
16. Brade W, Jaitner J, Reinhardt F (2010): Milchleistung von Jersey-F1-Kühen (Nordamerikanische Jerseys x Holstein) im Vergleich zu reinrassigen Holsteins im unterschiedlichen Produktionsniveau. *Züchtungskunde* 82, 363 -370.
17. Burdick JM, McGilliard LD (1963): Interaction between sires in artificial insemination and management of dairy herds. *J. Dairy Sci.* 46, 452-455.
18. Calus MPL (2006): Estimation of genotype × environment interaction for yield, health and fertility in dairy cattle. Ph.D. Thesis Animal Breeding and Genetics, Wageningen University. ISBN 90-8504-375-1.
19. Calus MPL, Groen AF, de Jong G, (2002): Genotype x environment interaction for protein yield in Dutch dairy cattle as quantified by different models. *J. Dairy Sci.* 85, 3115-3123.
20. Carabaño MJ, Van Vleck LD, Wiggans, GR, Alenda R (1989): Estimation of genetic parameters for milk and fat yields of dairy cattle in Spain and the United States. *J. Dairy Sci* 72, 3013-3022.
21. Cienfuegos-Rivas EG, Oltenacu PA, Blake, RW; Schwager SJ, Castillo-Juarez H, Ruiz FJ (1999): Interaction between milk yield of Holstein cows in Mexico and the United States. *J. Dairy Sci.* 82, 2218-2223.
22. Cole JB (2017): How selection for better health impacts dairy profitability. Council on Dairy Cattle Breeding Industry Meeting, Madison, WI (USA), 3th October, 2017 <https://aipl.arsusda.gov/publish/present.htm#2017>.
23. Collard BL, Boettcher PJ, Dekkers JCM, Petitclerc D, Schaeffer LR (2000): Relationships between energy balance and health traits of dairy cattle in early lactation. *J. Dairy Sci.* 83, 2683-2690.
24. Fatehi J, Stella A, Shannon JJ, Boettcher PJ (2003): Genetic parameters for feet and leg traits evaluated in different environments. *J. Dairy Sci.* 86:661–666.
25. Fikse F (1995): Genetic correlations between countries for somatic cell count and conformation traits. Thesis Animal Breeding (E250-701); Wageningen Agricultural University August 1995, 17 pp.
26. Grainger C, Goddard ME (2007): A review of the effects of dairy breed on feed conversion efficiency. Pages 84–92. In: Proc. 3rd Dairy Sci. Symp. Meeting the Challenges of Pasture-Based Dairying (D.F. Chapman, D. A. Clark, K. L. Macmillan, and D. P. Nation, ed.) University of Melbourne, Melbourne, Australia.

27. Groeneveld E, Brade W (1996): Nutzung der Biotechnik in der Tierzucht Dtsch. tierärztl. Wschr, 103, Sonderheft 8/9, 298-302.
28. Gruber L, M. Pries, F-J. Schwarz, H. Spiekers, W. Staudacher (2006): Schätzung der Futteraufnahme bei der Milchkuh. DLG-Information 1/2006, 28 Seiten.
29. Hammami H, Rekik B, Nicolas N (2009): GenglerGenotype by environment interaction in dairy cattle. *Biotechnol. Agron. Soc. Environ.* 13, 155-164.
30. Hammami H, Rekik B, Soyeurt H, Bastin C, Stoll J, Gengler N (2008): Genotype × environment interaction for milk yield in Holsteins using Luxembourg and Tunisian populations. *J. Dairy Sci.* 91, 3661-3671. doi:10.3168/jds.2008-1147.
31. Hammami H, Rekik B, Bastin C, Soyeurt H, Bormann J, Stoll J, Gengler N (2009): Environmental sensitivity for milk yield in Luxembourg and Tunisian Holsteins by herd management level. *J. Dairy Sci.* 92, 4604-4612. doi: 10.3168/jds.2008-1513.
32. Harmon RJ (1994): Physiology of mastitis and factors affecting somatic cell counts. *J. Dairy Sci.* 77 2103-2112.
33. Ingvarstsen KL, Weisberg MR (1993) Jersey cows have higher feed intake capacity and rate of passage than Friesian cows. *Arch. Tierz. Dummerstorf* 36, 495-498.
34. Interbull (2011): Interbull Routine Genetic Evaluation for Conformation Traits (April 2011) (APPENDIX I bis IV)
http://www.interbull.org/web/static/mace_evaluations_archive/conform/c-apr11.html (Zugriff am 1.09.2016)
35. Klei L, Lawlor T (1998): MACE for conformation. *Interbull Bulletin* 17:29-32.
<https://journal.interbull.org/index.php/ib/article/view/487/484>
36. Koeck A, Miglior F, Kelton DF, Schenkel FS (2012): Health recording in Canadian Holsteins: data and genetic parameters. *J. Dairy Sci.* 95, 4099-4108.
DOI: <http://dx.doi.org/10.3168/jds.2011-5127>
37. Kolver ES, Muller LD (1998): Performance and nutrient intake of high producing Holstein cows consuming pasture or a total mixed ration. *J Dairy Sci.* 81,1403-1411.
38. 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 of the New Zealand Society of Animal Production* 62: 246-251
39. Lassen J, Mark T (2008): Short communication: genotype by housing interaction for conformation and workability traits in Danish Holsteins. *J. Dairy Sci.* 91:4424–4428; doi:10.3168/jds.2008-1116.
40. Lin CY, Togashi K (2002): Genetic improvement in the presence of genotype by environment interaction. *Anim. Sci. J.*, 73, 3-11.
Occas. Publ. No. 19, Br. Soc. Anim. Sci., Berkshire, England.
41. Neuenschwander T F-O, Miglior F, Jamrozik J, Berke O, Kelton DF, Schaeffer LR (2012): Genetic parameters for producer-recorded health data in Canadian Holstein cattle. *Animal* 6, 571-578. <https://doi.org/10.1017/S1751731111002059>
42. Ojango JMK, Pollott GE (2002): The relationship between Holstein bull breeding values for milk yield derived in both the UK and Kenya. *Livestock Production Science* 74, 1-12.
43. Parker Gaddis KL, Cole JB, Clay JS, Maltecca C (2012): Incidence validation and relationship analysis of producer-recorded health event data from on-farm computer systems in the United States. *J. Dairy Sci.* 95, 5422-5435.
<http://dx.doi.org/10.3168/jds.2012-5572>

44. Prendiville R, Pierce KM, Buckley F (2009): An evaluation of production efficiencies among lactating Holstein-Friesian, Jersey and Jersey × Holstein-Friesian cows at pasture. *J. Dairy Sci.* 92, 6176-6185.
45. Prendiville R, Lewis E, Pierce KM, Buckley F (2010): Comparative grazing behavior of lactating Holstein-Friesian, Jersey, and Jersey × Holstein-Friesian dairy cows and its association with intake capacity and production efficiency. *J. Dairy Sci.* 93 :764–774; doi: 10.3168/jds.2009-2659.
46. Reith P (2006): Die Immunantwort boviner und capriner Euterepithelzellen auf verschiedene Mastitiserreger. Diss., Ludwig-Maximilians-Universität München.
47. Roffeis M, Waurich B (2013): Hohe Milchleistungen und gesunde Euter. Vortrag, Milchrindtag 10. Januar 2013 in Götz (Brandenburg).
http://lwf.brandenburg.de/media_fast/4055/milchrindtag_2013_dr_roffeis_eutergesundheit.pdf.
48. Rudolphi B, Harms J, Blum E, Flor J (2012): Verbesserung der Gesundheit, Nutzungsdauer und Lebensleistung von Milchkühen durch Einbeziehung zusätzlicher funktionaler Merkmale in die Selektion. Forschungsbericht Nr. 2/26, Landesforschungs-anstalt für Landwirtschaft und Fischerei des Landes Mecklenburg-Vorp., 45 Seiten.
http://www.landwirtschaft-mv.de/cms2/LFA_prod/LFA/content/de/Fachinformationen/Tierproduktion/Milcherzeugung/FoBericht_Rudolphi/funktionale_Merkmale_Rudolphi.pdf (Zugriff am 14.05.2015).
49. Schaeffer LR (1994): Multiple-country comparison of dairy sires. *J. Dairy Sci.* 77, 2671-2678.
50. Spohr M (2006): Krankheiten und tierärztliche Bestandsbetreuung. In: Rinderzucht und Milcherzeugung: Empfehlungen für die Praxis (Hrsg.: W. Brade und G. Flachowsky). Landbauforschung Völkenrode, Sonderheft 289 (2. Auflage), 145-164.
http://literatur.thuenen.de/digbib_extern/bitv/zi038339.pdf
51. Simianer H (2007): Ökologische Milchviehzucht: Entwicklung und Bewertung züchterischer Ansätze unter Berücksichtigung der Genotyp × 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)
52. Van Vleck, L.D., (1963): Genotype and environment in sire evaluation. *J. Dairy Sci.* 46, 983-985.
53. Van Straten M, Friger M, Shpigel NY (2009): Events of elevated somatic cell counts in high-producing dairy cows are associated with daily body weight loss in early lactation. *J. Dairy Sci.* 92, 4386-4394.
54. Weigel KA, Kriegl T, Pohlmann AL (1999): Genetic analysis of dairy cattle production traits in a management intensive rotational grazing environment. *Journal of Dairy Science* 82, 191-195.
55. Weigel KA, Rekaya R, Zwald NR, Fikse WF (2001): International genetic evaluation of dairy sires using a multiple-trait model with individual animal performance records. *J. Dairy Sci.* 84:2789–2795.
56. Windig JJ, Calus MPL, Beerda B, Veerkamp RF (2006): Genetic correlations between milk production and health and fertility depending on herd environment. *J. Dairy Sci.* 89:1765–1775

57. 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>

58. Zwald NR, Weigel KA, Chang YM, Welper RD, Clay JS (2004a): Genetic selection for health traits using producer-recorded data. I. Incidence rates, heritability estimates, and sire breeding values. *J. Dairy Sci.* 87, 4287-4294.

DOI: [http://dx.doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(04\)73573-0](http://dx.doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(04)73573-0)

59. Zwald NR, Weigel KA, Chang YM, Welper RD, Clay JS (2004b): Genetic selection for health traits using producer-recorded data. II. Genetic correlations, disease probabilities, and relationships with existing traits. *J. Dairy Sci.* 87, 4295-4302.

DOI: [http://dx.doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(04\)73574-2](http://dx.doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(04)73574-2).

Anschrift der Autoren:

Prof. Dr. habil. Wilfried Brade,

Norddeutsches Tierzucht-Beratungsbüro, Hannover

Zur Koppenheide 8, 18181 Graal-Müritz (Ostsee)

Email: wilfried.brade@t-online.de