



Berichte über Landwirtschaft

Zeitschrift für Agrarpolitik und Landwirtschaft

BAND 99 | Ausgabe 1

Agrarwissenschaft
Forschung

Praxis

Ergebnisse aus der Milchleistungsprüfung in der Frühlaktation von Erstkalbskühen gezielt nutzen

von Wilfried Brade und Ottmar Distl

1 Einleitung

Die erste Kalbung und der Laktationsbeginn sind bekanntermaßen kritische Punkte in der Transitphase von Jungkühen (BRADE ET AL., 2008).

Neben Störungen des Geburtsverlaufs und damit verbundenen Komplikationen ist der plötzliche Anstieg des Nährstoff- und Energiebedarfs für die Milchbildung zu nennen. Das gleichzeitig begrenzte Futteraufnahmevermögen führt regelmäßig zu einer negativen Energiebilanz (NEB), die bei hochleistenden Milchkühen besonders intensiv ausgeprägt ist (MARTENS, 2015). Darüber hinaus ändert sich nach dem Kalben die Futterbasis mit häufig schneller Zunahme des Kraftfutteranteils in der Ration frisch abgekalbter Kühe, die eine zusätzliche Anpassung des ruminalen Mikrobioms erfordert (BRADE, 2013).

Ein vermehrtes Krankheitsgeschehen stellt eine zusätzliche Belastung für hochleistende Milchkühe in der Frühlaktation dar und kann wiederum zu einer verringerten Milchleistung führen (ESPOSITO ET AL., 2014). Entzündungen und fehlregulierte Immunreaktionen sind zwischenzeitlich gut beschriebene Komponenten in der Pathogenese von Stoffwechselstörungen; speziell in der Frühlaktation von Milchkühen (Abb. 1).

Ein schneller Rückgang der Rückenfettdicke in den ersten sechs Laktationswochen ist ein deutlicher Hinweis darauf, dass die Fettmobilisation auf einem sehr hohen Niveau abläuft (ROSSOW, 2003).

Vorliegende Arbeit hat das Ziel, die vielfältigen Nutzungsmöglichkeiten routinemäßig erfasster Merkmale im Rahmen der monatlichen Milchleistungsprüfung (MLP) aufzuzeigen. Gleichzeitig werden zugehörige genetische Populationsparameter an einem großen Datenmaterial verifiziert und aus der Sicht einer möglichen Selektion auf eine flachere Laktationskurve diskutiert.

Als optimaler FEQ (= Fett-Eiweiß-Quotient) wird ein Wert zwischen 1,1 und 1,4 in der Früh lactation angesehen. Dabei ist der Zeitpunkt der Merkmalerfassung (= Tage nach Abkalbung) notwendigerweise zu beachten.

FEQ \geq 1,5 können als ein deutlicher Hinweis auf das Vorliegen einer subklinischen Ketose angesehen werden (HEUER ET AL., 1999). Ein FEQ \leq 1,0 deutet demgegenüber auf eine unzureichende Rohfaserversorgung mit negativen Auswirkungen auf die Pufferkapazität des Pansens (subklinische Pansenazidose) hin (ROSSOW, 2003).

Darüber hinaus belegen HEUER ET AL. (1999) bei Kühen mit einem sehr hohen FEQ sowohl ein erhöhtes Risiko für das Auftreten einer Ketose als auch ein verstärktes Auftreten weiterer Erkrankungen. KESSEL ET AL. (2008) konnten neben einem erhöhten FEQ bei an Ketose erkrankten Kühen darüber hinaus einen signifikanten Verlust an Körpermasse beobachten. Die Ursache ist in einer intensiven postpartalen Fettmobilisation infolge des Energiedefizits zu suchen (vgl. Abbildung 1).

BRADE ET AL. (2008) belegen darüber hinaus einen signifikanten Einfluss des FEQ auf die Abgangsrate in der ersten Laktation.

Nachfolgend sind einige Literaturergebnisse unter besonderer Berücksichtigung ermittelter Heritabilitäten (h^2) für den FEQ tabelliert (Tab. 1)

Tabelle 1:
Berechnete Heritabilitäten (h^2) für den FEQ und einige ermittelte genetische Beziehungen (r_g) zu weiteren Merkmalen

Kenngröße/Merkmalwert	h^2	erfasster Merkmals-zusammenhang (= korrelierte Merkmalswerte)	r_g (in Klammer: Angaben zum Standardfehler)	Referenz/Literaturquelle
FEQ und Fruchtbarkeitskriterien:				
FEQ am 30.Tag (p.p.)	0,16	Rastzeit (Zeit Kalbung bis 1. Besamung)	0,28 ($\leq 0,01$)	Negussie et al. (2013)
		Zwischentragezeit	0,24 ($\leq 0,01$)	
FEQ am 60.Tag (p.p.)	0,19	Rastzeit (Zeit Kalbung bis 1. Besamung)	0,14 ($\leq 0,01$)	Negussie et al. (2013)
		Zwischentragezeit	0,19 ($\leq 0,01$)	
FEQ und Erkrankungen bzw. Abgangsrate:				
FEQ im 1. Probegemelk (5-50 Tage p.p.)	0,15	Klinische Ketose	0,30 ($\leq 0,14$)	Koeck et al. (2014a)
FEQ im 1. Probegemelk (p.p.)	0,16	Milchfieber	0,18 ($\leq 0,05$)	Ederer et al. (2012)
FEQ (11. bis 180. Tag p.p.)	0,30	Stoffwechselerkrankungen	0,69 ($\leq 0,91$)	Butchereit et al. (2011 und 2012)
FEQ (Erstlaktierende Holstein-Kühe)		Abgangsrate (insgesamt)	+++*	Brade et al. (2008)

*Interpretation: +++ = hoch signifikant

Die wenigen aufgezeigten Arbeiten belegen bereits, dass ein signifikanter Zusammenhang zwischen ausgewählten Erkrankungen und dem FEQ vor allem in der frühen Laktation besteht (Tabelle 1).

Der Referenztest zur Diagnostizierung einer Hyperketonämie basierte (bisher) auf der Bestimmung der Konzentration an BHBA (=beta-Hydroxybutyrat) im Blut (DUFFIELD ET AL., 1997). Ein derartiger Test ist jedoch wenig für Routineuntersuchungen in praxi geeignet.

KOECK ET AL. (2015) zeigen, dass auch die routinemäßige Bestimmung des BHBA-Gehaltes in der Milch frischabgekalbter Kühe zwecks Erkennung an Ketose erkrankter Kühe möglich scheint (Abbildungen 2 und 3).

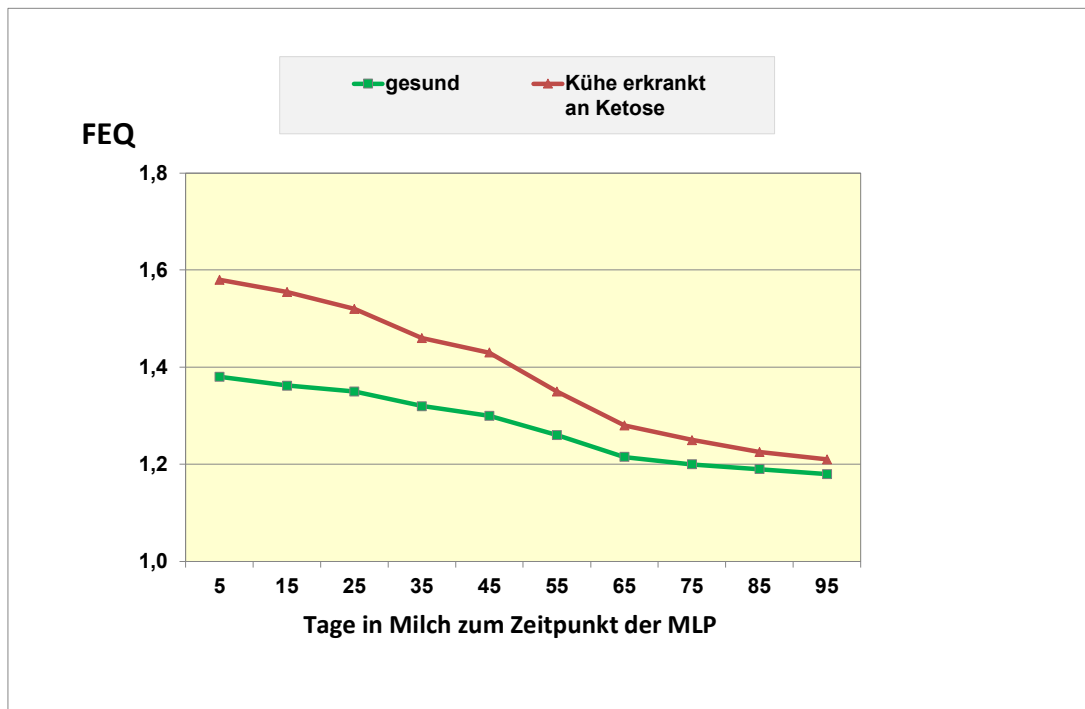


Abbildung 2: FEQ bei gesunden und an Ketose erkrankten Jungkühen (in der 1. Laktation) in Abhängigkeit vom Zeitpunkt der MLP nach Abkalbung

Quelle: KOECK ET AL. (2015) - eigene Zeichnung

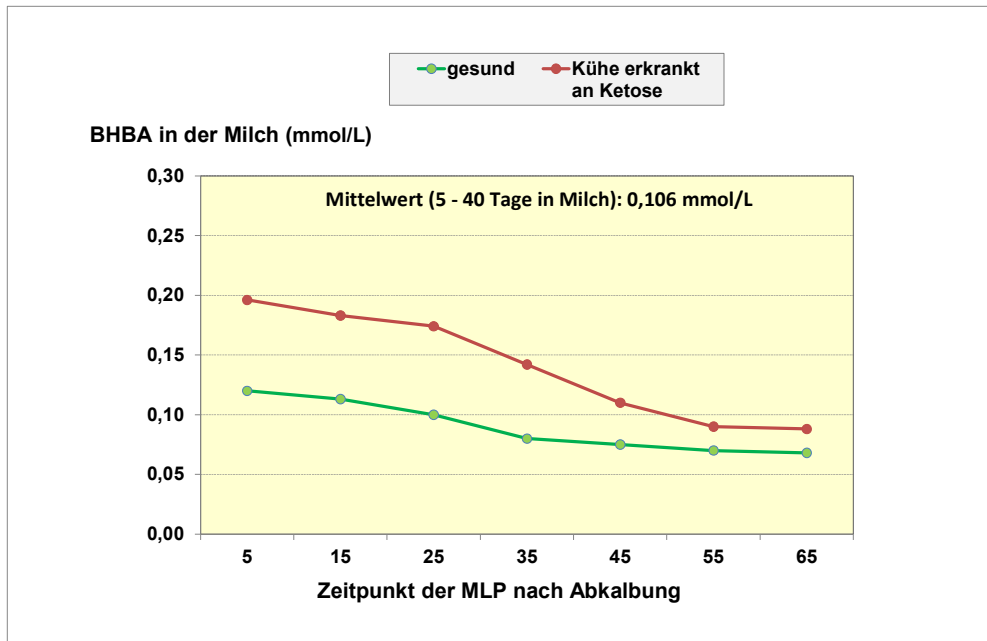


Abbildung 3: BHBA-Gehalt in der Milch bei gesunden und an Ketose erkrankten Jungkühen (in der 1. Laktation) in Abhängigkeit vom Zeitpunkt der MLP nach Abkalbung

Quelle: KOECK ET AL. (2015) - eigene Zeichnung

In der Praxis hat sich die Bestimmung des somatischen Zellgehaltes in der Milch (SCC) als einfache Methode zur Überwachung der Eutergesundheit eines Einzeltieres (Herde) bewährt. Die Milch gesunder Tiere enthält im Mittel ca. 50.000 Zellen/ml. Allerdings ist die Zellzahl in verschiedenen Milchfraktionen (Vor-, Haupt- bzw. Nachgemelk) unterschiedlich (HAMANN UND GYODI, 1999)

Nach Expertenschätzungen kommen $\geq 15\%$ aller Färsen, vor allem bei unzureichendem Kälber- und Jungviehmanagement, bereits mit einer Euterentzündung in die Erstlaktation (HERINGSTAD ET AL., 2006). Allerdings werden vorliegende Euterentzündungen oft ‚nur‘ verspätet (= mit der 1. Probenahme im Rahmen der MLP) erkannt, um dann solche Tiere mit hohen Zellzahlen auszusortieren bzw. tierärztlich zu behandeln.

Während die klinische Mastitis (CM) ein Alles-oder-Nichts-Merkmal ist, sichert das Logarithmieren der somatischen Zellzahl eine bessere Verteilung der zugehörigen Beobachtungswerte. Sie nähern sich so einer Normalverteilung an. Die logarithmische Transformation der Zellzahl zum sogenannten **Somatic Cell Score** (SCS) hat somit vor allem bezüglich der Verteilung der Beobachtungswerte deutliche Vorteile.

HERINGSTAD ET AL. (2006) prüften die genetischen Assoziationen zwischen klinischer Mastitis (CM) und somatischem Zellscore (SCS) in der Früh-laktation auf Basis von ca. 500.000 Erstkalbskühen. Die genetischen Korrelationen zwischen der Zellzahl zu Laktationsbeginn und einer CM sind genügend eng (RUPP UND BOICHARD, 1999; HERINGSTAD ET AL., 2006).

Vergleichbare Zusammenhänge belegen auch RUPP UND BOICHARD (2000) bei ca. 20.000 französischen Holstein-Jungkühen auf Basis der beobachteten Zellzahl in der 1. Milchprobe (Abbildung 4).

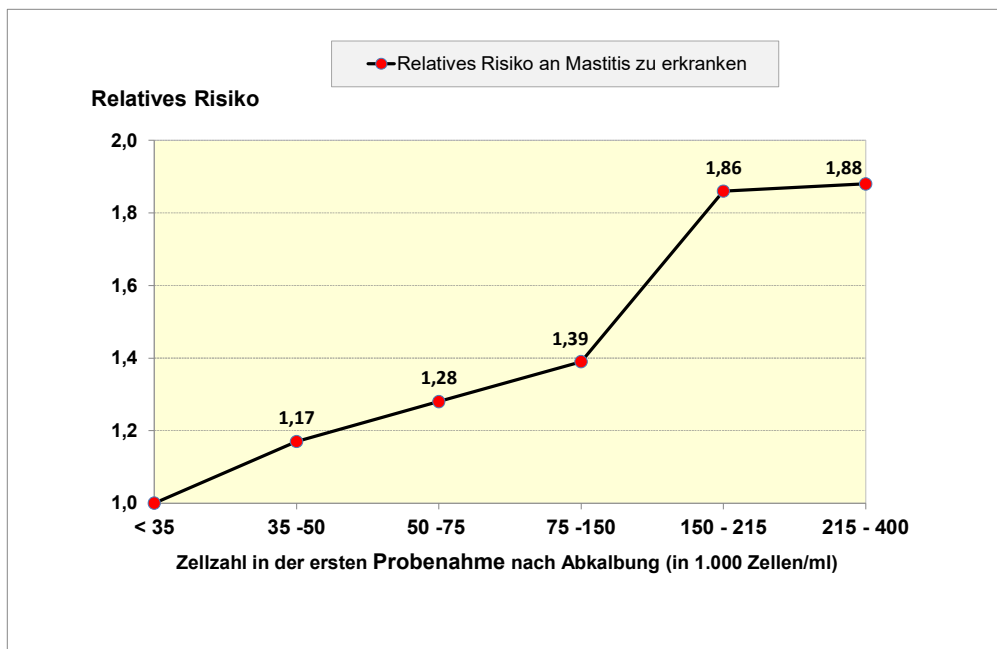


Abbildung 4: Relatives Risiko bei Jungkühen an Mastitis zu erkranken; dargestellt in Abhängigkeit von der beobachteten Zellzahl in den ersten 35 Tagen nach Abkalbung; Quelle: RUPP UND BOICHARD (2000); eigene Zeichnung

CM ist jedoch keine Erkrankung nur innerhalb der ersten Laktation. BLOEMHOF ET AL. (2009) belegen genügend enge Zusammenhänge zwischen CM und SCC in mehreren aufeinanderfolgenden Laktationen (Tabelle 2).

**Tabelle 2:
Mittlere somatische Zellzahl in Abhängigkeit vom CM-Status der Kuh**

Laktation	CM-Status*	Zellzahl (SCC) (x 1000 Zellen pro ml)
1. Laktation	0	114,6
	1	263,8
2. Laktation	0	133,1
	1	314,6
3. Laktation	0	165,9
	1	383,5
gesamt	0	132,7
	1	318,3

Quelle: BLOEMHOF ET AL., 2009; *CM-Status: 0 = gesund; 1 = Mastitis

VAN STRATEN ET AL. (2009) prüften den Zusammenhang des Auftretens von hohen Zellzahlen (> 400.000 Zellen/ml) und einer schweren NEB bei Israelischen Milchkühen. Eine tägliche automatische Gewichtserfassung wurde zusätzlich in den Versuch integriert (Tabelle 3).

Tabelle 3:

Relatives Risiko für das Auftreten erhöhter Zellzahlen in der Milch Israelischer Holstein-Kühen

Variable	erhöhte Häufigkeit von Zellzahlen >400.000 Zellen/ml in der Milch		
	Relatives Risiko (OR)	95%-iges Konfidenz- intervall	p-Wert
Kühe mit Ketosis:			
Ja	1,33	1,06-1,67	0,0139
NEIN	1,00		
Kühe mit hohem Körpermasseverlust:			
Ja	1,43	1,18-1,75	0,0003
NEIN	1,00		

* Odds Ratio (korrigiert für Herde, Laktationstag, Parität etc.);

Quelle: VAN STRATEN ET AL. (2009)

Ihre Ergebnisse stützen die These: eine langandauernde NEB in der Früh-laktation stellt eine Prädisposition für eine Euterentzündung dar (VAN STRATEN ET AL., 2009). Die Chance eine deutlich erhöhte Zellzahl (>400.000 Zellen/ml) innerhalb einer Laktation zu manifestieren, ist bei Kühen mit hohem Körpermasseverlust (= hoher NEB) um 43 % größer als bei den Stallgefährtnissen mit weniger Körpermasseabbau (Tabelle 3).

Damit sind keineswegs alle Möglichkeiten beschrieben, Informationen über den aktuellen Gesundheitsstatus der Milchkühe mittels MLP-Daten zu erhalten.

Zahlreiche weitere aktuelle Forschungsarbeiten haben das Ziel, die routinemäßig anfallenden MLP-Daten zukünftig noch detaillierter für das Herdenmanagement bzw. für die tierärztliche Betreuung tierindividuell aufzuarbeiten (EDERER ET AL., 2012; ENGELHARD, 2014, KOECK ET AL., 2014a und b).

3. Material und Methode

In der vorliegenden Auswertung werden MLP-Daten (der ersten drei Probegemelke) von ca. 25.000 Jungkühen aus dem sächsischen Zuchtgebiet der Masterrind GmbH ausgewertet.

Es wurden nur solche Tiere in die weitere Auswertung einbezogen, deren Erstkalbealter (EKA) zwischen 20 und 40 Monaten liegt und deren Väter gleichzeitig bekannt waren.

In der nachfolgenden Tabelle sind weitere Informationen zum Datenmaterial zusammengestellt (Tabelle 4).

Tabelle. 4:
Mittelwerte (\bar{x}) und zugehörige Streuungen (s) im Gesamtdatenmaterial in Abhängigkeit von der Probenahme (N = 24.689 Tiere)

Merkmal/Kenngröße	1. Probenahme		2. Probenahme		3. Probenahme	
	\bar{x}	s	\bar{x}	s	\bar{x}	s
tägl. Milchmenge (kg/d)	26,5	6,49	28,9	6,30	28,7	6,71
Fettgehalt (%)	4,28	0,80	3,88	0,61	3,90	0,62
Eiweißgehalt (%)	3,24	0,39	3,20	0,26	3,34	0,27
somatischer Milchzellgehalt (SCC) (pro ml Milch)	253.074	n.N.*	170.561	n.N.	169.798	n.N.
Tage in Milch (p.p.) zum Zeitpunkt der Probenahme**	21,9	8,21	52,7	8,98	83,2	9,28
%-Anteil Tiere mit Merkmalswert im Vergleich zur 1.Probenahme	100		89,1		78,8	

Anm.: * n.N. = keine Normalverteilung vorliegend, deshalb keine Angabe;

** 1. Probenahme in vorliegender Arbeit erst ab 9. Tag berücksichtigt

Die Auswertung erfolgte mittels der Programmpakete SAS (Version: SAS® 9.4), PEST (GROENEVELD, 2006) und VCE (VCE-5, Version 5.1.2; siehe: KOVAC ET AL., 2003).

Die Zellzahlergebnisse aus der MLP wurden vor ihrer Verwendung im Rahmen der vorliegenden Auswertung transformiert. Entsprechend dem internationalen Standard kam eine logarithmische Transformation der beobachteten Zellzahl zum ‚Somatic Cell Score (SCS)‘ zur Anwendung:

$$\text{SCS} = \log_2(\text{Zellzahl}/100.000) + 3. \quad (1)$$

Das Merkmal ‚Anstieg der Milchmengenleistung in der Früh lactation (= b-Wert)‘ wurde als tierindividueller Regressionskoeffizient der Milchmengenleistung auf die Zeitspanne zwischen Kalbung und Probenahme in den ersten drei MLP-Proben bestimmt. Als Voraussetzung für die Berechnung dieses tierindividuellen Regressionskoeffizienten ist zu nennen, dass mindestens zwei Proben je Tier zur Verfügung stehen (Abbildung 5).

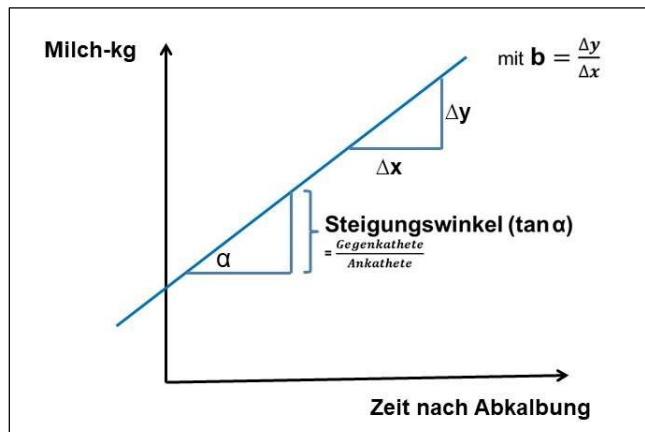


Abbildung 5: Schematische Darstellung der tierindividuellen Erfassung des Leistungsanstiegs auf der Basis des zugehörigen Regressionskoeffizienten der ermittelten Milchmenge in den ersten drei Probenahmen auf die Zeit. Er kann auch als Steigungswinkel α definiert werden
 (Voraussetzung: Vorhandensein von mindestens zwei aufeinanderfolgende (monatliche) Probegemelke für die betreffende Kuh)

Zur Quantifizierung spezieller Einflussgrößen auf die vorliegenden MLP-Daten wurde (zunächst) ein einfaches gemischtes lineares Modell genutzt (siehe Gleichung (2)):

$$Y_z = \text{vater} + \text{herde} + \text{dim}_z + \text{scs}_z + \text{eka} \quad (2)$$

mit

Y_z = beobachteter Merkmalswert eines Tieres zur z-ten Probenahme (MLP) ($z = 1$ bis 3)

vater = zufälliger Effekt des Vaters

herde = fixer Effekt der Herde/Saison

dim_z = Tage in Milch (= Zeitspanne zwischen Probenahme u. Abkalbung); Kovariable

scs_z = Zellscore (= logarithmierte Zellzahl zum Zeitpunkt der Probenahme); Kovariable

eka = Erstkalbealter (Monate); Kovariable.

Die deutliche Abhängigkeit sowohl der Milchmengenleistung als auch des somatischen Milchzellgehaltes vom Zeitpunkt der 1. Milchprobenahme kann somit belegt werden (Abbildungen 6 und 7).

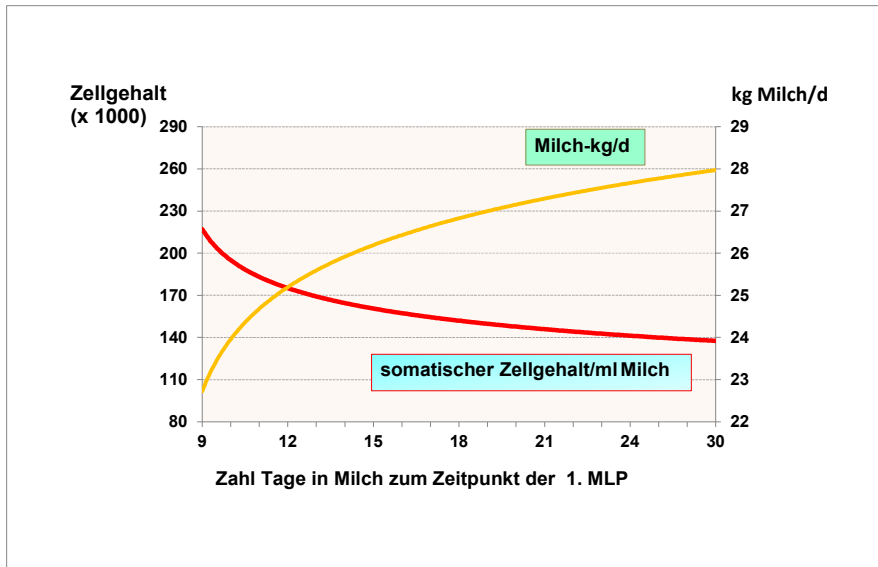


Abbildung 6: Abhängigkeit des somatischen Zellgehaltes in der Milch sowie der Milchmengenleistung vom Zeitpunkt der 1. Milchprobenahme (MLP) nach Abkalbung (berechnete Trendfunktionen im vorliegenden Datenmaterial)

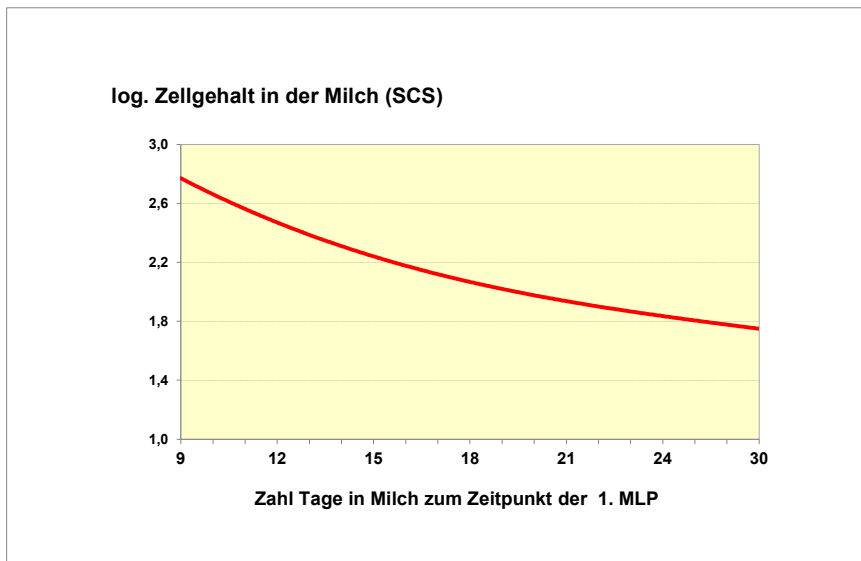


Abbildung 7: Abhängigkeit des logarithmierten Zellgehaltes (SCS) vom Zeitpunkt der Milchprobenahme nach 1. Abkalbung (berechnete Trendfunktion)

Die Resultate unterstützen die notwendige Berücksichtigung des zeitlichen Abstandes der Probenahme (MLP) in Abhängigkeit vom Zeitpunkt der Kalbung (Abbildung 7).

In einem nachfolgenden Schritt wurde dieser (einfache) lineare Ansatz - zwecks Erfassung zugehöriger Kovarianzen bzw. genetischer Korrelationen (r_g) - erweitert.

Es wurden nun vorzugsweise 3-Merkmals-Modelle analysiert. Auch wurde nun anstelle der Vaterkomponente das leistungsgeprüfte Tier selbst als zufälliger Effekt in das Auswertungsmodell integriert.

4. Ergebnisse

4.1 Effekte auf die Einsatzleistung

Die Auswertung des 1. Probegemelks zeigt, dass ca. 25% der Erstkalbskühe einen FEQ außerhalb des als physiologisch normal angesehenen Bereichs aufweisen (Tabelle 5).

Daraus lässt sich jedoch noch nicht zwingend ableiten, dass alle diese Tiere unter Stoffwechselstörungen leiden, da tierindividuelle Unterschiede hinsichtlich der metabolischen Stabilität bestehen (KESSEL ET AL., 2008). Allerdings sollten alle Tiere im Extrembereich vor Ort intensiv beobachtet werden, da der FEQ ein Indikator für die Energiebilanz ist (Tab. 5).

Tabelle 5:
Übersicht zum Sächsischen Datenmaterial (ersten zwei Probegemelke)

Merkmal	Kenngroße
<i>somatische Zellzahl:</i>	
Anteil Tiere mit Zellzahl ≥ 400.000 im 1. Probegemelk*	11,4%
Anteil Tiere mit mindestens 1x Zellzahl ≥ 400.000 in den beiden ersten Probegemelken	17,9%
<i>FEQ:</i>	
Anteil Tiere FEQ $\geq 1,5$ im 1. Probegemelk*	20,3%
Anteil Tiere FEQ $\leq 1,0$ im 1. Probegemelk	5,9%
Anteil Tiere FEQ $\geq 1,5$ im 2. Probegemelk	5,7%
Anteil Tiere FEQ $\leq 1,0$ im 2. Probegemelk	8,4%

*Bedingung: 9 bis 40 Tage nach Erstabkalbung

Vorliegende Analyse bestätigt gleichzeitig, dass das EKA einen positiven Einfluss auf die Milchmenge bzw. den FEQ besitzt (Tab. 6).

Möglicherweise verfügen ältere Färsen zur Kalbung über mehr Körperreserven, die im Bedarfsfall mobilisiert werden können. Allerdings ist mit zunehmendem EKA gleichzeitig auch eine Zunahme des Zellgehaltes zu nennen (Tab. 6).

Tabelle 6:
Schätzer für die berücksichtigten Kovariablen bei merkmalsbezogener Auswertung der Daten der 1. Milchprobe nach einem einfachen gemischten linearen Modell **

Kovariable	M-kg ₁	Fett-% ₁	FEQ ₁	SCS ₁	Pr > t	Bemerkung
DIM ₁ *	0,167 (0,004)	-0,031 (0,005)	-0,005 (0,001)	-0,035 (0,001)	<0,001	Signifikanz
SCS ₁	-0,614 (0,018)	0,063 (0,024)	0,011 (0,001)	keine Kovariable	<0,001	Signifikanz
EKA	0,219 (0,015)	0,039 (0,019)	0,014 (0,001)	0,035 (0,004)	<0,001	Signifikanz

Anm.: * Tage in Milch; SCS = log. Zellzahl (Score); EKA = Erstkalbealter (Monate)

**definierter Auswertungszeitraum: 9. bis 40. Tag nach Erstkalbung

Das Argument, wonach ein höheres EKA für ‚stabilere‘ Färsen steht, wird durch die vorliegenden Ergebnisse widerlegt (Tab. 6).

4.2 Genetische Populationskenngrößen für die Einsatzleistung

In der Tabelle 7 sind die Ergebnisse ermittelter Populationskenngrößen auf der Basis von 3-Merkmal-Modellen zusammengestellt.

Tabelle 7:
Berechnete Heritabilitäten (h^2) und genetische Korrelationen (r_g) auf der Basis von 3-Merkmal-Modellen

Merkmalsgröße	Heritabilität (h^2)	genetische Korrelationen (r_g)	
		2. Probegemelk	3. Probegemelk
Milchmenge (kg) in den ersten 3 Probegemelken:			
Milch-kg (1.) *	0,09	0,95	0,85
Milch-kg (2.) **	0,14		0,97
Milch-kg (3.)	0,17		
FEQ in den ersten 3 Probegemelken:			
FEQ (1.)	0,06	0,77	0,64
FEQ (2.)	0,07		0,97
FEQ (3.)	0,18		
logarithmierte Zellzahl in der Milch in den ersten 3 Probegemelken:			
SCS (1.)	0,04	0,84	0,76
SCS (2.)	0,03		0,89
SCS (3.)	0,04		

Anm.: * Milchmenge im 1. Probegemelk; ** Milchmenge im 2. Probegemelk (etc.)

Die Heritabilitäten (h^2) für die tägliche Milchleistung bzw. den FEQ sind im 1. Probegemelk deutlich geringer als in den beiden folgenden Probenahmen. Gleichzeitig bestätigt sich der in der Literatur wiederholt beschriebene Sachverhalt, dass die Merkmalsbeziehungen (r_g) mit zunehmender Zeitspanne zwischen den Probegemelken regelmäßig abnehmen.

Die am Datenmaterial ermittelte Erblichkeit des Milchmengenanstieges (b-Wert) in der Früh-laktation ($h^2 = 0,12$) rechtfertigt eine züchterische Einflussnahme auf den Leistungszuwachs. Zusätzlich zeigt sich, dass der b-Wert mit der Höhe der Milchleistung positiv korreliert ist (Tabelle 8).

Tabelle 8:
Genetische Populationskenngrößen für den Leistungsanstieg (b) in den drei ersten Probenahmen*

Merkmalsgröße	Heritabilität (h^2)	genetische Korrelation zu weiteren Merkmalen (r_g)	
		Milch-kg (1.)	FEQ (1.)
Leistungsanstieg (b)	0,12 (0,01) **	0,23 (0,01)	0,13 (0,01)

*Basis: 3-Merkmal-Modell mit Einbeziehung der Milchmenge und des FEQ im 1. Probegemelk;

** zugehöriger Standardfehler in Klammer nach dem Schätzwert

Weiterhin ist zu vermerken, dass die Höhe der täglichen Milchmengenleistung im 1. Probegemelk in negativer Beziehung zur Zellzahl steht. Mit anderen Worten: auch der Zellgehalt in der Milch ist neben dem Zeitpunkt der Probenahme nach Abkalbung im Rahmen der Interpretation von MLP-Ergebnissen regelmäßig zu beachten (Tabelle 9).

Tabelle 9:

Beobachtete Korrelation zwischen der Milchmenge und dem Milchzellgehalt im 1. Probegemelk

Merkmalskombination	phänotyp. Kor. (r_p)
Milch (1.) : SCS (1.)	-0,21 (0,01)*

* zugehöriger Standardfehler in Klammer

Gleichzeitig sind (leider) auch differenzierte Beziehungen zwischen der Milchleistung und dem FEQ in der 1. Probenahme auf phänotypischer bzw. genetischer Ebene zu nennen (Tab. 10).

Tabelle 10:

Korrelationen zwischen der Milchmenge und dem FEQ im 1. Probegemelk

Merkmalskombination	Korrelation	
	genet. Kor. (r_g)	phänotyp. Kor. (r_p)
Milch (1.) : FEQ (1.)	0,38 (0,03)*	-0,14 (0,01)

* zugehöriger Standardfehler in Klammer

Während einerseits eine moderate positive genetische Beziehung zu beobachten ist, tendiert andererseits der phänotypische Zusammenhang in negative Richtung (Tab. 10).

4.3. Selektionserfolge bei differenzierter Bewertung verschiedener Laktationsabschnitte

Die Problemstellung kann wie folgt verallgemeinert beschrieben werden: Aus den im Rahmen der Leistungsprüfung anfallenden MLP-Daten wird ein genetisch-ökonomisch begründeter Selektionsindex (nachfolgend mit I definiert) für KB-Bullen gebildet. Berücksichtigt werden gleichzeitig folgende vier Milchmengenmerkmale:

1. Leistungsanstieg für die Milchmenge in der Früh-laktation (Anstieg: b)
2. Höhe der Milchmengenleistung (kg) in den ersten 100 Tagen der 1. Laktation (kurz: Milchmenge (MM), 1.-100. Tag)
3. Höhe der Milchmengenleistung (kg) im letzten Laktationsdrittel (kurz: MM, 201.-305. Tag)
4. Höhe der Milchmengenleistung (kg) in der Gesamtlaktation (kurz: MM, 305Tage).

Die erforderlichen Indexgewichte (b_i) werden so berechnet, dass die Korrelation zwischen Index und definiertem Gesamtzuchtwert (nachfolgend mit T bezeichnet) maximiert wird (CUNNINGHAM, 1975). Eine Indexselektion (mit vorgegebener Intensität) lässt bei unterschiedlicher Definition des

Gesamtzuchtwertes (T) sowie differenzierter Berücksichtigung verschiedener Merkmale variierende Zuchtfortschritte für den Gesamtzuchtwert (ΔG_T) als auch für die Einzelmerkmale (ΔG_i) erwarten.

Diese zu erwartenden Zuchtfortschritte insbesondere für die Einzelmerkmale (ΔG_i) können anschließend im Sinne eines Effizienzvergleiches gegenübergestellt werden.

Definiert man den Gesamtzuchtwert T - unter Beachtung der in der Tierzucht üblicherweise verwendeten Matrizennotation - nach Beziehung (3):

$$T = v' \cdot Y \quad (3)$$

mit

T Gesamtzuchtwert

v' Zeilenvektor, der die relativen ökonomischen Gewichte der m Merkmale in Y beschreibt

Y Vektor der additiv-genotypischen Werte für die m Merkmale, die in den Gesamtzuchtwert eingehen

und wendet zur Verbesserung des Gesamtzuchtwertes eine Indexselektion an, so lässt sich der interessierende Selektionsindex I mit Gleichung (4) darstellen:

$$I = b' \cdot X \quad (4)$$

mit

I Selektionsindex

b' Zeilenvektor mit den n Wichtungsfaktoren des verwendeten Indexes

X Vektor für die n Indexvariablen (Informationsquellen).

Der zu erwartende Zuchtfortschritt für den Gesamtzuchtwert (ΔG_T) nach einer Generation gezielter Indexselektion kann nun wie folgt berechnet werden (CUNNINGHAM, 1975):

$$\Delta G_T = i \cdot r_{TI} \cdot \sigma_{TI} = i \cdot \sigma_I \quad (5)$$

mit

ΔG_T zu erwartender Gesamt-Zuchtfortschritt

i standardisierte Selektionsintensität

r_{TI} Korrelation zwischen definiertem Gesamtzuchtwert T und Index I

σ_T Standardabweichung für den Gesamtzuchtwert T

σ_I Standardabweichung für den Selektionsindex I

Die für die zugehörigen Einzelmerkmale zu erwartenden partiellen Zuchtfortschritte (ΔG_i) resultieren aus der folgenden Beziehung (CUNNINGHAM, 1975):

$$\Delta G_i = i \frac{b' \cdot G_i}{\sigma_I} = i \frac{b' \cdot G_i}{\sqrt{b' \cdot P \cdot b}} \quad (6)$$

mit

ΔG_T zu erwartender Gesamt-Zuchtfortschritt

G_i n mal m-Matrix der Kovarianzen zwischen den n Variablen in X und den m Merkmalen in Y (hier: G_i : i-te Spalte der G-Matrix)

P n mal n-Matrix der phänotypischen Kovarianzen zwischen den n Variablen in X

b jetzt: Spaltenvektor mit den n Wichtungsfaktoren des verwendeten Indexes (s. auch: b').

Die Beziehung (6) ermöglicht somit die Quantifizierung der merkmalspezifischen Zuchtfortschritte bei Anwendung eines klassischen Selektionsindexes.

Die im Rahmen der Indexbildung verwendeten Kenngrößen bzw. die relativen wirtschaftlichen Gewichte (v_i) der genutzten Merkmale sind in Tabelle 11 bzw. 12 zusammengestellt.

Tabelle 11:
Verwendete Populationsparameter für die verschiedenen Milchleistungskriterien in der
1. Laktation im Rahmen der Bildung eines Selektionsindexes für Vatertiere

Merkmal/ Kenngröße	Mittelwert	phänotypische Streuung (s_p)	Populationsparameter (h^2 auf der Diagonalen (fett); übrige Elemente: phänotypische Korrelationen (r_p))			
			b-Anstieg	MM, kg 1.-100. Tag	MM, kg 201.-305. Tag	MM, kg 1.-305. Tag
b-Anstieg (kg/d)	0,07	0,0154	0,12	0,35	0,29	0,30
Milchmenge (MM), kg 1.-100. Tag	3200	480	0,35	0,28	0,32	0,40
Milchmenge, kg 201.-305. Tag	2700	432	0,29	0,32	0,26	0,36
Milchmenge, kg 1.-305. Tag	8900	1513	0,30	0,40	0,36	0,35

Nachzutragen bleibt an dieser Stelle, dass auch bereits frühere eigene Untersuchungen enge genetische Beziehungen zwischen verschiedenen Teilleistungen ergaben (BRADE UND GROENEVELD, 1995; GROENEVELD UND BRADE, 1996).

Die berechneten jährlichen Zuchtfortschritte, die am zugehörigen Mittel der Ausgangsgeneration (Tab. 11) relativiert wurden (ΔG_i , %), sind nachfolgend tabelliert (Tab. 12). Gleichzeitig erfolgte die Berücksichtigung sehr unterschiedlicher Zuchtziele; ausgedrückt durch differenzierte ökonomisch-züchterische Gewichte für die verschiedenen Milchmengenmerkmale (v_i).

Aus genetisch-züchterischer Sicht bietet sich folgende Zuchtstrategie an: unterschiedliche Bewertung der Milchleistung im Laktationsverlauf mit dem Ziel einer systematischen Einflussnahme auf eine generell flachere Laktationskurve (Tab. 12).

Tabelle 12:

Berechnete relative jährliche Zuchtfortschritte (ΔG , %) in der Töchtergeneration aufgrund einer differenzierten Vatertierauslese* bei unterschiedlicher Gewichtung der Milchleistungsmerkmale im Laktationsverlauf

Zuchtrichtung Selektion auf:	Ökonomisch-züchterische Gewichte (v_i)				relative jährliche Zuchtfortschritte (ΔG , %)			
	b-Anstieg	1. -100. Tag	201.-305. Tag	1.-305. Tag	b-Anstieg	1.- 100. Tag	201.-305. Tag	1.-305. Tag
305-Tage-Leistung	0	0	0	1	0,87	0,99	0,98	1,38
201.-305. Tage-Leistg.	0	0	1	0	0,77	0,93	1,07	1,25
1.-100. Tage-Leistg.	0	1	0	0	0,90	1,06	0,94	1,29
Selektion gegen schnellen Leistungsanstieg	-1	0	0	0	-0,94	-1,02	-0,88	-1,28
mit Selektion auf Persistenz	-1000	0	0,1	0	0,68	0,85	1,06	1,17
	-1650	0	0,05	0	0,12	0,29	0,72	0,52

*Ausleseanteil bei den Vätern: 15 % (standardisierte Selektionsintensität: $i = 1,554$)

Eine ausschließlich positive ökonomisch-züchterische Bewertung der Milchleistung im letzten Laktationsdrittel (= 2. Selektionsvariante in Tabelle 12) führt zu einer (geringfügigen) Verbesserung des zugehörigen Leistungsniveaus; bei leicht reduziertem Zuchtfortschritt in der Gesamtlaktationsleistung. Dieser (vereinfachte) Selektionsansatz geht von der Beobachtung aus, dass in der Regel keine NEB im 3. Laktationsdrittel besteht.

Die (zu erwartenden) jährlichen Selektionserfolge (ΔG_i %) lassen weiter erkennen: infolge sehr enger positiver Beziehungen führt eine Selektion gegen einen sehr schnellen Leistungsanstieg in der Früh-laktation zu abnehmenden Gesamtlaktationsleistungen.

Nur bei behutsamer Vorgehensweise mit gleichzeitiger Bewertung sowohl der Leistung im dritten Laktationsabschnitt (= positive Gewichtung (v_i)) als auch des Leistungsanstieges in der Früh-laktation (negative Gewichtung (v_i)) sind vorteilhafte Veränderungen im Laktationsverlauf realisierbar, ohne nennenswerte Verluste bezüglich des Zuchtfortschrittes in der Gesamtlaktationsleistung.

5 Diskussion

Kühe in der postpartalen Transitphase stehen vor der besonderen Herausforderung, den schnellen Anstieg des Nährstoff- und Energiebedarfs zu bewältigen.

Die konsequente Erhöhung der Milchleistung basierte bisher vorzugsweise auf einer Selektion nach hoher Einsatzleistung (BRADE UND GROENEVELD, 1995). Ungeachtet der begrenzten Futteraufnahmekapazität - vor allem zu Beginn der Laktation - hat dies zu einer dramatischen Zunahme der negativen Energiebilanz (NEB) im ersten Laktationsdrittel geführt. Eine lang andauernde NEB ist ein Risikofaktor für verschiedene Erkrankungen.

Der Einfluss einer NEB auf ausgewählte Milchinhaltsstoffe ist gleichfalls vielfältig belegt und lässt sich wie folgt zusammenfassen (ENGELHARD, 2014):

Einfluss eines Energiemangels auf verschiedene Milchkriterien:

(<90 % der Norm; Verstärkung durch XP-Überschuss)

- Fettgehalt ↑ (>5%) (einschl. starkes Aufrahmen)
- Laktosegehalt ↓ (auf unteren physiologischen Grenzwert)
- Eiweißgehalt ↓ (mit Abhängigkeit zur Milchleistung)
- Harnstoffgehalt ↑ (da NPN-Verwertung ↓)
- Azetongehalt ↑ (Ketose → Ketonkörper in der Milch ↑)
- Ölsäuregehalt im Milchfett ↑
- Käseeritauglichkeit ↓.

Eigene Berechnungen zeigen, dass die NEB bei hochleistenden Milchkühen heute praktisch das gesamte erste Laktationsdrittel umfasst (BRADE, 2016).

Ein Teil der nötigen Energie kann nur über die Mobilisierung von Körperreserven in der Früh lactation bereitgestellt werden.

Der Energiestatus von Milchkühen in der Früh lactation ist somit ein wichtiges Merkmal, das in aktuellen Zuchtprogrammen bei Holsteinrindern (noch) nicht berücksichtigt wird.

Wie könnte man diese unerwünschte Entwicklung in der züchterischen Praxis indirekt stoppen, solange die NEB nicht direkt tierindividuell in praxi erfasst werden kann?

Aus genetisch-züchterischer Sicht bietet sich eine konsequente Selektion auf eine generell flachere Laktationskurve durch differenzierte Bewertung regelmäßig vorhandener MLP-Informationen aus verschiedenen Laktationsabschnitten an.

Dieser Selektionsansatz geht davon aus, dass im 3. Laktationsdrittel in der Regel keine NEB für gesunde, hochleistende Kühe zu beobachten ist.

Zusätzlich wird vorgeschlagen, den Leistungsanstieg in der Früh lactation (b-Wert) als indirekte Einflussgröße auf die NEB in der Früh lactation in der Zuchtpraxis gezielt weiter zu nutzen.

Zusammenfassung

Ergebnisse aus der Milchleistungsprüfung in der Frühlaktation von Erstkalbskühen gezielt nutzen

Vorliegende Arbeit hat das Ziel, genetische Populationsparameter für routinemäßig erfasste Merkmale von Erstkalbskühen in der Frühlaktation im Rahmen der Milchleistungsprüfung (MLP) an einem aktuellen Datenmaterial zu verifizieren.

Da die MLP in der Regel nur einmal monatlich auf Betriebsebene erfolgt, erfordert die Interpretation der Beobachtungswerte eine besondere Beachtung der individuellen Zeitspanne zwischen Abkalbung und zugehöriger Probenahme.

Von besonderem Interesse ist die genetisch-züchterische Bewertung des beobachteten Leistungsanstieges unmittelbar nach der Abkalbung; vor dem Hintergrund einer entstehenden negativen Energiebilanz (NEB) in der Frühlaktation hochleistender Milchkühe.

Es wird vorgeschlagen, den Leistungsanstieg in der Frühlaktation als indirekte Einflussgröße auf die NEB in der Frühlaktation in der Zuchtpraxis gezielt zu nutzen.

Die Bewertung des somatischen Milchzellgehaltes reflektiert die Eutergesundheit frischabgekalbter Jungkühe.

Der Fett-Eiweiß-Quotient (FEQ) besitzt den besonderen Vorzug, dass er anhand der MLP-Ergebnisse leicht bestimmt werden kann und deshalb nicht zusätzlich erhoben werden muss.

Die routinemäßige Bewertung der tierindividuellen MLP-Ergebnisse liefert vielfältige Nutzungsmöglichkeiten für die tierzüchterische und tierärztliche Praxis, deren Aussagefähigkeit im Hinblick auf ausgewählte Milchinhaltsstoffe noch längst nicht vollständig ausgeschöpft ist.

Schlüsselwörter: Erstkalbskühe, Milchleistungsprüfung (MLP), Fitness, Selektion; Züchtung

Summary

Findings of milk recording (MLP) in early lactation of first-calf heifers: targeted assessment and use

This work aims at verifying genetic population parameters for routinely recorded characteristics of first-calf heifers in the first third of lactation in the context of milk recording (MLP), based on recent data.

Since the MLP is usually carried out only once a month at farm level, interpretation of the observation values requires particular attention to be paid to the individual MLP-time span between calving and related sampling.

The genetic breeding assessment of the increase in milk performance observed immediately after calving is of particular interest against a backdrop of an emerging negative energy balance (NEB) in the early lactation of high-performance dairy cows.

It is proposed to make targeted use of the increase in milk output in early lactation as it is an indirect quantity influencing the NEB in early lactation in breeding practice.

The evaluation of the somatic milk cell content reflects udder health of first-calf heifers.

The fat-to-protein ratio (FEQ) in milk has the special benefit that it can be easily determined based on MLP results and therefore does not have to be collected additionally.

The routine evaluation of the animal specific MLP results provides a wide range of uses for the zootechnical and veterinary practice, the informative value and meaningfulness of which are far from being exhausted.

Key words: first-calf heifer, milk recording (MLP), fitness, selection, breeding

Literatur:

1. Bergk N, Swalve HH (2011): Der Fett-Eiweiß-Quotient in der Früh lactation als Indikator für den Verbleib von Erstkalbinnen in der Milchkuhherde
Züchtungskunde, 83, 89–103,
2. Bloemhof S, Gerben de Jong G, de Haas Y (2009): Genetic parameters for clinical mastitis in the first three lactations of Dutch Holstein cattle. *Veterinary Microbiology* 134, 165-171
3. Brade, W (2013): Die Energiebilanz hoch leistender Milchkühe aus der Sicht der Züchtung und des Tierschutzes. *Prakt. Tierarzt* 94, 536 - 544.
4. Brade W (2016): Aktuelle Zuchtzielsetzung bei Deutschen Holstein-Rindern – eine kritische Überprüfung. *Berichte über Landw.*, 94, Heft 2, 16 S.
5. Brade W, Groeneveld E (1995): Bestimmung genetischer Parameter für die Einsatzleistung von Milchkühen. *Arch. Tierz.* 38, 149-154.
6. Brade W, Hamann H, Brade E, Distl O (2008): Untersuchungen zum Verlustgeschehen von Erstkalbinnen in Sachsen. *Züchtungskunde*, 80, 127-136.
7. Buttchereit N, Stamer E, Junge W, Thaller G (2011): Short communication: Genetic relationships among daily energy balance, feed intake, body condition score, and fat to protein ratio of milk in dairy cows. *J. Dairy Sci.* 94, 1586–1591.
8. Buttchereit N, Stamer E, Junge W, Thaller G (2012): Genetic parameters for energy balance, fat /protein ratio, body condition score and disease traits in German Holstein cows. *J. Anim. Breed. Genet.* 129:280–288.
9. Cunningham EP (1975): Multi-stage index selection. *Theoret. Appl. Genetics* 46, 55-62.

10. Duffield T F, Kelton DF, Leslie KE, Lissemore KD, Lumsden JH (1997): Use of test day milk fat and milk protein to detect subclinical ketosis in dairy cattle in Ontario.
Can. Vet. J. 38, 713–718.
11. Ederer S, Egger-Danner C, Zollitsch W, Fuerts-Walt B (2012): Metabolic disorders and their relationships to milk production traits in Austrian Fleckvieh. 39th ICAR Conf., Berlin, Germany. In: ICAR (International Committee for Animal Recording), http://www.icar.org/Documents/Berlin_2014/index.htm.
12. Engelhard T (2014): Milchinhaltsstoffe - wichtige Parameter der Fütterungskontrolle und Indikatoren für die Stoffwechselfgesundheit der Kuh. Vortrag. 38. Tag des Milchviehhalters in Sachsen-Anhalt am 25. und 26. März 2014 in Bernburg.
13. Esposito G, Irons PC, Webb EW, Chapwanyaa A (2014): Interactions between negative energy balance, metabolic diseases, uterine health and immune response in transition dairy cows. Animal Reproduction Science 144, 60-71.
14. Groeneveld (2006): PEST User's Manual.
<ftp://ftp.tzv.fal.de/pub/pest/doc/pest-manual-Apr-2006.pdf> (Zugriff 30.7.2006)
15. Groeneveld E, Brade W (1996): Rechentchnische Aspekte der multivariaten REML Kovarianzkomponentenschätzung, dargestellt an einem Anwendungsbeispiel aus der Rinderzüchtung. Archiv Tierzucht 39, 81-87
16. Hamann J, Gyodi P (1999): Electrical conductivity in fraction-collected quarter milk samples with low somatic cell counts", Milchwissensch., 54, 487-491.
17. Heringstad B, Gianola D, Chang M, Ødegård J, Klemetsdal G (2006): Genetic associations between clinical mastitis and somatic cell score in early first-lactation cows. J. Dairy Sci. 89, 2236-2244
18. Heuer C, Schukken YH, Dobbelaar P (1999): Postpartum body condition score and results from the first test day milk as predictors of disease, fertility, yield and culling in commercial dairy herds. J. Dairy Sci. 82, 295–304.
Kessel S, Stroehl M, Meyer HHD, Hiss S, Sauerwein H, Schwarz FJ, Bruckmaier RM (2008): Individual variability in physiological adaption to metabolic stress during early lactation in dairy cows kept under equal conditions.
J. Anim. Sci. 86, 2903–2912.
19. Koeck A, Jamrozik J, Schenkel FS, Moore RK, Lefebvre DM, Kelton DF, Miglior F (2014a): Genetic analysis of milk β -hydroxybutyrate and its association with fat-to-protein ratio, body condition score, clinical ketosis, and displaced abomasum in early first lactation of Canadian Holsteins. J. Dairy Sci. 97, 7286-7292
20. Koeck A, Loker S, Miglior F, Kelton DF, Jamrozik J, Schenkel FS (2014b): Genetic relationships of clinical mastitis, cystic ovaries, and lameness with milk yield and somatic cell score in first-lactation Canadian Holsteins. J. Dairy Sci. 97, 5806-5813
21. Koeck A, Jamrozik J, Kistemaker GJ, Schenkel FS, Moore RK, Lefebvre DM, Kelton DF, Miglior F (2015): Development of genetic evaluations for metabolic disease traits for Canadian dairy cattle. Präsentation on Interbull Annual Meeting 2015 in Orlando, Florida (USA). <http://www.interbull.org/static/web/Koeck.pdf> (Zugriff 20.08.2015)
22. Kovac M, Groeneveld E, Garcia-Cortez A (2003): VCE-5 (Version 5.1.2 vom 11.12.2003) <ftp://ftp.zgr.fal.de/pub/vce5/doc/>(Zugriff am 21.4.2004).
23. Martens H (2015): Stoffwechselbelastungen und Gesundheitsrisiken der Milchkühe in der frühen Laktation. Tierärztl. Umschau 70, 496-504.
24. Negussie E, Strandén I, Mäntysaari EA (2013): Genetic associations of test-day fat:protein ratio with milk yield, fertility, and udder health traits in Nordic Red cattle. J. Dairy Sci. 96, 1237-1250.

25. Rossow N (2003): Die Energiebilanzsituation der Milchkuh in der Früh lactation. http://www.portal-rind.de/data/artikel/49/artikel_49.pdf (Zugriff am 12.012.2011)
26. Rupp R, Boichard D (1999): Genetic parameters for clinical mastitis, somatic cell score, production, udder type traits, and milking ease in first-lactation Holsteins.
J. Dairy Sci. 82, 2198-2204.
27. Rupp R, Boichard D (2000): Relationship of early first lactation somatic cell count with risk of subsequent first clinical mastitis. Livestock Prod. Sci. 62, 169-180.
28. Seggewiß S (2004): Überprüfung der Bedeutung von Milch Inhaltsstoffen für die Beurteilung der Energie-, Protein- und Strukturversorgung von HF-Kühen.
Diss. TiHo Hannover
29. Søndergaard E, Sørensen MK, Mao IL, Jensen J (2002): Genetic parameters of production, feed intake, body weight, body composition, and udder health in lactating dairy cows. Livest. Prod. Sci. 77, 23-34
30. Van Straten M, Shpigel NY, Friger M (2008): Analysis of daily body weight of high-producing dairy cows in the first one hundred twenty days of lactation and associations with ovarian inactivity. J. Dairy Sci. 91, 3353-3362
31. 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.

Anschrift der Autoren

Prof. Dr. habil. Wilfried Brade,

Tierärztliche Hochschule (TiHo) Hannover und Norddeutsches Tierzucht-Beratungsbüro,

18181 Graal-Müritz

E-Mail: wilfried.brade@t-online.de

Prof. Dr. habil. Ottmar Distl,

Tierärztliche Hochschule (TiHo) Hannover