



Berichte über Landwirtschaft

Zeitschrift für Agrarpolitik und Landwirtschaft

BAND 101 | Ausgabe 2

Agrarwissenschaft
Forschung

Praxis

Genetische Zusammenhänge zwischen Milchleistung, Exterieur- und Gesundheitsmerkmalen bei Deutschen Holsteins

von Wilfried Brade

1. Einleitung

Moderne Zuchtziele sind komplex. Bereits aktuell werden im Rahmen von Zuchttierbewertungen mehr als 50 Merkmale in den meisten nordamerikanischen bzw. nordwesteuropäischen Holstein-Zuchtprogrammen erfasst.

Neben den Milchleistungsmerkmalen, Fruchtbarkeits- und Abkalbedaten sowie der Nutzungsdauer werden beispielsweise aktuell mehr als 15 Exterieurmerkmale in der Holstein-Züchtung vieler Länder berücksichtigt.

Für eine Vielzahl wichtiger Produktionskrankheiten liegt nachweislich auch eine genetisch bedingte Komponente vor. Allerdings ist diese oft relativ gering und Selektionserfolge deshalb nur begrenzt möglich.

Seit April 2019 sind nun auch in Deutschland - dem internationalen Trend folgend - für verschiedene Produktionskrankheiten genomisch gestützte tierindividuelle Bewertungen verfügbar.

Nachfolgend sollen einige wichtige Merkmalszusammenhänge - unter besonderer Berücksichtigung ausgewählter Gesundheitsmerkmale - aufgezeigt werden.

2. Ist-Stand der Holstein-Züchtung in Deutschland

Die Holsteinrasse (= im nordamerikanischen Typ) ist bezüglich der Milchleistungsveranlagung, aber auch in der Euterqualität, im Vergleich mit anderen in Deutschland genutzten Rassen, führend.

In vielen Betrieben ist jedoch nach wie vor die Abgangsrate zu hoch. Hier reicht die eigene Nachzucht oft nicht aus, die Herde zu remontieren (RUDOLPHI ET AL., 2012).

Hauptabgangsursachen sind: Unfruchtbarkeit, Störungen der Eutergesundheit, Erkrankungen der Klauen/Gliedmaßen sowie Stoffwechselstörungen (Brade, 2006, Martens, 2015).

Unbestritten ist, dass die leistungsbezogene und bedarfsgerechte Energie- und Proteinversorgung der Tiere ein wichtiger Teilaspekt im Betriebsmanagement ist.

In zahlreichen Untersuchungen zeigt sich, dass eine direkte Beziehung zwischen der negativen Energiebilanz/dem Ausmaß der Körperfettmobilisation und dem Einsetzen der zyklischen Eierstockaktivität nach der Kalbung besteht (Collard et al., 2000, Tremblay et al., 2018).

Eine zentrale Herausforderung im gesamten Management besteht somit darin, die Fütterung, speziell nach der Kalbung, an den schnell wachsenden Nährstoffbedarf und damit an die Leistung der Tiere anzupassen (Abb. 1).

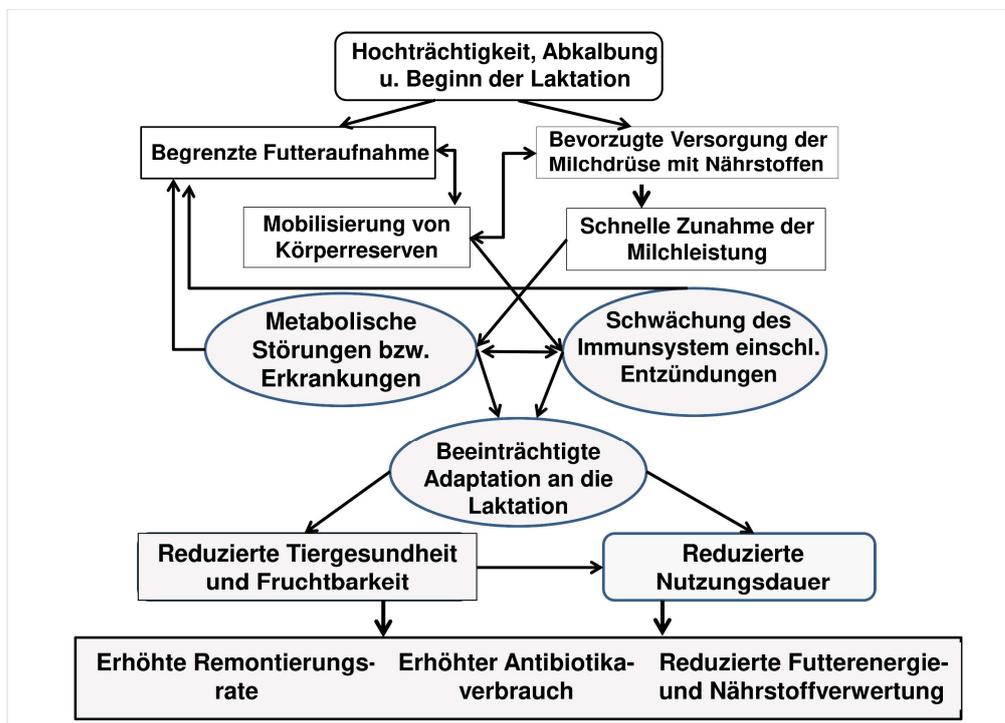


Abb. 1: Vereinfachtes Schema bestehender Zusammenhänge bei hochleistenden Milchkühen in der Frühlaktation (eigene Grafik)

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

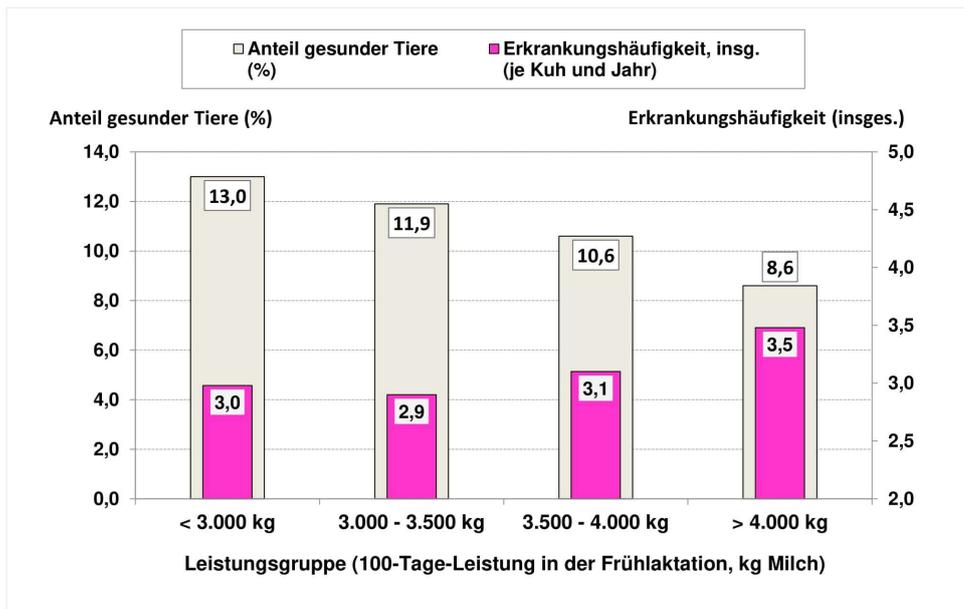


Abb. 2: Erkrankungshäufigkeit (= Fälle pro Kuh und Jahr) in Abhängigkeit vom Leistungsniveau in der Frühlaktation (Quelle: ROFFEIS UND WAURICH, 2013) - eigene Grafik

Ein sehr gutes 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 funktionelle Merkmale bzw. polygene Gesundheitsmerkmale (ABDEL-AZIM ET AL., 2005, KOECK ET AL., 2012, NEUENSCHWANDER ET AL., 2012, PARKER GADDIS ET AL., 2012, COLE, 2017, MCNEEL ET AL., 2017, PARKER GADDIS ET AL., 2017, u.a.m.).

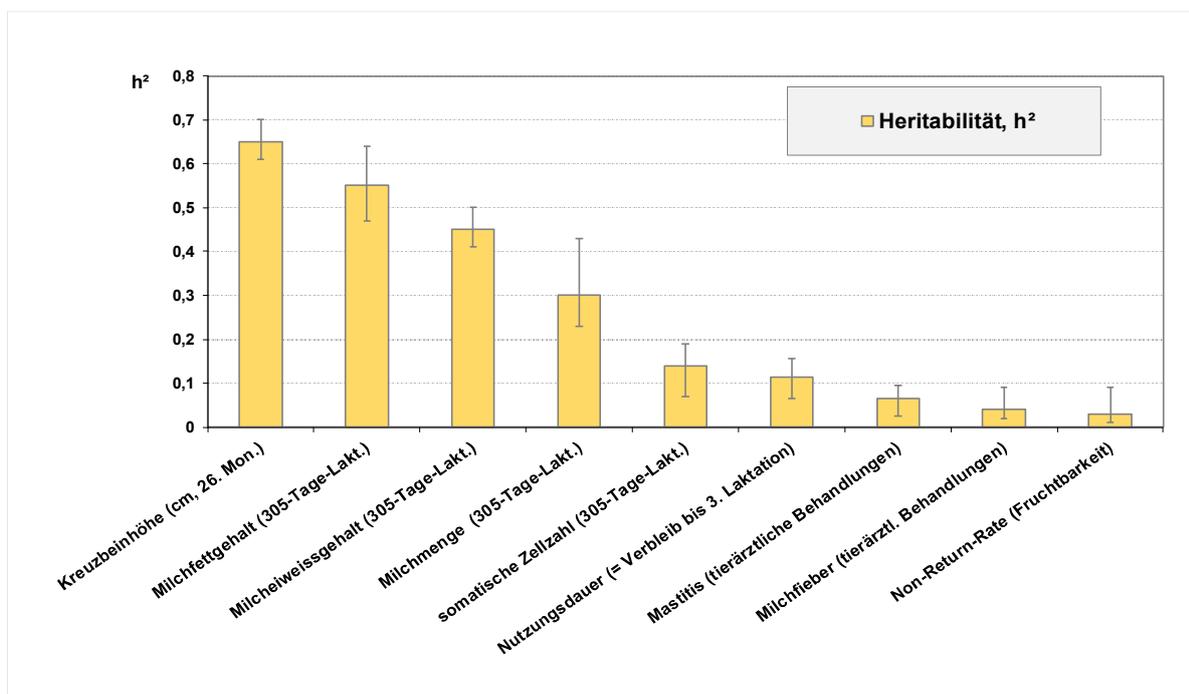


Abb. 3: Orientierungswerte für die Heritabilität verschiedener Merkmale in der Milchrinderzucht

Eine Erblichkeit beispielsweise von $h^2 = 0,04$ für das Merkmal ‚Milchfieber‘ bedeutet, dass ‚nur‘ 4 % der vorhandenen Variation genetisch bedingt ist (vgl. Abb. 3). Im Umkehrschluss weist diese niedrige Erblichkeit darauf hin, dass 96 % der beobachteten Variabilität durch nichtgenetische Faktoren (wie optimale Gestaltung der Transit-Periode, Vermeidung von Stress im geburtsnahen Zeitraum etc.) erklärt werden müssen.

Wesentlich höher sind die Erblichkeiten für die Größe der Milchkühe, den Milchfettgehalt oder auch für die Milchmenge (Abb. 3). Sie können somit leichter mittels gezielter züchterischer Selektion verbessert werden als vergleichsweise die Fruchtbarkeit oder die Eutergesundheit (Abb. 3).

3. Aktuelle Merkmalerfassung bei Holsteinrindern

Die individuelle Erfassung der Milchleistung erfolgt im Rahmen der Milchleistungsprüfung (MLP). Diese Leistungsprüfung beinhaltet die Ermittlung der Milchmenge, ausgewählter Milchbestandteile sowie des somatischen Milchzellgehaltes.

In Deutschland gilt die so genannte A4-Methode als Standard. Bei der A4-Methode wird im Abstand von 4 Wochen durch einen Leistungsprüfer eines Milchkontrollvereins von allen Gemelken des Prüftages die Milchmenge je Einzeltier erfasst und eine Milchprobe entnommen. Zunehmende Verbreitung findet - aus Kostengründen - die AT4-Prüfung. Hier wird zu jedem Kontrolltermin nur eine Melkzeit, abwechselnd morgens und abends, kontrolliert. Die Besitzerprüfung (= B-Kontrolle), d.h. die Durchführung durch den Tierhalter selbst, hat nur in einigen wenigen Regionen aktuell größere Bedeutung.

Die Exterieurbeurteilung besitzt in der Rinderzucht - in Verbindung mit der Erfassung von Körpermaßen - eine lange Tradition.

Im engeren Sinn versteht man unter der Exterieurbeurteilung ein Verfahren zur Erfassung von ausgewählten Typ- und Eutermerkmalen nach einem definierten Notensystem. Ihre einfache und kostengünstige Durchführung, verbunden mit zum Teil relativ hohen Heritabilitäten, sind von besonderem Vorteil.

Die verschiedenen Rasseverbände haben spezifische Bewertungssysteme erarbeitet. Im linearen Bewertungssystem des DHV (= Deutscher Holsteinverband) werden die Exterieurmerkmale mittels einer Notenskala von 1 bis 9 (durch subjektive Bewertung qualifizierter Tierbeurteiler) individuell beschrieben (Tab. 1).

Tab. 1:
Körpermerkmale für die (subjektive) Nachzuchtbeurteilung (DHV-Schlüssel)*

| | die Größe wird in cm in der Mitte des Kreuzbeins gemessen | |
|--------------------------------|---|--------------------------|
| Größe (Gro) | | |
| Stärke (Stä) | 1 = sehr schwach/schmal | 9 = sehr stark und breit |
| Körpertiefe (KTi) | 1 = sehr wenig Tiefe | 9 = sehr viel Tiefe |
| Milchcharakter (Mch) | 1 = sehr derb und massig | 9 = sehr scharf /fein |
| Beckenneigung (BNE) | 1 = sehr stark ansteigend | 9 = stark abfallend |
| Beckenbreite (BBR) | 1 = sehr schmal | 9 = sehr breit |
| Hinterbeinwinkelung (HWi) | 1 = sehr steil | 9 = sehr gewinkelt |
| Klauenwinkel (KLW) | 1 = flach | 9 = steil |
| Sprunggelenk (SPR) | 1 = derb (gefüllt) | 9 = trocken (flach) |
| Hinterbeinstellung (HBS) | 1 = hackeneng | 9 = parallel |
| Bewegung (Bew) | 1= schlecht | 9 = gut |
| Hintereuterhöhe (HEu) | 1 = niedrig | 9 = hoch |
| Zentralband (ZBA) | 1 = schwach | 9 = stark |
| Strichplatzierung vorn (SPv) | 1 = sehr weit außen | 9 = innen |
| Strichplatzierung hinten (SPh) | 1 = sehr weit außen | 9 = innen |
| Vordereuteraufhängung (VEu) | 1 = lose | 9 = fest |
| Eutertiefe (ETi) | 1 = sehr tief | 9 = hoch |
| Strichlänge (STL) | 1 = sehr kurz | 9 = lang |
| Kondition (BCS-Note) | 1 = mager (wenig) | 9 = dick, rund (fett) |

*Quelle: <https://www.rind-schwein.de/brs-rind/exterieur-zucht.html>

Bereits vor mehr als drei Jahrzehnten wurde in den skandinavischen Ländern mit der regelmäßigen Erfassung tierärztlicher Behandlungen begonnen und zugehörige Ergebnisse routinemäßig in der Zucht etabliert (PHILIPSSON UND LINDHE, 2003, HERINGSTAD ET AL., 2007).

In den USA wurde von der tiergenetischen Abteilung des Pharmakonzerns ZOETIS, also auf privatwirtschaftlicher Basis, ein genomisch gestützter Gesundheits-Check entwickelt, der gleichzeitig sechs Gesundheitsmerkmale (Mastitis, Lahmheit, Metritis, Nachgeburtsverhalten, Labmagenverlagerung und Ketose) tierindividuell erfasst (COLE 2017, VUKASINOVIC ET AL., 2017). Dieser wird als Wellness-Index (exakt: *Wellness Trait Index™* [WTI™]) bezeichnet und seit Frühjahr 2016 in den USA genutzt.

In Analogie zum US-amerikanischen Wellnesszuchtwert werden nun auch im deutschen Gesundheitszuchtwert (RZ_{gesund}) verschiedene Krankheitsresistenzen tierindividuell bewertet.

Für die Zuchtwertschätzung relevant sind insgesamt 13 Einzelmerkmale. Die direkten Gesundheitszuchtwerte werden - in ähnlicher Weise wie in den USA - in mehrere (Teil)-Komplexe gegliedert:

- Eutergesundheit (RZ_{Euterfit})
- Klauengesundheit (RZ_{Klaue})
- Reproduktionsstörungen (RZ_{Repro})
- Stoffwechselstörungen (RZ_{Metabol}).

Die neuen direkten (Teil-)Gesundheitszuchtwerte werden wiederum zu einem Gesamtzuchtwert (= RZ_{gesund}) zusammengefasst, ähnlich wie er vom Autor bereits in 2011 vorgeschlagen wurde. Dabei kommen folgende Gewichtsanteile aktuell zur Anwendung (Tab. 2).

Der RZ_{Euterfit} erfährt mit 40% das höchste Gewicht im neuen RZ_{gesund} (Tab. 2). Im spezifischen RZ_{Repro} werden sowohl früh in der Laktation auftretende Probleme (Nachgeburtsverhaltung etc.) als auch später (im Laktationsverlauf) auftretende reproduktive Störungen (z.B. Zysten) erfasst. Auch in den Zuchtwerten für die ‚Klauengesundheit‘ oder für ‚Stoffwechselstörungen‘ sind verschiedene Erkrankungen kombiniert (Tab. 2).

Tab. 2: Aktuelle Struktur der direkten Gesundheitszuchtwerte und des Gesamtzuchtwertes (RZ_{Gesund}) bei Deutschen Holsteins*

| Gesundheitszuchtwert | Merkmale | Heritabilität (h^2) | % im Teil-Index | Heritabilität (h^2) für Index | % in Gesamtindex (RZ_{Gesund}) |
|------------------------|-----------------------------------|-------------------------|-----------------|-----------------------------------|---|
| RZ_{Euterfit} | Mastitis | 0,08 | 100 | 0,08 | 40 |
| RZ_{Klaue} | Mortellaro | 0,12 | 30 | 0,11 | 20 |
| | Klauengeschwüre | 0,11 | 15 | | |
| | Panaritium (= digitale Phlegmone) | 0,09 | 15 | | |
| | Weißer-Linie-Erkrankung | 0,06 | 15 | | |
| | Klauenrehe | 0,03 | 15 | | |
| | Limax (Tylom) | 0,11 | 10 | | |
| RZ_{Repro} | Zyklusstörungen | 0,06 | 50 | 0,07 | 15 |
| | Endometritis/Metritis | 0,03 | 25 | | |
| | Nachgeburtsverhaltung | 0,03 | 25 | | |
| RZ_{Metabol} | linksseitige Magenverlagerung | 0,03 | 40 | 0,04 | 25 |
| | Milchfieber | 0,04 | 30 | | |
| | Ketose | 0,03 | 30 | | |
| RZ_{gesund} | | | | | 100 |

*Quelle: vit Verden (August, 2021)

Die direkten (Teil-)Gesundheitszuchtwerte werden - wie die übrigen Merkmale - auf einer Skala mit einem Mittelwert von 100 und einer genetischen Streuung von $s_g=12$ standardisiert. Dabei bedeuten somit auch hier hohe Werte (≥ 100) eine genetisch-züchterisch vorteilhafte Merkmalsausprägung.

Wertet man schließlich die relativen Anteile ausgewählter Abgangsgründe in Abhängigkeit vom Produktionsniveau (= mittlere Herdenleistung) aus, so bestätigen sich zunehmende Stoffwechsel- oder Klauenprobleme vor allem im Hochleistungsbereich (Abb. 4).

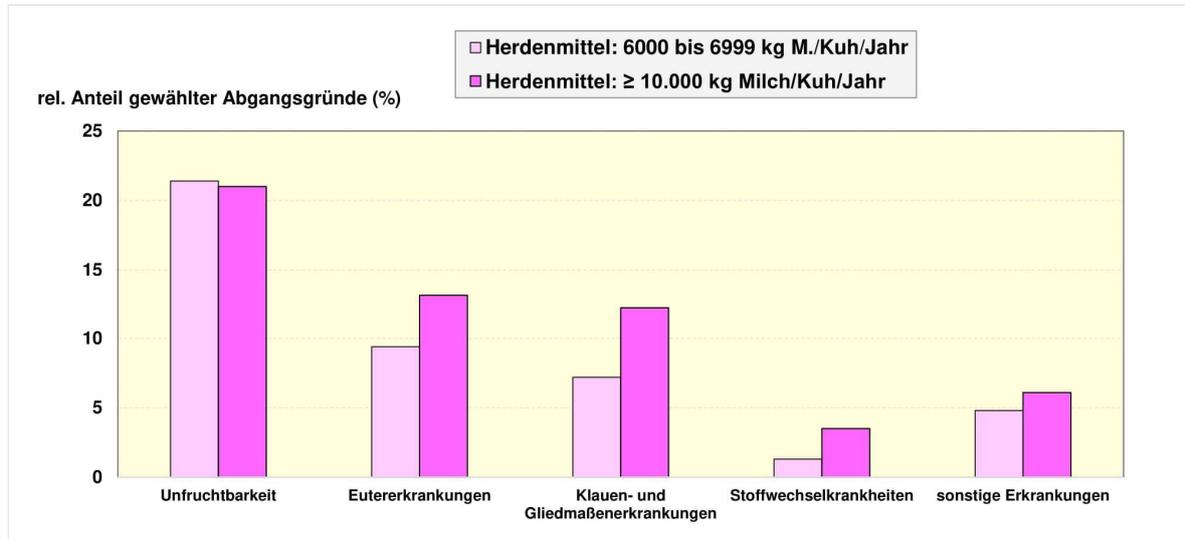


Abb. 4: Relativer Anteil ausgewählter Abgangsgründe in Schleswig-Holstein (SH) in 2018/19 in Abhängigkeit vom Produktionsniveau (= mittlere Herdenleistung)

Eine konsequente Berücksichtigung dieses Sachverhaltes erfordert somit, zukünftig eine noch stärkere Hinwendung der Holstein-Züchtung auf Stoffwechselstabilität, Euter- und Klauengesundheit sicherzustellen.

4. Datenmaterial und -auswertung

Es standen die Zuchtwertschätzergebnisse (auf Basis von Töchterprüfung) aller Schwarzbunten Holstein-Bullen (im Besitz einer deutschen Besamungsstation) der Bullenjahrgänge 2014 und 2015 zur Verfügung (Grundlage: Zuchtwertschätztermin: August, 2020).

Allerdings wurden nur solche KB-Bullen hier weiter berücksichtigt, die eine Sicherheit des RZ_{gesund} in Höhe von $Si_{RZ_{\text{gesund}}} \geq 65\%$ oder aber mindestens 20 Töchter (für die Berechnung des RZ_{gesund}) aufwiesen.

Damit sollte sichergestellt werden, dass die nachfolgend besonders interessierenden Gesundheitszuchtwerte auch genügend sicher sind.

Der interessierende Futterenergiebedarf für die Leistung wurde auf der Basis der Angaben der GFE (GESELLSCHAFT FÜR ERNÄHRUNGSPHYSIOLOGIE, 2001) berechnet.

Dazu wurden unter Berücksichtigung der zugehörigen tierindividuellen Zuchtwerte für die Milchmengenleistung, den Milchfettgehalt und den Milcheiweißgehalt sowie dem aktuell vorliegenden mittleren Leistungsniveau (VIT VERDEN, 2020) in Höhe von 9819 kg Milch/Laktation, 3,92 % Fett und 3,41 % Eiweiß zunächst die zugehörigen absoluten Merkmalswerte bestimmt.

Diese dienen dann zur Ableitung des Futterenergiebedarfs für die Leistung jeder Nachzuchtgruppe.

Die vorliegenden Daten wurden auf Basis von zwei statistischen Verfahren weiter analysiert:

1. Auswertung bestehender Zusammenhänge auf der Basis von bidirektionalen Korrelationsanalysen;
2. Erfassung bestehender Zusammenhänge zwischen Gesundheitszuchtwerten und mehreren ausgewählten Exterieurmerkmalen mittels multipler linearer Regressionsanalysen.

Die Ableitung genetisch bedingter Korrelationen (r_g) nach der Methode von CARLO ET AL. (1977) basiert auf der Berechnung bidirektionaler Korrelationen. Zusätzlich wurden fehlende Angaben zur Sicherheit der Zuchtwerte unter Berücksichtigung der zugehörigen (merkmalsspezifischen) Töchterzahl und der Heritabilität berechnet. Auch ist die approximative Bestimmung des Standardfehlers von r_g in der Literatur gut beschrieben (DIKMEN ET AL., 2012).

5. Ergebnisse

Zunächst wurden - wie oben dargestellt - die vorliegenden Pearson-Korrelationen (r_p) zwischen den Zuchtwerten bestimmt.

In der Abbildung 5 sind einige berechnete Assoziationen aufgezeigt.

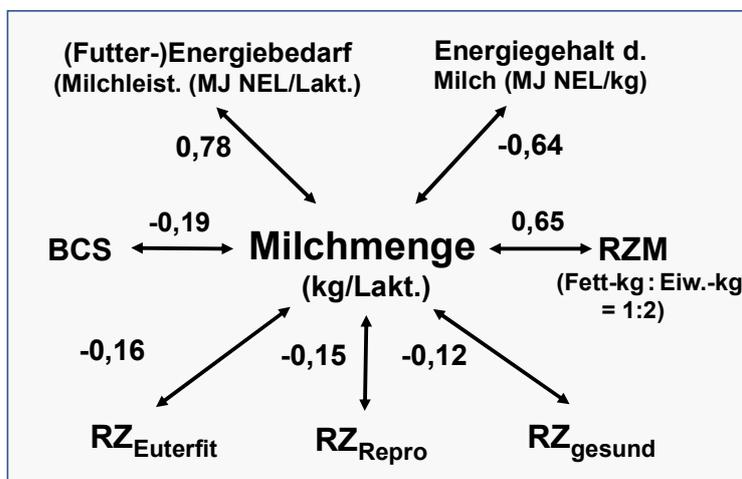


Abb. 5: Beobachtete Korrelationen (r_p) zwischen verschiedenen Zuchtwerten bei Holsteinbullen (Farbrichtung: Schwarzbunt; GJ 2014/15)

(Anm.: Milchmenge = Zuchtwert für die Milchmengenleistung (Laktation); BCS = relativer Zuchtwert für die Körperkondition; RZM = relativer Zuchtwert für die Milchleistung; RZ_{Euterfit} = relativer Zuchtwert für die Eutergesundheit; RZ_{gesund} = relativer Zuchtwert für die Gesundheit etc.)

Die Auswertung belegt, dass eine sehr enge Beziehung ($r_p = 0,78$) zwischen der Milchmengenleistung und dem (Futter-)Energiebedarf besteht (Abb. 5).

Gleichzeitig sind die Beziehungen zwischen der Milchmengenleistung und den verschiedenen Gesundheitszuchtwerten negativ assoziiert.

Wertet man zugehörige genetische Korrelationen aus, so werden diese negativen Zusammenhänge sogar noch offensichtlicher (Abb. 6).

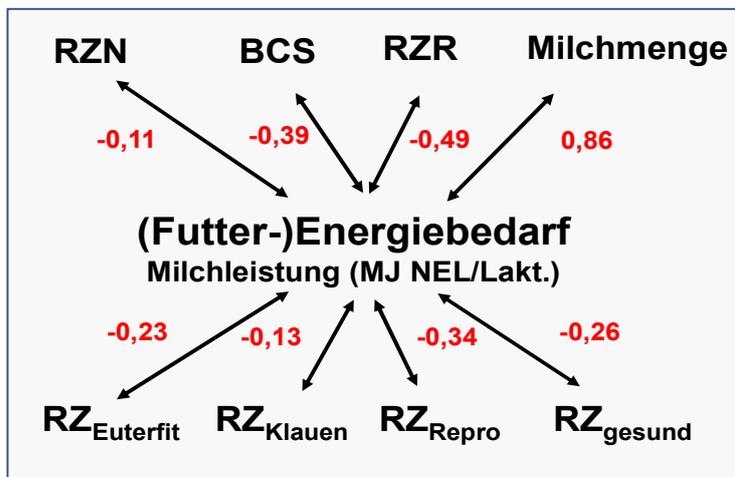


Abb. 6: Berechnete genetische Korrelationen (r_g ; in rot) zwischen dem Futterenergiebedarf für die Milchleistung und einigen weiteren interessierenden Merkmalen

(Anm.: RZN, RZR = relativer Zuchtwert für die Nutzungsdauer bzw. für die Fruchtbarkeit (Reproduktion); Milchmenge = Zuchtwert für die Milchmengenleistung etc.)

Prüft man zusätzlich die vorliegenden genetischen Zusammenhänge zwischen den direkten Gesundheitswerten und ausgewählten Exterieurmerkmalen (Größe, Milchcharakter bzw. Körperkondition [BCS]) detaillierter, so sind auch hier regelmäßige Assoziationen zu finden

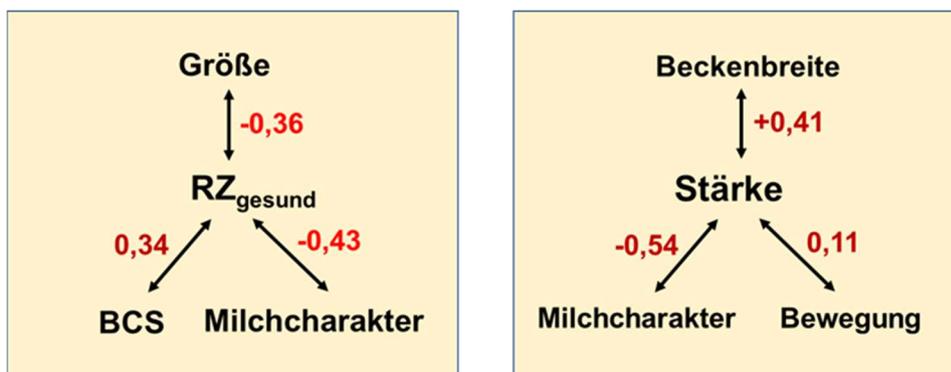


Abb. 7: Genetische Korrelationen (r_g ; in rot) zwischen verschiedenen Merkmalskomplexen

Beispielsweise bestätigt sich ein klar negativer Zusammenhang zwischen der Tiergesundheit (RZ_{gesund}) und den beiden Exterieurmerkmalen ‚Größe‘ und ‚Milchcharakter‘.

Bereits ZWALD (2013) berichtet, dass größere Kühe eine kürzere Nutzungsdauer und eine schlechtere Fruchtbarkeit (= Trächtigkeitsrate) haben als ihre kleineren Stallgefährtinnen. SIMON (2010) zeigt zusätzlich, dass die Lebensleistungen - wiederum vor allem der übergroßen Milchkühe - vergleichsweise geringer als die ihrer weniger großen Stallgefährtinnen sind.

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

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

Bestätigt werden die regelmäßig vorhandenen Assoziationen zwischen der Tiergesundheit und Exterieurmerkmalen auch in den multiplen linearen Regressionsanalysen bei gleichzeitiger Einbeziehung mehrerer verschiedener (ausgewählter) Exterieurmerkmale (Tab. 3).

Tab. 3:
Einfluss ausgewählter Exterieurmerkmale auf Merkmale der Gesundheit unter Verwendung multipler linearer Regressionsansätze

| Zielsetzung | Exterieurmerkmale im multiplen linearen Regressionsansatz* | Bestimmtheitsmaß für das Modell (r^2) | | | | |
|-----------------------|--|---|------------------------|---------------------|---------------------|---------------------|
| | | RZ _{gesund} | RZ _{Euterfit} | RZ _{Klaue} | RZ _{Repro} | RZ _{Metab} |
| komplex, 12 Merkmale | Gro, Mch, KTi, StA, BNE, BBR, SPR, HBS, VEU, ETi, Bew, BCS | 0,20 | 0,16 | 0,18 | 0,13 | 0,11 |
| komplex, 8 Merkmale | Gro, Mch, BBR, SPR, HBS, ETi, Bew, BCS | 0,19 | 0,14 | 0,15 | 0,10 | 0,09 |
| Gliedmaßen, Klauen | KLW, SPR, HBS, BEW | 0,06 | 0,03 | 0,14 | 0,02 | 0,02 |
| Eutermerkmale | ZBA, SPv, SPh, VEU, ETi, STL | 0,11 | 0,09 | 0,04 | 0,03 | 0,06 |
| Eutermerkmale, reduz. | ZBA, VEU, ETi | 0,07 | 0,08 | 0,01 | 0,01 | 0,03 |
| Körperkapazität | Gro, MCh, KTi, StA, BBR, BN, BCS | 0,11 | 0,06 | 0,07 | 0,11 | 0,10 |
| Kapazität | Gro, MCh, KTi, StA, BCS | 0,10 | 0,05 | 0,06 | 0,11 | 0,07 |

Anm: Gro = Größe, Mch = Milchcharakter, KTi = Körpertiefe, StA = Stärke, BNE = Beckenneigung, BBR = Beckenbreite, SPR = Sprunggelenke (subj. Bewertung), HBS = Hinterbeinstellung, VEU = Vordereuteraufhängung, KLW = Klauenwinkel, ZBA = Zentralband; SPv, Strichplazierung vorn, SPh = Strichplazierung hinten, STL = Strichlänge; ETi = Eutertiefe, Bew = Bewegung (Note), BCS = Körperkondition

Nutzt man gleichzeitig 12 Exterieurmerkmale, so erklären diese ca. 20 % der beobachtbaren Variation des RZ_{gesund} im vorliegenden Datenmaterial (Tab. 3).

Die Nichtbeachtung dieses Faktors führt auch zu einem Informationsverlust in den Teil-Zuchtwerten. So erklären 4 Merkmale (= Bewertung des Klauenwinkels, der Sprunggelenke, der Hinterbeinstellung und der Bewegung der Tiere) 14 % der Variation im Merkmal ‚Klauengesundheit‘ (RZ_{Klaue}) (Tab. 3).

6. Diskussion

Die Energiebilanz hoch leistender Milchkühe hat sich speziell in der Früh lactation in den letzten 25 Jahren - bedingt durch eine konsequente Selektion der Deutschen Holsteins (DH) auf weitere Zunahme der Milchleistung und damit schnelle Leistungssteigerung in der Früh lactation bei gleichzeitig regelmäßiger Bevorzugung von sehr edlen und großen Kühen mit einem extrem scharfen Widerrist etc. - weiter verschlechtert. Zwischenzeitlich beträgt die negative Energiebilanz (NEB) im Mittel über 1900 MJ NEL in den ersten 90 Laktationstagen bei hoch leistenden Milchkühen in der 3. Laktation (BRADE, 2020).

Moderne Holsteinkühe müssen somit - bedingt durch die enorme Leistungsverbesserung - heute ca. 90 bis 100 kg Körpermasse nach der Abkalbung verstoffwechseln.

Wertet man zugehörige genetische Trends im Besamungsbullenbestand aus, so zeigt sich, dass zusätzlich auch intensiv auf Körpergröße selektiert wurde (Abb. 8).

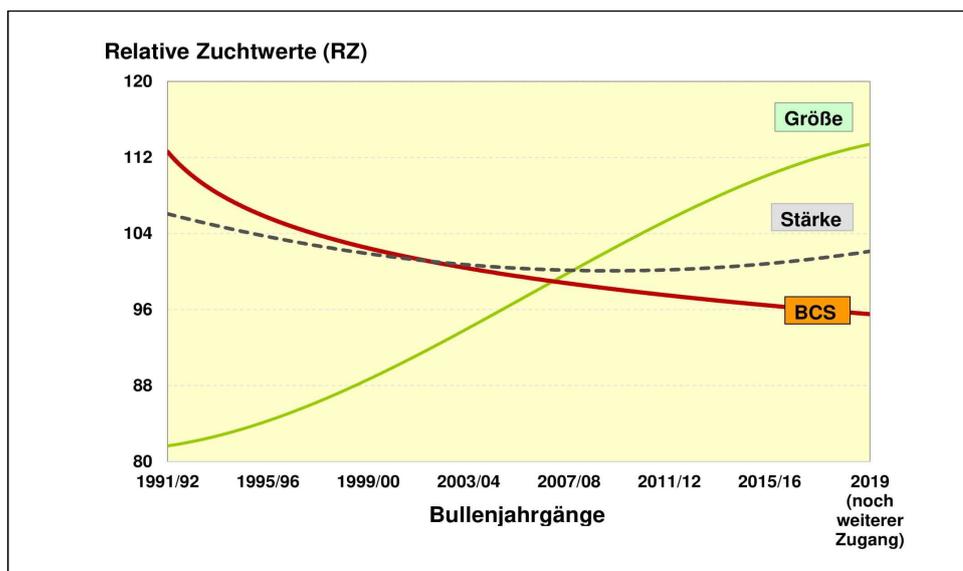


Abb. 8: Genetische Trends im Besamungsbullenbestand (DH, Farbrichtung: Schwarzbunt) bezüglich ausgewählter Exterieurmerkmale (BRADE, 2020)

Diese praktizierte Vätertierauswahl hat nachweislich dazu geführt, dass die Kühe in den letzten beiden Jahrzehnten ca. 6 cm größer wurden. Gleichzeitig wurden - wie am Trend der Körperkondition (BCS) belegt werden kann - wichtige Körperreserven, die speziell in der Früh lactation benötigt werden, weggezüchtet (Abb. 8).

Auch das mittlere Vererbungspotenzial bezüglich des Exterieurmerkmals ‚Stärke‘ der bereitgestellten Holsteinbullen ist - trotz eines leichten Anstiegs in den letzten Jahren - weiterhin geringer als vor 25 Jahren (Abb. 8).

Kanadische Milchrinderzüchter zeigten kürzlich, dass die Stärke der Kuh in deutlicher Beziehung zur zugehörigen Futteraufnahme steht. Sie empfehlen sogar dieses Merkmal - in Kombination mit weiteren Exterieurmerkmalen (z.B. Körpertiefe) - als Indikatorgröße für das Futteraufnahmevermögen routinemäßig in der Züchtung zu nutzen (BILAL ET AL., 2016).

Es macht also Sinn, bei der Anpaarung sehr edler, im extremen Milchtyp stehender Kühe mit wenig Stärke speziell solche Bullen zu bevorzugen, die in der Lage sind, diese Eigenschaften zu verbessern und gleichzeitig eine weitere deutliche Größenzunahme in der Nachkommenschaft vermeiden (Abb. 9 und 10).

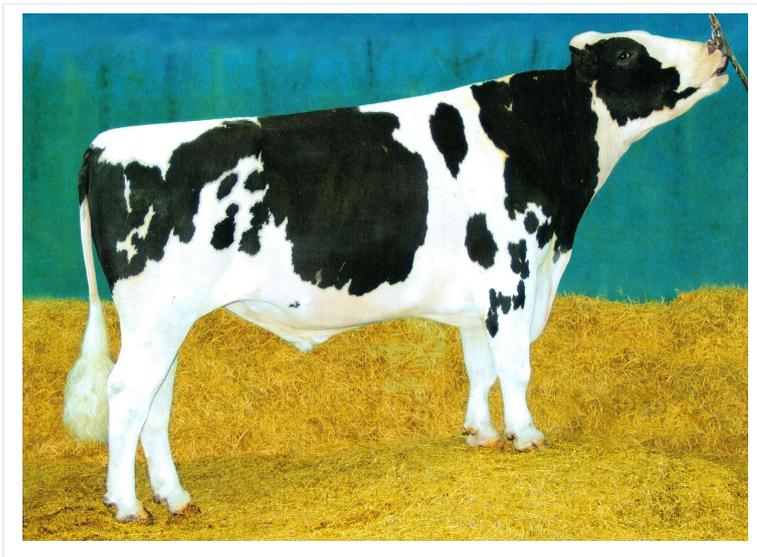


Abb. 9: Ein überragender Verbesserer für den Milcheiweißgehalt aus dem früheren Sächsischen Zuchtprogramm zu Beginn des 21. Jahrhunderts HF-Bulle: Lucifer 830862. Ein wurde aus der berühmten Pietje-Familie in den Niederlanden gezüchtet und verbesserte gleichzeitig die Eutergesundheit und Nutzungsdauer (Foto: Archiv PROF. BRADE)

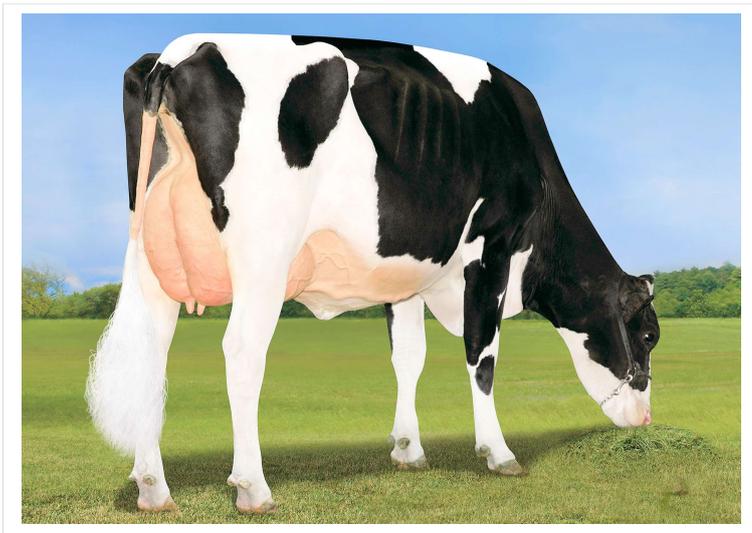


Abb. 10: Eine moderne und zuchtbewährte Holstein-Kuh: S-S-I Millington 10398, die Mutter des weltweit genutzten Besamungsbullen Renegade (vollständiger Name: S-S-I Renegade). Sie stammt aus der Kuhfamilie von Manat Mirage/O-Man Mirror-Familie und hat somit auch deutsche Wurzeln. Werkfoto, bereitgestellt von Herrn WASMER, WWS Deutschland, in Billerbeck (weitere Details: siehe BRADE, 2021)

Aus der Blickrichtung einer angestrebten Reduzierung der Anfälligkeit gegenüber wichtigen Produktionskrankheiten mit einer genetischen Disposition stellt sich zusätzlich die Frage:

Ist eine Züchtung auf eine verbesserte Krankheitsresistenz sinnvoll?

Es sollen an dieser Stelle deshalb auch mögliche Bedenken hinsichtlich der Effektivität einer intensiven Zucht auf eine verbesserte Krankheitsresistenz diskutiert werden.

Eine nicht unbegründete Besorgnis bezüglich einer einseitig intensiven ‚Resistenz‘-Züchtung gegenüber einer Infektion mit einem viralen oder bakteriellen Erreger besteht berechtigterweise darin, dass die Entwicklungsraten der Genome von Krankheitserregern signifikant schneller sind als die ihres Wirts.

Mit anderen Worten: der selektiv berücksichtigte Krankheitserreger im Zuchtprogramm entwickelt sich oft schneller fort als der mögliche genetische Gewinn bezüglich einer angestrebten Resistenz des Wirtes (Säuger).

Dieser Aspekt soll am Beispiel der Züchtung auf reduzierte Anfälligkeit gegenüber einer Mastitis deshalb hier noch weiter diskutiert werden.

Mastitis ist eine Faktorenkrankheit, die überwiegend durch pathogene Mikroorganismen verursacht wird, aber auch durch Traumata sowie chemische, thermische oder andere nicht infektiöse Noxen ausgelöst werden kann.

Ein einzelner kontagiöser ‚euterassoziierter‘ Mastitiserreger (wie z.B. *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus agalactiae* oder *Streptococcus dysgalactiae*) wird im Rahmen einer genetisch-züchterischen Reduzierung der Mastitisanfälligkeit nicht spezifisch berücksichtigt; obwohl es denkbar wäre.

Die zugehörige Datenerfassung in praxi berücksichtigt vielmehr alle klinischen Mastitisfälle; unabhängig beispielsweise vom Erregertyp. Richtig ist somit, dass die Züchter eine allgemeine Verbesserung der Widerstandsfähigkeit beispielsweise gegenüber einer Mastitis und weniger eine spezielle Resistenz gegenüber einem spezifischen Mastitiserreger anstreben.

Umfangreiche Daten eines langfristig kontrollierten Experimentes in Norwegen bestätigten, dass eine Verringerung der Anfälligkeit für klinische Mastitis durch eine gezielte Selektion genetisch überlegener Väter erreichbar ist (Heringstad et al., 2007). Nach fünf selektiv bearbeiteten Generationen wiesen die Kühe, die aktiv auf geringe Mastitisanfälligkeit selektiert wurden, eine mittlere Inzidenz von weniger als 5% auf, während die Inzidenz der klinischen Mastitis bei Kühen in den Selektionslinien für erhöhte Produktion über 25% lag (Heringstad et al., 2007).

Schließlich soll noch darauf hingewiesen werden, dass die generelle Einbeziehung genetisch-züchterischer Maßnahmen für seltene und/oder spezifische Krankheiten mit einer erblichen Komponente eine Kosten-Nutzen-Analyse voraussetzt. Diese Analyse beinhaltet notwendigerweise

auch die Evaluierung einer möglichen Bekämpfung der interessierenden Krankheit auf anderen Wegen (z. B. Impfung, Eradikation etc.).

Eine der größten Einschränkungen bei der Zucht auf verbesserte Krankheitsresistenz ist der routinemäßige Zugang zu genauen Phänotypen, d.h. deren korrekte Merkmalerfassung in praxi.

Dies setzt eine enge Zusammenarbeit zwischen Tierärzten und Tierzüchtern bei der Definition und Erfassung der relevanten Phänotypen, bei der zu berücksichtigenden Pathogenese der verschiedenen Krankheiten, bei der Auswahl des am besten geeigneten genetisch-statistischen Modells in zugehörigen Populationsstudien einschließlich bei der Bewertung des möglichen genetischen Gewinns voraus.

Die weitere Aufklärung der Wirkungsweise des Genoms des Wirts dürfte, verbunden mit der Verfügbarkeit des Genoms des Pathogens und dessen Interaktion mit dem Wirtsgenom, sowohl bei der künftigen Entwicklung neuer Impfstoffe als auch bei der weiteren Qualifizierung genetisch-züchterische Ansätze dienlich sein.

Aktuelle Entwicklungen der *personalisierten* Humanmedizin werfen hier ihre ‚Schatten‘ auch auf eine tierindividuelle Tiermedizin voraus.

Zusammenfassung

Genetische Zusammenhänge zwischen Milchleistung, Exterieur- und Gesundheitsmerkmalen bei Deutschen Holsteins

Vorliegende Arbeit hat das Ziel, genetische Zusammenhänge zwischen Milchleistung, ausgewählten Exterieur- und Gesundheitsmerkmalen bei Deutschen Holsteins aufzuzeigen.

Es existieren eine Reihe unerwünschter Merkmalszusammenhänge (= Merkmalsantagonismen). So sind eindeutig negative genetische Beziehungen zwischen der Tiergesundheit und der Milchmengenleistung zu nennen. Prüft man zusätzlich die genetischen Zusammenhänge zwischen den Gesundheitszuchtwerten und einigen ausgewählten Exterieurmerkmalen (Größe, Milchcharakter) detaillierter, so bestätigen sich auch hier regelmäßig negative Assoziationen.

Die Konsequenz ist: eine intensiv einseitige Auslese der Vatertiere auf hohe Milchleistung - in Verbindung mit einer Bevorzugung von sehr edlen und großen Kühen mit einem extrem scharfen Widerrist - lassen negative Auswirkungen auf die Stressanfälligkeit erwarten.

Eine Verringerung der Gewichtung der Milchleistungsmerkmale bei gleichzeitig intensiver Einbeziehung von Gesundheitsmerkmalen im gültigen deutschen Gesamtzuchtwert (RZG) ist - auch im Vergleich mit anderen europäischen Holstein-Zuchtprogrammen - überfällig.

Da der Selektionserfolg für das Einzelmerkmal auch von der Zahl der gleichzeitig berücksichtigten Merkmale im (künftigen) Gesamtzuchtwert abhängig ist, sind realistischere Betrachtungen über züchterische Möglichkeiten zur Verbesserung spezifischer Krankheitsresistenzen dringend angezeigt.

Die Züchtung ist nicht in der Lage, gleichzeitig eine Fülle von Gesundheitsmerkmalen nennenswert zu verbessern. Hier werden leider noch zu oft unrealistische Hoffnungen vonseiten einiger Zuchtverbände und ihren Funktionären in aktuellen Publikationen geweckt.

Summary

Genetic relationships between milk yield, conformation and health characteristics in German Holsteins

The present work aims to show genetic connections between milk production, important conformation and health characteristics in German Holsteins.

There are a number of undesirable feature relationships (= trait antagonisms). Clearly negative genetic relationships between animal health and milk yield should be mentioned. If one also examines the genetic relationships between the health breeding values and some conformation characteristics (size, milk character) in more detail, negative associations are also regularly confirmed here.

The consequence is: an intensely one-sided selection of the father animals for high milk yield - in connection with a preference for very noble and large cows with an extremely sharp withers - lead to negative effects on the susceptibility to stress.

A reduction in the weighting of the milk production traits with simultaneous intensive inclusion of health traits in the valid German total breeding value (RZG) is overdue - also in comparison with other European Holstein breeding programs.

Since the success of the selection for the individual trait also depends on the number of traits taken into account at the same time in the (future) overall breeding value, more realistic considerations about breeding possibilities for improving specific disease resistance are urgently indicated.

Breeding is not able to significantly improve a wide range of health characteristics at the same time. Unfortunately, too often unrealistic hopes are aroused here on the part of some breeding associations and their officials in current publications.

Literatur

1. ABDEL-AZIM GA, FREEMAN AE, KEHRLI 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. BILAL G, CUE RI, HAYES JF (2016): Genetic and phenotypic associations of type traits and body condition score with dry matter intake, milk yield, and number of breedings in first lactation Canadian Holstein cows. *Canad. J. Anim.Sci.* 96, 434-447.
<https://doi.org/10.1139/cjas-2015-0127>
3. BRADE W (2006): Gleichzeitige Selektion auf Milchleistung, Nutzungsdauer und Exterieur bei Holsteins - Möglichkeiten und Grenzen. *Tierärztl. Umschau* 61, 181-186.
4. BRADE W (2020): Trends in der Milcherzeugung. Teil 1: Realisierte Zuchtfortschritte mit Deutschen Holsteinrindern. *Bauernblatt*, 74/170 Jg., 20.06.2020, 38-41.
5. BRADE W (2021): Vielseitiger Outcross-Bulle: Renegade im Portrait. *Agrarheute Rind*, Heft 09/2021, 28-30.
6. BRADE W, BRADE E (2011): Gleichzeitige Verbesserung der Milchleistung und Fitness der Milchkühe durch züchterische Maßnahmen – neue Ansätze zur Zuchttierauslese bei Deutschen Holsteins. *Prakt. Tierarzt* 92, 698-705.
7. BRADE W, BRADE E (2017): Konsequente Nutzung der Konditionszuchtwerte von Holsteinbullen in der Zuchtpraxis. *Tierärztl. Umschau* 72, 263-272.
8. CALO L, MCDOWELL RE, VAN VLECK LD, MILLER PD (1973): Genetic aspects of beef production among Holstein-Friesians pedigree selected for milk production. *Journal of Animal Science*, 37,676-682.
9. COLE JB (2017): How selection for better health impacts dairy profitability. Council on Dairy Cattle Breeding Industry Meeting, October 2017.
<https://aipl.arsusda.gov/publish/present.htm> (Zugriff am 28.12.2017)
10. 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. DOI: [http://dx.doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(00\)75162-9](http://dx.doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(00)75162-9)
11. DIKMEN S, COLE JB, NULL DJ, HANSEN PJ (2012): Heritability of rectal temperature and genetic correlations with production and reproduction traits in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 95, 3401-3405. <https://doi.org/10.3168/jds.2011-4306>
12. HAYES BJ, BOWMAN PJ, CHAMBERLAIN AJ, GODDARD ME (2009): Invited review: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. *J. Dairy Sci.* 92, 433-443.
13. HERINGSTAD B, CHANG YM, GIANOLA D, KLEMETSDAL G (2005): Genetic analysis of clinical mastitis, milk fever, ketosis, and retained placenta in three lactations of Norwegian Red cows. *J. Dairy Sci.* 88, 3273-3281.
14. HERINGSTAD B, KLEMETSDAL G, STEINE T (2007): Selection responses for disease resistance in two selection experiments with Norwegian Red cows. *J Dairy Sci.* 90, 2419-2426.
15. GfE (2001): Empfehlungen zur Energie- und Nährstoffversorgung der Milchkühe und Aufzuchtrinder. Energie- und Nährstoffbedarf landwirtschaftlicher Nutztiere, Bd.8 DLG-Verlags GmbH.
16. KOECK A, MIGLIOR F, KELTON DF, SCHENKEL FS (2012): Health recording in Canadian Holsteins: Data and genetic parameters. *J. Dairy Sci.* 95, 4099–4108.
17. 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.

18. MARTENS H (2015): Stoffwechselbelastungen und Gesundheitsrisiken der Milchkühe in der frühen Laktation. Tierärztl. Umschau 70, 496-504.
19. MCNEEL AK, REITER BC, WEIGEL D, OSTERSTOCK J, DI CROCE FA (2017): Validation of genomic predictions for wellness traits in US Holstein cows. J. Dairy Sci. 100, 9115-9124.
20. PARKER GADDIS KL, COLE JB, CLAY S, 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.
21. PARKER GADDIS KL, COLE JB, CLAY JS, MALTECCA C (2014): Genomic selection for producer-recorded health event data in US dairy cattle. J. Dairy Sci. 97, 3190-3199.
22. PHILIPSSON J, LINDHE B (2003): Experiences of including reproduction and health traits in Scandinavian dairy cattle breeding programmes. Livestock Science 83, 99-112.
DOI: [http://dx.doi.org/10.1016/S0301-6226\(03\)00047-2](http://dx.doi.org/10.1016/S0301-6226(03)00047-2).
23. ROFFEISS M, WAURICH B (2013): Hohe Milchleistungen und gesunde Euter. Ergebnisse aus den RBB-Testherden. Milchrindtag, 10.01.2013. Rinderunion Berlin-Brandenburg, Götz.
http://www.rinderzucht-bb.de/fileadmin/user_upload/pdf/Service/Milchrindtag_2013/milchrindtag_2013_dr_roffeis_eutergesundheit.pdf (Zugriff am 13.11.2015)
24. 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 (2/26), Landesforschungs-anstalt für Landwirtschaft und Fischerei M-V., 45 S.; http://www.landwirtschaft-mv.de/cms2/LFA_prod/LFA/content/de/Fachinformationen/Tierproduktion/Milcherzeugung/FoBericht_Rudolphi/funktionale_Merkmale_Rudolphi.pdf (Zugriff am 12.04.2016).
25. SIMON M (2010): Auswertungen über den Einfluss der Geburt auf die Leistungsfähigkeit von Kühen der Rasse Deutsche Holsteins. Blickpunkt Rind. Heft 2/2010, 44-47.
26. TREMBLAY M, KAMMER M, LANGE H, PLATTNER S, BAUMGARTNER C, STEGEMAN JA, DUDA J, MANSFELD R, DÖPFER D (2018): Identifying poor metabolic adaptation during early lactation in dairy cows using cluster analysis. J. Dairy Sci. 101, 7311 – 7321.
DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2017-13582>
27. VIT VERDEN (2020): Beschreibung der Zuchtwertschätzung für alle Schätzmerkmale bei den Milchrinderrassen für die vit mit der Zuchtwertschätzung beauftragt ist.
https://www.vit.de/fileadmin/DE/Zuchtwertschaetzung/Zws_Bes_deu.pdf
28. VUKASINOVIC N, BACCIU N, PRZYBYLA CA, BODDHIREDDY P, DENISE SK (2017): Development of genetic and genomic evaluation for wellness traits in US Holstein cows. J. Dairy Sci. 100, 428–438.
29. ZWALD N (2013): Hype on linear type: Perceptions or real management issues?
http://web.altagenetics.com/france/DairyBasics/Details/7903_Hype-on-linear-type-Perceptions-or-real-management-issues.html (Zugriff am 12.08.2016)

Anschrift des Autors

Prof. Dr. habil. Wilfried Brade,

ehemaliger Professor für Tierzucht an der Stiftung Tierärztliche Hochschule (TiHo) Hannover;

aktuell: Norddeutsches Tierzucht-Beratungsbüro (Hannover)

Email: wilfried.brade@t-online.de