



Berichte über Landwirtschaft

Zeitschrift für Agrarpolitik und Landwirtschaft

BAND 99 | Ausgabe 1

Agrarwissenschaft
Forschung

Praxis

Das Rind: ein klassischer Holobiont

Teil 2: Einfluss des ruminalen Mikrobioms auf die MilCHFettsäure-zusammensetzung

von Wilfried Brade

1 Einleitung

Um faserreiche Futtermittel verdauen zu können, ist die Kuh auf ihr Pansenmikrobiom angewiesen. Die hier vorhandene Symbiose zwischen dem Wiederkäuer (Wirt) und seinem Mikrobiom ist für beide Partner von Vorteil. So übernehmen die ruminalen Mikroorganismen Aufgaben, die im Genom eines Wiederkäuers nicht verankert sind (Brade, 2019). Dazu gehört unter anderem der Abbau von Nahrungsbestandteilen (z.B. Cellulose), die sie allein nicht zu verdauen vermögen. Ein effektiver Celluloseabbau setzt dabei das Zusammenwirken verschiedener mikrobieller Pansenpopulationen voraus.

Die durch die Hydrolyse der Zellwandbestandteile oder der Stärke gebildeten Monomere werden in einer anaeroben Glykolyse zu Pyruvat umgesetzt. Pyruvat, das zentrale Zwischenprodukt dieses mikrobiellen Kohlenhydratstoffwechsels, wird anschließend über verschiedene Stoffwechselwege zu kurzkettigen Fettsäuren, den sogenannten VFA (= kurzkettige, flüchtige Fettsäuren; engl.: volatile fatty acids) weiter umgebaut, bei der auch Pansengase (CO_2 , CH_4) entstehen.

Die Bildung von VFA sind wiederum wichtige Vorstufen für die de-novo-Synthese von kurz- und mittelkettigen Fettsäuren (FS) in der Milchdrüse des Wirtes. Somit bestehen direkte Wechselwirkungen zwischen der Pansengärung, der CH_4 -Bildung und der Milch-FS-Zusammensetzung. MilCHFett ist äußerst komplex zusammengesetzt und enthält mehr als 400 verschiedene FS. Die meisten FS sind jedoch nur in Spuren vorhanden.

FS kann man aufgrund ihrer Kettenlänge (erfassbar durch die Zahl der C-Atome) in kurz-, mittel- und langkettige FS einteilen. Enthält eine Fettsäure eine Doppelbindung (- C=C-) wird sie als ungesättigt bezeichnet; bei mehreren Doppelbindungen entsprechend als mehrfach ungesättigt.

Etwa ein Dutzend FS sind quantitativ bestimmend; vor allem gesättigte FS. Das MilCHFett unserer Rinder enthält ca. 65-70% gesättigte Fettsäuren ((engl. SFA; saturated fatty acids), ca. 25-30% einfach ungesättigte Fettsäuren (engl. MUFA; monounsaturated fatty acids) und ca. 5% mehrfach ungesättigte

Fettsäuren ((engl. PUFA; polyunsaturated fatty acids). Besonders hoch ist der Anteil der langkettigen, gesättigten Palmitinsäure im Milchfett (C16:0). Zu erwähnen ist auch, dass Milchfett eine vergleichsweise niedrige Konzentration an mehrfach ungesättigten Fettsäuren besitzt (Bobe et al., 2008, Poulsen et al., 2012, Nafikov et al., 2014).

Das Milchfett kann aus drei verschiedenen Quellen gebildet werden (Bauman et al., 2011):

1. aus der de novo-Synthese flüchtiger Fettsäuren des ruminalen Stoffwechsels als Substrat und relativ kurzkettigen, gesättigten FS (bis C16:0) als Produkt,
2. aus direkt überführten langkettigen Futter- und Mikroben-FS und
3. aus mobilisierten Körper-FS.

Im Mittel stammen bei der Milchkuh ca. 50 % der Milch-FS aus der de novo-Synthese, ca. 35 % aus Futter bzw. Mikroben und ca. 15 % aus mobilisierten Körper-FS (Bauman et al., 2011).

Jede Diät erzeugt ein charakteristisches FS-Muster (Shingfield et al., 2013). Neben der Fütterung und Wirtsgenetik haben zahlreiche weitere Faktoren deutliche Auswirkungen auf die FS-Zusammensetzung der Milch. Das Vorhandensein ausgeprägter Wechselwirkungen ist zusätzlich anzuerkennen (Abb. 1).

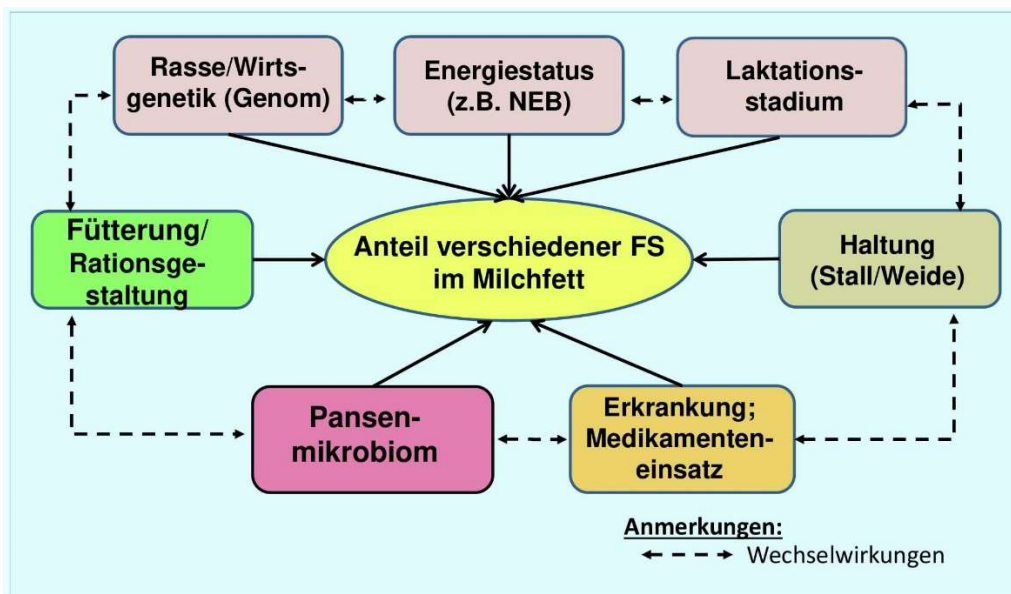


Abb. 1: Wichtige Einflussfaktoren auf die Milchfettsäurezusammensetzung – eigene Grafik (Anm.: FS = Fettsäure; NEB: negative Energiebilanz)

Über den Einfluss des Mikrobioms auf die Bildung spezifischer FS liegen bislang nur wenige Informationen vor.

Das Ziel vorliegender Übersichtsarbeit ist es, neuere Ergebnisse bezüglich der Assoziation zwischen der Milch-FS-Zusammensetzung und der Aktivität des ruminalen Mikrobioms aufzuzeigen.

2 Ruminale Fermentation und FS-Profil

2.1 Generelle Aspekte

Der größte Teil des aufgenommenen Futters einer Kuh wird bereits im Pansen fermentiert und weiter umgebildet. Dabei finden zahlreiche Stoffwechselfvorgänge in anaerober Umgebung gleichzeitig statt. Es handelt sich dabei um den anaeroben Abbau von Kohlenhydraten und Proteinen, um eine Lipolyse einschließlich Hydrierung von Fetten sowie eine mikrobielle Synthese von Proteinen, Fetten und Vitaminen. Beteiligt sind eine (unbekannte) Vielzahl von Prokaryoten (Bakterien, Archaeen) sowie Eukaryoten (Einzeller [Protozoen] und Pilze).

Durch die mikrobiellen Umsetzungen im Pansen wird die Zusammensetzung des vom Wirt aufgenommenen Futters grundlegend verändert.

Die Fermentation im Pansen führt zur Bildung von flüchtigen Fettsäuren (VFA), Methan (CH_4), Kohlendioxid (CO_2), Ammoniak (NH_3) und mikrobiellen Proteinen. Während CH_4 und CO_2 durch Aufstoßen (Ructus) direkt vom Wirt freigesetzt werden, werden VFA und NH_3 durch das Pansenepithelgewebe absorbiert und zur Leber transportiert. ‚Pansenflüchtige‘ FS werden (später) über den Dünndarm aufgenommen. Mittels der in den Zellen der Darmschleimhaut entstehenden Chylomikronen werden diese FS von hier aus über das Blut zur Leber transportiert. Zusätzlich wird beispielsweise Propionat in Glucose umgewandelt und gemeinsam mit Aminosäuren bzw. VLDL (= VLDL sind Lipoproteine; engl.: very low density lipoproteins, VLDL) über die Blutbahn weiter zum Eutergewebe transportiert.

2.2 Auswirkungen der ruminalen Biohydrierung auf das Milch-FS-Profil

Obwohl die meisten der im Futter vorhandenen (langkettigen) ungesättigten FS (engl. UFA = unsaturated FA) fast vollständig im Pansen umgebaut werden, sind im Pansenabfluss regelmäßig kleinere Mengen von Zwischenprodukten der Biohydrierung zu finden (Bauman et al., 2011). Diese werden ebenfalls über den Dünndarm aufgenommen und sind schließlich auch im Milchfett (in geringer Konzentration) nachzuweisen.

Aktuelle Studien belegen, dass die ruminale Biohydrierung (RBH) sehr komplex ist, so dass Spuren beispielsweise vieler *trans*-18:1 und CLA-Isomeren im ‚Pansenabfluss‘ bzw. im Milchfett regelmäßig zu finden sind (Bauman et al., 2011).

Dazu kommt, dass durch die Aktivitäten hochspezialisierter Bakterien im Pansen weitere spezifische (speziell: ungeradzahlige bzw. verzweigte) FS in der Milch nachzuweisen sind.

Die verabreichten Futtermittel, die Fütterungshäufigkeit und die ruminale Biohydrierung (RBH) - in Kombination mit der weiteren Milchfettsynthese im Euter - modifizieren systematisch das FS-Profil der Milch.

Eine Beeinflussung des FS-Musters der Milch ist somit bereits über die Fütterung der Wiederkäuer leicht möglich. Gut bekannt ist, dass in der Sommermilch (bei Weidegang) der UFA-Gehalt im Vergleich zur Wintermilch mit Silagefütterung generell höher ist.

Ein weiterer Hauptfaktor bezüglich der RBH-Variation im Pansen ist der Anteil des Konzentratfutters in der Diät. Diäten mit sehr hohen Konzentratanteilen reduzieren die RBH. Dies ist aufgrund des damit häufig verbundenen niedrigen pH-Wertes in der Pansenflüssigkeit und deren negative Folgen auf das ruminale Mikrobiom gut zu erklären.

Die meisten FS, die in das Duodenum gelangen, sind unverestert. Sie werden dort von den Enterozyten resorbiert, entsättigt und verestert und zu den anderen Organen (z.B. Leber) als Chylomikronen weiter transportiert.

In der Leber erfolgt ihr Umbau zu Lipoproteinen sehr geringer Dichte (VLDL) und deren Weitertransport in das extrahepatische Gewebe (Bauman et al., 2011).

Im (gesunden) Pansen ist ein sehr komplexes Mikrobiom vorhanden, das in wechselseitiger Abhängigkeit zur Fütterung, aber auch zum Wirt steht. In den zugehörigen *Prokaryoten* findet man neben FS mit geradzahligem Kettenlänge speziell auch solche mit ungerader C-Anzahl sowie auch FS mit terminalen Methylverzweigungen.

Sobald die ruminalen Mikroben in den Labmagen bzw. Dünndarm gelangen, werden sie sogleich bis zur Stufe der Amino- und Fettsäuren abgebaut. Letztere können dann als arttypische FS auch in der Milch nachgewiesen werden (Vlaeminck et al., 2006, Fievez et al., 2012).

2.3 Ungeradzahlige und verzweigtkettige FS in der Milch

Ungeradzahlige und verzweigtkettige Fettsäuren (sogenannte OBCFAs; engl.: odd and branched chain fatty acids) kommen nur in Spuren in Pflanzen vor. Sie sind jedoch regelmäßig in der Milch (oder im Fettgewebe) von Rindern zu finden (Vlaeminck et al. 2006, Nafikov et al., 2014).

OBCFA im Milchfett resultieren weitgehend aus den Aktivitäten der ruminalen Bakterien (Tab. 1).

An der *de novo*-Synthese von FS der ruminalen Bakterien können zwei verschiedene Fettsäuresynthetasen beteiligt sein: eine *geradkettige* oder eine *verzweigtkettige* FS-Synthetase. Daher kann das OBCFA-Profil in der Milch als eine Reflexion der relativen Häufigkeit spezifischer Bakterienpopulationen im Pansen bewertet werden (Vlaeminck et al., 2006, Fievez et al., 2012).

Tabelle. 1:**Fermentationsendprodukte und OBCFA-Profile einiger ausgewählter ruminaler Bakterien**

Species*	Fermentations- produkt**	Fettsäure (in g/100g FS)						
		anteiso C15:0	iso C14:0	iso C16:0	C13:0	C15:0	C17:0	C17:1
R.albus ^a	A	9,4	20,6	11,0	-	10,3	1,4	-
B. Fibrisolvens ^a	A,B,F	16,2	10,8	11,1	2,9	7,8	4,3	3,5
R. Flavefaciens ^a	A,S	2,3	2,5	7,3	0,1	3,2	0,5	-
Prevotella ^{b,c}	A,S	36,7	3,3	3,0	1,2	12,1	2,1	-
L. multiparus ^{b,c}	A,L,F	4,0	1,2	1,8	0,3	2,9	0,8	0,1
S. dextrinosolvens ^c	A,S	3,6	0,6	1,5	0,5	4,0	0,7	-
F. succinogenies ^a	A,S	7,7	3,6	3,4	9,0	30,2	2,1	-
S bovis ^b	L	0,9	0,4	0,2	0,6	1,7	1,2	0,2
S. ruminatum ^b	A,P,L	0,1	0,3	0,1	1,3	6,0	2,9	2,6

Quelle: Fievez et al., 2012 (gekürzt);

*Anmerkung/Bedeutung: ^a = Bakterien fermentieren Cellulose und Hemiselulose; ^b = Bakterien fermentieren Stärke;

^c = Bakterien fermentieren Zucker und Pektin;

** Bedeutung: A = Acetat, S = Succinat, B = Butyrat, F = Format, P = Propionat, L = Laktat

Allerdings ist nicht auszuschließen, dass auch in der Milchdrüse begrenzt spezifische ungerade FS (z.B. C17:0) synthetisiert werden. Dafür spricht die höhere Sekretion derartiger FS mit der Milch gegenüber dem FS-Profil im ‚Duodenumdurchfluss‘ der Milchkühe (Vlaeminck et al., 2006).

3 Gleichzeitige Quantifizierung der Einflüsse des Wirtes und des Mikrobioms

Buitenhuis et al. (2019) haben kürzlich gezeigt, dass der Varianzanteil, der durch die Zusammensetzung des Pansenmikrobioms (= Mikrobiabilität, m^2) bzw. durch die genetische Komponente (Heritabilität, h^2) des Wirtes zu erklären ist, für verschiedene FS spezifisch ist (Tab. 2).

Tabelle 2:**Genetische Kenngrößen (h^2 , m^2) für den Milchfett- bzw. -eiweißgehalt sowie für den Gehalt an spezifischen Fettsäuren (FS)**

Merkmal/Fettsäure	h^2	m^2
Fett-%	0,19	0,08
Eiweiß- %	0,18	0,08
Fettsäuren (Basis: g FS/100 g FS):		
C6:0	0,14	$\leq 0,01$
C8:0	0,17	$\leq 0,01$
C10:0	0,16	$\leq 0,01$
C12:0	0,19	$\leq 0,01$
C13:0	0,19	0,12
C14:0	$\leq 0,01$	0,14
C14:1 cis-9	0,69	0,03
C15:0	0,53	0,42
C16:0	0,17	$\leq 0,01$
C16:1 cis-9	0,42	$\leq 0,01$
C17:0	0,22	0,30
C18:0	0,26	0,18
C18:1 trans-11	0,11	0,16
C18:1 cis-9	0,11	$\leq 0,01$
C18:2 n-6	0,12	0,26
C18:3 n-3	$\leq 0,01$	0,31
CLA cis-9, trans-11	0,24	0,33

*Quelle: Buitenhuis et al. (2019)

Der Einfluss ruminaler Bakterien auf die Bildung von ungeradzahligen FS (C15:0, C17:0) bzw. mehrfach ungesättigten C18-FS (C18:2 n-6, C18: 3 n-3) einschließlich CLA (= konjugierte Linolsäure; engl. conjugated linoleic acid, CLA) ist - wie zu erwarten war – hoch.

Die genetische Veranlagung des Wirtes ist demgegenüber für die Variation der gesättigten Milch-FS mittlerer Länge (C6:0 bis C12:0) sowie für solche FS wie C14:1 cis-9 und C16:0, C16:1 cis-9 relevant (Tab. 2). Dies steht im Einklang mit der Tatsache, dass diese FS vollständig oder teilweise de novo synthetisiert werden bzw. die Desaturaseaktivität in der Milchdrüse widerspiegeln (Buitenhuis et al., 2019).

4 Erfassung des praktizierten Fütterungssystems

Neuere Studien zielen darauf ab, anhand von Milchinhaltsstoffen die praktizierte Fütterung sicher zu authentifizieren.

Coppa et al. (2015) haben das FS-Profil in Milchtankproben zahlreicher europäischer Länder mit dem Ziel untersucht, das zugehörige Fütterungssystem zu erfassen. Sie zeigen, dass der Anteil frischer Gräser in der Milchkuhdiät hinreichend zuverlässig durch das FS-Profil in der Milch erfasst werden kann ($r^2 = 0,81$). Demgegenüber ist eine deutlich geringere Präzision für die Erfassung des Konzentratanteils in der Ration mittels des Milch-FS-Profils zu nennen (Coppa et al., 2015). Offensichtlich bedarf es hier noch weiterer Forschung; auch speziell zur Art der verabreichten Kraftfuttermittel.

5 FS-Muster und tierindividuelle Methanemissionen

Das klimawirksame Spurengas Methan (CH_4) entsteht vor allem während des Verdauungsprozesses (enterische Fermentation) von Wiederkäuern (aber auch Monogastriden) sowie bei der anaeroben Lagerung von Wirtschaftsdüngern (Festmist, Gülle).

Mehrere Autoren haben zwischenzeitlich (spezifische) FS-Konzentrationen in der Milch getestet, um CH_4 -Vorhersagegleichungen abzuleiten (z. B. van Lingen et al., 2014, Rico et al., 2016). Engelke et al. (2019) bestätigten kürzlich frühere Beobachtungen, dass die Assoziation zwischen der CH_4 -Produktion und einigen der de novo-synthetisierten FS und Gruppen von SFA positiv, für C18:1-cis-Isomere, UFA, MUFA und n-3-FS negativ ist.

Die von Van Lingen et al. (2014) empfohlenen Regressionsbeziehungen zwecks Vorhersage der CH_4 -Emission (auf der Basis differenzierter FS in der Milch) erreichen (maximal) eine Bestimmtheit von $r^2 \leq 0,5$.

Die vorliegenden Gesamtergebnisse erlauben summa summarum die Schlussfolgerung, dass das FS-Profil der Milch (zukünftig) eine Vorhersage der CH_4 -Emission mit zumindest moderater Genauigkeit erlauben könnte (Van Lingen et al., 2014, Rico et al., 2016, Engelke et al., 2019).

Diese Ergebnisse sollten (zukünftig) betriebswirtschaftliche Vergleiche zur CH_4 -Emission in der Milcherzeugung und/oder managementbedingte Empfehlungen zur Reduzierung von CH_4 -Emissionen in der Praxis ermöglichen. Offen ist zum gegenwärtigen Zeitpunkt allerdings die Frage, ob sie auch zu genetisch-züchterisch Bewertung des CH_4 -Ertrages von Einzeltieren sinnvoll nutzbar sind (Brade, 2019).

6 Diskussion

Die FS-Zusammensetzung in der Milch ist das Ergebnis eines komplexen Prozesses, bei dem FS aus verschiedenen Quellen verwendet werden. Kurzkettige und mittelkettige gesättigte FS werden de novo in der Milchdrüse synthetisiert, während langkettige FS hauptsächlich durch das Fütterungsregime determiniert werden (Bauman et al., 2011, Shingfield et al., 2013, Nafikov et al., 2014). Das Pansenmikrobiom hat wiederum einen ausgeprägten Einfluss auf den Gehalt an ungeradzahligen FS bzw. mehrfach ungesättigten C18-FS.

Gut bekannt ist, dass bereits die Fütterung die FS-Zusammensetzung der Milch modifiziert.

So hat die konsequente Weidenutzung (Frühjahr/Sommer) - speziell im Vergleich zu ‚Winter‘-Diäten auf Basis von Maissilage und Konzentraten - gut beschriebene Effekte auf das FS-Muster in der Milch. Jede Diät erzeugt somit ein charakteristisches Milch-FS-Muster.

Auch gibt es ein wachsendes Interesse speziell an den OBCFA (Fievez et al., 2012):

- zur Diagnose der Pansenfunktion (z.B. Pansenfermentationsmuster, Bewertung des bakteriellen N-Umsatz im Pansen).
- zu deren Einfluss auf den Milchfettschmelzpunkt und
- als (indirekte) Indikatoren für die Milchproduktaufnahme durch den Menschen.

Das FS-Profil der Milch erweist sich darüber hinaus als interessanter (zukünftiger) Biomarker zur Quantifizierung der CH₄-Emission in differenzierten Produktionssystemen (bzw. für Betriebsvergleiche) mit moderater Genauigkeit (Van Lingen et al., 2014, Negussie et al., 2016, Bougouin et al., 2019, Engelke et al., 2019).

Damit scheint jedoch keineswegs der Informationsgehalt des FS-Musters vollständig ausgeschöpft zu sein. So sind aktuelle Entwicklungen zusätzlich darauf ausgerichtet, auch den Energiestatus der Milchkuh mittels des FS-Musters in der Milch regelmäßig zu bewerten (McParland et al., 2015). Die Energiebilanz (EB) ist ein wichtiges Thema bei hochleistenden Milchkühen speziell in der Früh-laktation. Wir stehen jedoch erst am Anfang, die Fülle von Informationen zu erfassen, die die FS-Zusammensetzung in der Milch sowohl über die Kuh selbst, deren Fütterung und Gesundheit als auch erzeugte Milchqualität bereithält.

Zusammenfassung

Das Rind: ein klassischer Holobiont

Teil 2: Einfluss des ruminalen Mikrobioms auf die MilCHFettsäure-zusammensetzung

Aufgrund der Aktivitäten des ruminalen Mikrobioms im Wirt (Milchkuh) enthält MilCHFett viele verschiedene und teilweise sehr spezifische Fettsäuren (FS). Hierzu zählen beispielsweise ungeradzahlige und verzweigt-kettige FS (OBCFA).

Die hohe Vielfalt und Spezifität der FS in der Milch von Wiederkäuern könnten (zukünftig) als Biomarker für:

- die Erfassung der praktizierten Fütterung (Beispiel: Frischgrasanteil in der Ration),
- die Bewertung der ruminalen Gesundheit oder
- die Quantifizierung der Aufnahme von Milch und -produkten seitens der Verbraucher und damit
- in der Humanernährung

verwendet werden.

Wir stehen jedoch erst am Anfang die Fülle von Informationen zu erfassen, die die FS-Zusammensetzung der Milch sowohl über die Kuh selbst, deren Fütterung und Gesundheit als auch über die erzeugte Milchqualität bereithält.

Summary

Cattle: a classic holobiont

Part 2: influence of the ruminal microbiome on milk fatty acid composition

Due to the activities of the ruminal microbiome in the host (milk cow), milk fat contains many different and sometimes very specific fatty acids (FA). These include, for example, odd and branched chain fatty acids (OBCFA). The high diversity and specificity of FA in ruminant milk could (in the future) serve as a biomarker for the recording of the feeding regime (e.g. share of fresh grass in the ration), for the assessment of the ruminal health of the lactating ruminants or for the quantification of the consumption of milk and milk products by consumers and thus in human nutrition.

However, we are only just beginning to understand the wealth of information the FS composition of the milk holds about the cow itself, its feeding and health and about the milk quality produced.

Literatur:

1. Arumugam M et al. (2013): Enterotypes of the human gut microbiome. *Nature* 473(7346):174–80.
2. Bauman et al. (2011): Milk fat. In: *Encyclopedia of Dairy Science* (Second Edition). Elsevier Ltd. Vol. 3, 352 – 358. ISBN: 978-0-12-374407-4.
3. Belanche A et al. (2012): Shifts in the rumen microbiota due to the type of carbohydrate and level of protein ingested by dairy cattle are associated with changes in rumen fermentation. *J. Nutr.* 142, 1684–1692. doi:10.3945/jn.112.159574.
4. Bordenstein SR, Theis KR (2015): Host biology in light of the microbiome: Ten principles of holobionts and hologenomes. *PLoS Biol* 13(8): e1002226. doi:10.1371/journal.pbio.1002226.
5. Bobe G et al. (2008): Estimates of genetic variation of milk fatty acids in US Holstein Cows. *J. Dairy Sci.* 91, 1209-1213.
6. Bougouin A et al. (2019): Individual milk fatty acids are potential predictors of enteric methane emissions from dairy cows fed a wide range of diets: Approach by meta-analysis. *J. Dairy Sci.* 102, 10616-10631. <https://doi.org/10.3168/jds.2018-15940>.
7. Brade W (2019): Wiederkäuer besitzen keine Gene für die Methanbildung in ihrem Genom. *Berichte über Landwirtschaft*, Bd. 97, Heft 2, 29 S., ISSN 2196-5099. DOI: <https://doi.org/10.12767/buel.v97i2>.
8. Buitenhuis B et al. (2019): Impact of the rumen microbiome on milk fatty acid composition of Holstein cattle. *Genet Sel Evol* 51:23; <https://doi.org/10.1186/s12711-019-0464-8>.
9. Cabezas-Garcia EH (2017): Methane Production in Dairy Cows. Individual Cow Variability in Methane Production, Doctoral Thesis, Swedish Univ. Agricult. Sci., Umeå 2017, ISBN 978-91-576-8860-6.
10. Coppa M et al. (2015): Potential of milk fatty acid composition to predict diet composition and authenticate feeding systems and altitude origin of European bulk milk. *J. Dairy Sci.* 98, 1539-1551. <http://dx.doi.org/10.3168/jds.2014-8794>
11. Creevey Ch et al. (2014): Determining the culturability of the rumen bacterial microbiome *Microbial Biotechnology* 7, 467–479 doi:10.1111/1751-7915.12141
12. Delgado B et al. (2019). Whole rumen metagenome sequencing allows classifying and predicting feed efficiency and intake levels in cattle. *Scientific Reports*, 9(1), 11. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-36673-w>
13. Difford G et al. (2018): Host genetics and the rumen microbiome jointly associate with methane emissions in dairy cows *PLoS Genet* 14(10): e1007580. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1007580>.
14. Engelke St et al. (2019): Methane prediction based on individual or groups of milk fatty acids for dairy cows fed rations with or without linseed. *J. Dairy Sci.* 102, 1788-1802. <https://doi.org/10.3168/jds.2018-14911>
15. Estellé J (2019): Benefits from the joint analysis of host genomes and metagenomes: Select the holobiont. *J Anim Breed Genet.* 136, 75–76. DOI: 10.1111/jbg.12383.
16. Fievez V et al. (2012): Milk odd- and branched-chain fatty acids as biomarkers of rumen function – An update. *Animal Feed Sci. Techn.* 172, 51-65.
17. Flachowsky G, Brade W (2007): Potenziale zur Reduzierung der Methan-Emissionen bei Wiederkäuern. *Züchtungskunde* 79, 2007, 417- 465

18. Friedman N et al. (2017): Compositional and functional dynamics of the bovine rumen methanogenic community across different developmental stages. *Environ. Microbiol.* 19, 3365–3373. doi: 10.1111/1462-2920.13846.
19. Goopy J (2019): Creating a low enteric methane emission ruminant: what is the evidence of success to the present and prospects for developing economies?
20. Goopy J et al. (2014): Low-methane yield sheep have smaller rumens and shorter rumen retention time. *Brit. J. Nutr.* 111, 578-585. doi: 10.1017/S0007114513002936.
Animal Production Science 59, 1769–1776 Review. <https://doi.org/10.1071/AN1845>.
21. Henderson G et al. (2015): Rumen microbial community composition varies with diet and host, but a core microbiome is found across a wide geographical range. *Sci. Rep.* 5:14567. doi: 10.1038/srep14567.
22. Hildebrand F et al. (2013): Inflammation-associated enterotypes, host genotype, cage and inter-individual effects drive gut microbiota variation in common laboratory mice. *Genome Biol* [Internet]. 2013; 14(1):R4. Available from: <http://genomebiology.biomedcentral.com/articles/10.1186/gb-2013-14-1-r4> <https://doi.org/10.1186/gb-2013-14-1-r4> PMID: 23347395
23. Hristov AN et al. (2015): An inhibitor persistently decreased enteric methane emission from dairy cows with no negative effect on milk production. *Proc. Natl. Acad. Sci. (USA)*, 112(34), 10663-8. doi: 10.1073/pnas.1504124112.
24. Huws SA et al. (2018): Addressing global ruminant agricultural challenges through understanding the rumen microbiome: past, present, and future. *Front. Microbiol.* 9:2161. doi: 10.3389/fmicb.2018.02161.
25. Karstrup CC et al. (2017): Presence of bacteria in the endometrium and placentomes of pregnant cows. *Theriogenology* 2017;99:43-7.
26. Kittelmann S et al. (2014): Two different bacterial community types are linked with the low-methane emission trait in sheep. *PLoS One.* 2014; 9(7):1–9.
27. Knapp J et al. (2014): Invited review: Enteric methane in dairy cattle production: Quantifying the opportunities and impact of reducing emissions. *J. Dairy Sci.* 97, 3231-3261 <http://dx.doi.org/10.3168/jds.2013-7234>.
28. Lederberg J (2000): Infectious History. *Science* 288, 287–293.
29. Macheboeuf D et al. (2008): Dose–response effects of essential oils on in vitro fermentation activity of the rumen microbial population. *Anim. Feed Sci. Technol.* 145, 335-350. doi: 10.1016/j.anifeedsci.2007.05.044.
30. Martin C et al. (2009). Methane mitigation in ruminants: From microbe to the farm scale. *Animal*, 4(3), 351–365. <https://doi.org/10.1017/S1751731109990620>.
31. McParland S et al. (2015): Genetic parameters of dairy cow energy intake and body energy status predicted using mid-infrared spectrometry of milk. *J. Dairy Sci.* 98, 1310-1320.
32. Moore SG et al. (2017): Hot topic: 16s rRNA gene sequencing reveals the microbiome of the virgin and pregnant bovine uterus. *J Dairy Sci.* 2017;100:4953–60.
33. Nafikov R et al. (2014): Genetics of fatty acid composition in bovine milk and beef. In: Garrick, D.J.; Ruvinsky, A., (eds.): *The Genetics of Cattle*. CAB International, 433- 450.
34. Negussie E et al. (2016): Invited review: Large-scale indirect measurements for enteric methane emissions in dairy cattle: A review of proxies and their potential for use in management and breeding decisions. *J. Dairy Sci.* 100:2433–2453 <https://doi.org/10.3168/jds.2016-12030>.
35. O'Herrin SM, Kenealy WR (1993). Glucose and carbon dioxide metabolism by *Succinivibrio dextrinosolvens*. *Applied and Environmental Microbiology*, 59(3), 748–755.

36. Ramayo-Caldas Y et al. (2020): Identification of rumen microbial biomarkers linked to methane emission in Holstein dairy cows. *J Anim Breed Genet.* 137, 49–59. <https://doi.org/10.1111/jbg.12427>.
37. Rico D et al. (2016): Prediction of enteric methane emissions from Holstein dairy cows fed various forage sources. *Animal*10, 203-211.
38. Poulsen et al. (2012): The influence of feed and herd on fatty acid composition in 3 dairy breeds (Danish Holstein, Danish Jersey, and Swedish Red). *J Dairy Sci.* 2012;95:6362–71.
39. Ross EM et al. (2013) Metagenomic Predictions: From Microbiome to Complex Health and Environmental Phenotypes in Humans and Cattle. *PLoS ONE* 8(9): e73056. doi:10.1371/journal.pone.0073056.
40. Shingfield KJ et al. (2013): Recent developments in altering the fatty acid composition of ruminant-derived foods. *Animal* 7:132–162.
41. Tapio I et al. (2017): The ruminal microbiome associated with methane emissions from ruminant livestock. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 8, 7–7. <https://doi.org/10.1186/s40104-017-0141-0>.
42. Van Lingen J et al. (2014): Meta-analysis of relationships between enteric methane yield and milk fatty acid profile in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 97, 7115–7132.
43. Vlaeminck B et al. (2006): Factors affecting odd- and branched-chain fatty acids in milk. A review. *Anim. Feed Sci. Tech*, 131, 389-417.
44. Van Wesemael D et al. (2018): Reducing enteric methane emissions from dairy cattle: Two ways to supplement 3-nitrooxypropanol. *J. Dairy Sci.* 102, 1780–1787. <https://doi.org/10.3168/jds.2018-14534>.
45. Wallace RJ et al. (2019). A heritable subset of the core rumen microbiome dictates dairy cow productivity and emissions. *Science Advances*, 5(7), eaav8391. <https://doi.org/10.1126/sciadv.aav8391>
46. Woese CR (1987): Bacterial evolution. *Microbiol. Rev.* 51, 221-271.

Korrespondenzadresse:

Prof. Dr. habil. Wilfried Brade,
Norddeutsches Tierzucht-Beratungsbüro
Zur Koppenheide 8,
18181 Graal-Müritz (Ostsee)
Email: wilfried.brade@t-online.de