

The logo for ZAR (Zucht- und Anbauregulator) is a stylized, handwritten-style 'ZAR' in black.The logo for ZuchtData is 'Zucht' in black and 'Data' in red, with a red wavy line underneath. Below it, in a small black box, is 'EDV-DIENSTLEISTUNGEN GMBH'.

PERSPEKTIVEN FÜR  
DIE RINDER- UND  
MILCHWIRTSCHAFT

NEUE MERKMALE UND  
SELEKTIONSKRITERIEN

GESUNDHEITS-  
MONITORING

MOLEKULARE  
RINDERZUCHT

KARTIERUNG VON  
ERBFEHLERN

ALTERNATIVE  
ZUCHTPROGRAMME

A collage of images related to cattle breeding. It includes: a group of white cows in a field; a black and white cow in a mountain landscape; two brown cows in a valley; a close-up of a cow's face; a cow in a stable; a white cow in a mountain landscape; a grey cow on a hill; and a brown and white cow in a field.

# NEUE SELEKTIONSKRITERIEN UND ZUCHTSTRATEGIEN IN DER RINDERZUCHT

Seminar des Ausschusses für Genetik  
der ZAR, 15. März 2007, Salzburg

2007



# Inhaltsverzeichnis

<b>Verzeichnis der Autoren</b>	<b>2</b>
 <i>Dr. Erwin Schmid:</i>	
<b>Agrarpolitische Trends in der europäischen und österreichischen Rinder- und Milchwirtschaft</b>	<b>3</b>
 <i>Dr. Christian Fürst:</i>	
<b>Brauchen wir neue Merkmale und Selektionskriterien im Zuchtziel?</b>	<b>9</b>
 <i>Dr. Christa Egger-Danner:</i>	
<b>Gesundheitsmonitoring Rind - Erste Ergebnisse</b>	<b>19</b>
 <i>Univ.-Prof. Dr. Johann Sölkner:</i>	
<b>Möglichkeiten der molekularen Rinderzucht</b>	<b>29</b>
 <i>Dr. Kay-Uwe Götz:</i>	
<b>Kartierung von Erbfehlern am Beispiel der Spinnengliedrigkeit</b>	<b>33</b>
 <i>Univ.-Prof. Dr. Hermann H. Swalve:</i>	
<b>Brauchen wir alternative Zuchtprogramme?</b>	<b>41</b>

# Verzeichnis der Autoren

***Dr. Christa Egger-Danner***

ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH  
Dresdner Straße 89/19  
1200 Wien  
egger-danner@zuchtdata.at  
www.zuchtdata.at

***Dr. Christian Fürst***

ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH  
Dresdner Straße 89/19  
1200 Wien  
fuerst@zuchtdata.at  
www.zuchtdata.at

***Dr. Kay-Uwe Götz***

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft Grub  
Institut für Tierzucht  
Prof. Dürrwaechter-Platz 1  
D-85586 Poing  
e-mail: kay-uwe.goetz@lfl.bayern.de  
www.lfl.bayern.de

***Dr. Erwin Schmid***

Universität für Bodenkultur  
Department für Wirtschafts- und Sozialwissenschaften  
Institut für nachhaltige Wirtschaftsentwicklung  
Feistmantelstraße 4  
1180 Wien  
erwin.schmid@boku.ac.at  
www.boku.ac.at

***Univ.-Prof. Dr. Johann Sölkner***

Universität für Bodenkultur  
Department für Nachhaltige Agrarsysteme  
Institut für Nutztierwissenschaften  
Gregor Mendel-Straße 33  
1180 Wien  
johann.soelkner@boku.ac.at  
www.boku.ac.at

***Univ.-Prof. Dr. Hermann H. Swalve***

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg  
Arbeitsgruppe Tierzucht  
Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften  
Naturwissenschaftliche Fakultät III  
Adam-Kuckhoff-Straße 35  
D-06108 Halle(Saale)  
hermann.swalve@landw.uni-halle.de  
www.uni-halle.de

# **Agrarpolitische Trends in der europäischen und österreichischen Rinder- und Milchwirtschaft**

Erwin Schmid

## **1. Einleitung**

Die Umsetzung der Reform der Gemeinsamen Agrarpolitik (GAP) aus dem Jahr 2003 wird in den nächsten beiden Jahren einer Evaluierung („health check“) unterzogen. Dabei werden vor allem die neuen Instrumente der GAP (entkoppelte Betriebsprämie, Cross Compliance und Modulation) in Bezug auf ihre Auswirkungen in den einzelnen Mitgliedstaaten untersucht und mögliche Korrekturvorschläge entwickelt. So könnte die Teilkoppelung der Direktzahlungen, wie sie unter anderem in Österreich implementiert wurde (100% der Mutterkuh- und 40% der Schlachtprämie sind weiterhin gekoppelt), durch die Vollentkoppelung ersetzt werden. Auch die unterschiedlichen Betriebsprämienmodelle in den Mitgliedstaaten könnten vereinheitlicht werden (z.B. das historische Modell der Zahlungsansprüche könnte durch einheitliche Flächenprämien im Regionalmodell ersetzt). Ob es zu Kürzungen bei den entkoppelten Betriebsprämien kommen wird, hängt nicht unwesentlich davon ab, ob das geplante GAP-Budget für 2007 – 2013 eingehalten werden kann. Die Einhaltung der Budgetdisziplin ist vor allem von den Erfolgen bei den Marktordnungsreformen im Bereich Zucker und Milch geprägt. Die Zuckermarktreform befindet sich bereits in der Umsetzungsphase. Eine umfassende Milchmarktreform ist zwar für 2015 geplant, jedoch wurden bereits mit der GAP-Reform 2003 wichtige Schritte gesetzt. Weitere Anpassungsschritte in der Milchmarktordnung zeichnen sich in den nächsten Jahren ab, die vor allem die Reduktion oder die Erhöhung mit anschließender Abschaffung der Milchkontingente betreffen werden.

Im Jahr 2005 reagierte der österreichische Agrarsektor mit einem 0,4%igen Rückgang des Produktionswertes zu Erzeugerpreisen gegenüber 2004 (Statistik Austria, 2006). Diese eher bescheidene Reaktion ist nicht unwesentlich auf eine sehr günstige Preisentwicklung für Rinder und Schweine, aber auch auf die relativ konstante Preisentwicklung in der Milchproduktion zurückzuführen, wobei sich der langjährig rückläufige Trend des Rinderbestandes fortsetzt.

Der Artikel beschreibt die sich abzeichnenden Änderungen der agrarpolitischen Rahmenbedingungen für die österreichische Landwirtschaft in den nächsten Jahren. Dabei werden vor allem die budgetäre Planung der GAP und die mögliche Reform der europäischen Milchmarktordnung thematisiert. Darüber hinaus werden Entwicklungen in der österreichischen Rinder- und Milchwirtschaft dargestellt und diskutiert. Der Artikel endet mit einer Zusammenfassung und einigen Schlussfolgerungen für die österreichische Rinder- und Milchwirtschaft.

## **2. Internationale und europäische Trends in der Landwirtschaft**

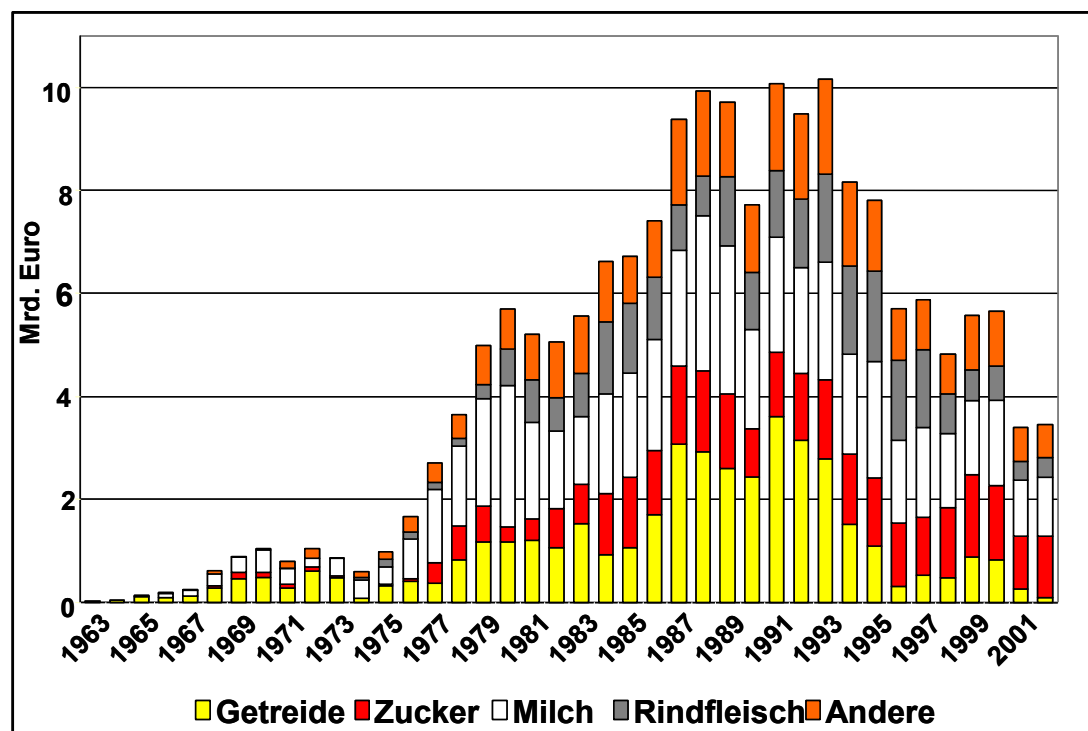
### **2.1 WTO und GAP-Budget**

Die neunte Verhandlungsrunde (Doha-Runde) über den Welthandel wurde Mitte 2006 abgebrochen. Der Abbruch ist im Wesentlichen auf die starren Positionen von USA, EU und der G20-Gruppe zurückzuführen. Verschiedene Analysten schätzen jedoch die Situation so ein, dass es dennoch zu einem Abschluss dieser Runde kommen wird. Vor allem die US-

Präsidentenwahl und die neue US-Farm Bill, die anders als die vorhergehende von einem massiven Haushaltsdefizit gekennzeichnet sein wird, werden dazu beitragen.

Auch die EU hat angekündigt, die Exporterstattungen bis 2013 abbauen zu wollen. Dies würde eine Entlastung für das GAP-Budget bedeuten, aber auch tief greifende Reformen in einigen sensiblen Marktordnungen erfordern. Die folgende Abbildung zeigt die Entwicklung und Struktur der Exportsubventionen in der EU bzw. EG.

**Abbildung 1: Entwicklung und Struktur der Exportsubventionen in der EU**



Quelle: Schaps (2003), in Kirschke und Weber (2004).

Die Abbildung zeigt, dass die Exportsubventionen der EU bzw. EG in den achtziger Jahren bis zu 10 Mrd. Euro betragen haben. Vor allem in den Sektoren Getreide, Zucker, Milch und Rindfleisch mussten Exportsubventionen gewährt werden, da die Produktionsüberschüsse andernfalls nicht auf internationalen Märkten absetzbar gewesen wären. Die letzten Jahre in der Abbildung begründen den Reformbedarf in den Marktordnungen Zucker und Milch. Da die Zuckermarktreform bereits umgesetzt wird und eine tief greifende Milchmarktreform für 2015 geplant ist, wird auf die letztere im folgenden Abschnitt etwas näher eingegangen.

Der finanzielle Rahmen für die Finanzierung der GAP ist für die Periode 2007 – 2013 im Grunde beschlossen. Jedoch sind im Rahmen der Budgetverhandlungen größere Konflikte aufgrund von Nettozahlungspositionen zwischen einzelnen Mitgliedstaaten aufgetreten, sodass man sich geeinigt hat sie bis 2008 ‚ruhig‘ zu stellen. Derzeit sind jährlich ca. 40 Mrd. Euro für die Erste Säule (Marktordnungen) und ca. 12 Mrd. Euro für die Zweite Säule (Programm der ländlichen Entwicklung) für 2007 – 2013 vorgesehen. Wird der budgetäre Rahmen nicht eingehalten, kann es zu Budgetnachverhandlungen oder zu Kürzungen der entkoppelten Betriebsprämien kommen.

## 2.2 Eckpunkte einer möglichen Milchmarktreform

Die EU ist der weltweit größte Milchproduzent. Die Produktion liegt etwa 15% über dem Inlandsverbrauch und der EU-Milchmarktpreis deutlich über dem Weltmarktpreis. Mit Hilfe von Exportsubventionen und internen Verwendungshilfen wird derzeit der Milchüberschuss

abgesetzt. Die europäische Milchmarktordnung besteht aus einer Vielzahl von Instrumenten (Exporterstattungen, Import- und Präferenzzölle, Direktzahlungen, Milchkontingente, Intervention, Marktzugang, etc.), die es zu reduzieren und vereinfachen gilt. Mit der GAP-Reform 2003 wurden erste Änderungen in der Milchmarktordnung beschlossen, die mit 2005 und in den Jahren danach umgesetzt werden. Dazu zählen die schrittweise Absenkung der Interventionspreise für Butter und Magermilchpulver um 25% bzw. 15% und der Butterinterventionsmenge von 70.000 t auf 30.000 t. Für die Preissenkungen wurden Milchprämien für Kontingentinhaber eingeführt, die graduell auf 3,55 Cent/kg Milchkontingent angehoben werden und mit 2007/08 in die entkoppelte Betriebsprämie einfließen. Darüber hinaus werden die Milchkontingente schrittweise um insgesamt 1,5% aufgestockt. Mit dem Absenken der Interventionspreise und den Importzöllen für Milchprodukte sowie dem Aufstocken der Milchkontingente versucht man den EU-Milchmarktpreis dem Weltmarktpreis anzugleichen. Im Rahmen der geplanten GAP-Evaluierung (health check) soll eine politische Entscheidung bezüglich dem Verbleib der Milchkontingente nach 2015 getroffen werden. Grundsätzlich stehen zwei Optionen zur Verfügung: eine Reduktion der Milchkontingente (um ca. 15%), sodass Produktion und Inlandsverbrauch ausgeglichen sind, oder eine Abschaffung der Milchkontingente. Derzeit dürfte die Mehrheit der Mitgliedstaaten für eine Abschaffung der Milchkontingente votieren. Falls eine solche durchgesetzt wird, kommt es zu Anpassungsmaßnahmen bis 2015 und einer Anschlussregelung. Wie diese Anpassungsmaßnahmen und Anschlussregelung im Konkreten aussehen werden, ist derzeit nur bedingt einschätzbar.

### **3. Entwicklung des österreichischen Agrarsektors von 1995 – 2005**

#### **3.1 Produktionswerte und Faktoreinkommen<sup>1</sup>**

Der landwirtschaftliche Produktionswert zu Herstellungspreisen betrug in Österreich im Jahr 2005 etwas mehr als 5,4 Mrd. Euro, was eine Abnahme von 8,4% gegenüber 1995 entspricht. Von dieser Abnahme ist der pflanzliche Bereich mit -16,5% stärker betroffen als der tierische Bereich mit -2,0%. Auf der anderen Seite sind die Vorleistungen um 8,5% gestiegen und betragen im Jahr 2005 ungefähr 3,1 Mrd. Euro. Ein ähnlicher Verlauf ist bei den Abschreibungen zu verzeichnen, die um 11,6% in diesem Zeitraum angestiegen sind, und im Jahr 2005 beinahe 1,5 Mrd. Euro ausmachten. Das Faktoreinkommen betrug im Jahr 1995 ungefähr 2,6 Mrd. Euro und ist im Jahr 2005 auf 2,3 Mrd. Euro oder um 11,5% gesunken. Darüber hinaus hat sich der Arbeitseinsatz (gemessen in Jahresarbeitseinheiten; JAE) von etwas mehr als 198.000 JAE im Jahr 1995 auf 164.500 JAE im Jahr 2005 oder um 17% reduziert. Es wird festgehalten, dass der nicht entlohnte Arbeitseinsatz in diesem Zeitraum um 20,8% auf ca. 141.000 JAE gesunken ist, jedoch der entlohnte Arbeitseinsatz um 17,2% bzw. auf ca. 23.500 JAE im Jahr 2005 gestiegen ist. Somit ist das Faktoreinkommen je JAE von 13.310 Euro im Jahre 1995 auf 14.290 Euro/JAE oder um 7,4% gestiegen. Gemessen am Indikator A<sup>2</sup> der Statistik Austria ist das reale Faktoreinkommen/JAE jedoch um beinahe 5% gegenüber 1995 gesunken.

---

<sup>1</sup> alle Daten stammen von der Statistik Austria (2005) und sind in nominellen Werten ausgedrückt.

<sup>2</sup> Der Indikator A ist eine zentrale Größe für die Beschreibung der Entwicklung des realen Faktoreinkommens in der Landwirtschaft je Jahresarbeitseinheit und wird in der EU und den Mitgliedstaaten verwendet.

### 3.2 Rinder- und Milchwirtschaft

Im Jahr 2005 betragen die jeweiligen Anteile des Rinder- und Milchsektors 28,5% und 33,0% am gesamten tierischen Produktionswert zu Herstellungspreisen. Diese prozentuellen Anteile sind über den Beobachtungszeitraum 1995 – 2005 beinahe konstant geblieben. Die Entwicklung der beiden Produktionssektoren ist von einer kontinuierlichen Abnahme der Betriebe sowie der Anzahl der Rinder bzw. Milchkühe geprägt. Die Abnahme der Betriebe ist größer, sodass die durchschnittliche Anzahl von Rindern und Milchkühen pro Betrieb steigt. Diese und andere wichtige Kennziffern über die Entwicklung der österreichischen Rinder- und Milchwirtschaftsstruktur sind in der folgenden Tabelle zusammengefasst.

**Tabelle 1: Kennziffern über die Entwicklung der österreichischen Rinder- und Milchwirtschaftsstruktur**

	Einheit	1995	1998	2000	2003	2005
Milchlieferanten	in %	100 <sup>1)</sup>	91,4	83,7	73,4	65,5
Milchkühe	in %	100 <sup>2)</sup>	96,8	97,2	89,7	84,3
Milchanlieferung/Lieferant	in %	100 <sup>3)</sup>	115,2	134,6	156,4	173,9
Anteil der Kontrollkühe	in %	54,3	59,6	61,9	65,3	70,1
Anteil der Kontrollbetriebe	in %	40,9	43,9	45,4	47,7	50,7
Milchleistung (alle Betriebe)	in t	4,6	4,9	5,2	5,6	5,8
Milchleistung (Kontrollbetriebe)	in t	5,2	5,5	5,9	6,2	6,5
Import von Käse	in 1.000 t	32,3	50,7	62,0	76,6	76,4
Export von Käse	in 1.000 t	20,2	35,0	48,2	84,4	85,6
Import von Rindfleisch	in 1.000 t	14,7	11,7	10,8	12,2	19,1
Export von Rindfleisch	in 1.000 t	54,5	67,1	59,1	70,7	79,5
Import von Zuchtkalbinnen	in Stück	-	-	-	682	9.248
Export von Zuchtkalbinnen	in Stück	-	-	-	21.948	30.518

Quelle: Statistik Austria, ZAR und BAWI.

<sup>1)</sup> entspricht 78.000 Milchlieferanten.

<sup>2)</sup> entspricht 638.339 Milchkühe.

<sup>3)</sup> entspricht 29,5 t/Lieferant.

Die durchschnittliche Milchanlieferung/Lieferant ist im Beobachtungszeitraum um beinahe 75% gestiegen, mit 51 t/Lieferant (2005) fällt sie aber im europäischen Vergleich sehr gering aus. Die Milchleistungskontrolle in Österreich verzeichnet einen positiven Trend. Sowohl der Anteil der Kontrollkühe an den gesamten Milchkühen als auch der Anteil der Kontrollbetriebe an den gesamten Milchbetrieben ist im Beobachtungszeitraum kontinuierlich und deutlich gestiegen, obwohl die Anzahl der Milchbetriebe und Milchkühe stetig abnimmt. Der Strukturwandel in der Milchproduktion sowie die Züchterfolge bewirken einen kontinuierlichen Anstieg der durchschnittlichen Milchleistung. Dabei fallen die Leistungsanstiege bei den Kontrollbetrieben etwas stärker aus als im Durchschnitt aller Milchbetriebe und zudem auf einem höheren Leistungsniveau.

Im Jahr 2005 wurden über 30.000 Zuchtkalbinnen exportiert, was einen Anstieg der Exporte von zusätzlichen 9.000 Zuchtkalbinnen gegenüber 2003 bedeutete. Jedoch sind die Importe an Zuchtkalbinnen im selben Zeitraum um beinahe denselben Umfang gestiegen. Der Rindfleischexport konnte von 54.000 Tonnen im Jahr 1995 auf beinahe 80.000 Tonnen im Jahr 2005 ausgedehnt werden, die Rindfleischimporte stiegen aber ebenfalls leicht. Österreich hat sich von einem Käseimportland zu einem Exportland entwickelt, was vor allem auf den Beitritt der EU-Ostländer im Jahr 2004 zurückzuführen ist. Die österreichischen Molkereien haben diese Chance erkannt und entsprechende Marktanteile in der Milchproduktpalette errungen.



## 4. Zusammenfassung und Schlussfolgerungen

Die europäische Rinder- und Milchwirtschaft wird in den nächsten Jahren deutliche Änderungen der Marktordnungen zu erwarten haben. Diese Änderungen sind aufgrund der WTO-Vereinbarungen zur weiteren Agrarmarkliberalisierung und den sich abzeichnenden Engpässen bei der GAP-Finanzierung nötig. Derzeit wird die Abschaffung der Milchkontingente in den meisten Mitgliedstaaten favorisiert, was eine geographische Verlagerung der Milchproduktion sowohl auf europäischer als auch auf nationaler Ebene mit sich bringen kann. Mit dem Abschaffen der Milchkontingente werden Anpassungshilfen (z.B. Restrukturierungsfonds) und Anschlussregelungen nötig sein, die in den nächsten Jahren geplant und wahrscheinlich umgesetzt werden.

Die österreichische Rinder- und Milchwirtschaft hat sich seit dem EU-Beitritt gut entwickelt. Vor allem die steigenden Exporte von Milchprodukten und Zuchttieren lassen ein optimistisches Bild für die anstehenden Herausforderungen der österreichischen Rinder- und Milchbauern erkennen. Darüber hinaus soll auf den Weltmärkten die Nachfrage von Milchprodukten stärker steigen als das Angebot, was einen Aufwärtstrend im internationalen Milchpreis bewirken soll. Analysen über Szenarien zur Milchmarktreform zeigen, dass mittelfristig mit Preissenkungen im Milchbereich gerechnet wird. Nach einer Phase der Umstrukturierung sollen sich die EU-Milchmarktpreise mit den internationalen Preisen leicht aufwärts entwickeln. Die österreichischen Erfahrungen nach dem EU-Beitritt zeigen, dass mit einer qualitativ hochwertigen Milchproduktion und einer attraktiven und vielfältigen Produktpalette Marktanteile gewonnen werden können. Jedoch setzt sich der Strukturwandel in der österreichischen Rinder- und Milchwirtschaft fort, das zu massiven individuellen und regionalen Veränderungen führen kann und wofür noch Antworten gefunden werden müssen.

## 5. Literatur

- Kirschke, D. und G. Weber, 2004: EU-Agrarpolitik: Entwicklung, Stand, Perspektiven. Working Paper der Wirtschafts- und Sozialwissenschaftlichen Fachgebiete der Landwirtschaftlich-Gärtnerischen Fakultät der Humboldt-Universität zu Berlin. S. 95.
- Statistik Austria, 2006: Entwicklung der land- und forstwirtschaftlichen Einkommen in Österreich und den Bundesländern im Jahr 2005. Vorläufige Ergebnisse der Landwirtschaftlichen und Forstwirtschaftlichen Gesamtrechnung. S. 120.



# Brauchen wir neue Merkmale und Selektionskriterien im Zuchtziel?

Christian Fürst

## 1. Einleitung

In Österreich und Deutschland werden derzeit für jeden Stier bei jeder Zuchtwertschätzung Zuchtwerte für ca. 40 verschiedene Merkmale geschätzt und veröffentlicht. Entsprechend ihrer wirtschaftlichen Bedeutung werden die Merkmale im Gesamtzuchtwert, der mathematischen Formulierung des Zuchtziels, zusammengefasst. Den Züchtern steht somit eine sehr breite Palette an Entscheidungskriterien zur Verfügung. In Abbildung 1 ist ein Auszug aus dem ZAR/ZuchtData-Zuchtwertschätzkatalog mit den wichtigsten Zuchtwerten (außer Exterieur) zu finden. Trotz dieses umfangreichen Angebots müssen die Merkmale kritisch hinterfragt und nach neuen Entwicklungen Ausschau gehalten werden. Dabei stehen sicherlich Kostenersparnis und Effizienzsteigerung und damit eine Verbesserung der Wirtschaftlichkeit der Rinderhaltung im Vordergrund. Bei der Diskussion der züchterischen Merkmale darf allerdings nicht nur die Maximierung der Wirtschaftlichkeit auf Einzelbetriebsebene das alleinige Entscheidungskriterium sein. Lebensmittelsicherheit, Produktionssystem, der ökologische Fußabdruck, Verhalten und Wohlbefinden müssen ebenfalls eine große Rolle spielen (Coffey et al., 2006). Die Wahl der Merkmale ist auch in einem internationalen Kontext zu sehen und die Anforderungen des Marktes sind zu berücksichtigen. Die in der Rinderzucht tätigen Personen haben aber auch eine ethische Verantwortung zu tragen. In Abbildung 2 sind die Bestimmungsfaktoren zur Zuchtzielfestsetzung nach Essl (1999) dargestellt.

In diesem Beitrag sollen ohne Anspruch auf Vollständigkeit einige ‚neue‘ Merkmale andiskutiert werden, die in der Zukunft eine Rolle in der österreichischen Rinderzucht spielen könnten. Einige Merkmale sind aber nur insofern ‚neu‘, dass sie bisher bei uns in der Rinderzucht keine Rolle gespielt haben, in anderen Ländern aber sehr wohl.

**Abbildung 1: Auszug aus dem ZAR/ZuchtData-ZWS-Katalog (Fleckvieh, Feb. 2007).**

Rg	Identitätsdaten		Teilzuchtwerte				Milch / Exterieur			Fleisch		Fitness				Absolutleistungen									
	Name	Nummer	GZW	MW	FW	FIT	Mkg	F%	E%	GKZ	ND	FRU pat / mat	Tö-int	Betr	Tö100	Mkg	F%	E%	F+E	HD					
	Vater / MV		Si	Si	Si	Si	Fkg	Ekg	NTZ	Pers	KVL pat / mat	in 1.L	PM1	Tö1						Anp					
	Geb.j.	Rasse	Diff	Diff	Diff	Diff	Ext-Tö		AUS	ZZ	TOT pat / mat	in 2.L	PM2	Tö2											
	Station	Verfügbarkeit					R-B-F-E-(ER)		HKL	DMG		in 3.L	PM3	Tö3											
1	WINNIPEG	DE 09 34492505	146	131	117	126	+1356	-0,26	-0,05	114	81	106	66	105	93	112	61	146	127	136	2376	3,92	3,25	170	6789
	WESPE / ROMEN		90	94	94	80		+36	+44	117	92	124	93	89	98	122	82	146	8	121	6514	3,95	3,44	481	93,2
	2000	FL	0	+1	0	0	78 Tö:		110	85	123	89	101	93	112	72		96	7	41	7075	3,96	3,58	534	
	8, 16, AV	N, N, E					114-118-102-105-(111)		111	91	104	92						12	2		0				
2	VANSTEIN	DE 09 34586859	145	132	114	120	+1179	+0,02	+0,03	114	79	120	64	107	98	100	68	207	173	196	2422	4,03	3,26	177	6829
	RANDY / MALF		92	96	93	81		+51	+44	122	94	115	95	109	99	114	85	207	8	170	6430	4,23	3,54	499	94,6
	2000	FL	+1	-1	-1	+1	96 Tö:		106	74	94	91	108	98	113	77		141	5	9	6987	4,22	3,60	546	
	6, 17	E, J					112-100-101-114-(104)		98	93	107	93						1	1		0				
3	WEINOLD	DE 09 33663105	144	135	116	114	+1103	+0,21	+0,09	115	96	110	70	109	99	98	71	178	168	170	2471	4,23	3,26	185	6703
	WEINOX / RENOLD		93	96	97	84		+62	+46	113	95	112	95	92	99	110	87	178	8	156	6403	4,39	3,55	508	88,9
	1999	FL, 7% RF	-2	-1	-1	0	113 Tö:		113	93	99	92	100	99	124	78		139	8	124	7164	4,44	3,65	579	
	6, 3, A3	E, J, J					106-85-113-116-(100)		111	94	119	93						113	6	27	8209	4,25	3,55	640	

Abbildung 2: Bestimmungsfaktoren zur Zuchtzielfestsetzung (Essl, 1999).



## 2. Milch

Im Bereich der Milchleistungsmerkmale ist die routinemäßige Erfassung der Milchmenge und des Fett- und Eiweißgehaltes nicht nur in Österreich sondern beinahe weltweit seit vielen Jahren Standard. Trotzdem lassen sich in diesem Bereich neue Merkmale bzw. Merkmalsdefinitionen ableiten. Mit der Einführung der Random-Regression-Testtagsmodell-ZWS im Jahr 2002 wurden die bereits vorhandenen Daten durch neue statistische Ansätze ausgewertet, wodurch auch neue Merkmale bzw. Kriterien entstanden sind. So ist es jetzt besser möglich den Zuchtwertverlauf für Milch-, Fett- und Eiweißmenge innerhalb und über Laktationen zu analysieren. Der daraus abgeleitete **Persistenz-Zuchtwert** stellt ein neu definiertes züchterisches Kriterium dar. Der Persistenz-Zuchtwert liefert Informationen über die Verteilung der Milchmenge im Lauf der Laktation und gibt damit einen Hinweis, ob es extreme Leistungsspitzen am Beginn der Laktation gibt. Diese Leistungsspitzen führen häufig zu einer energetischen Unterversorgung, die wiederum zu Stoffwechsel- und Fruchtbarkeitsproblemen führen können. Der genetische Zusammenhang der Persistenz zur Nutzungsdauer ist allerdings relativ gering.

Aus den Ergebnissen der Testtagsmodell-ZWS lässt sich auch die **Leistungssteigerung** über die Laktationen, also z.B. von der 1. zur 3. Laktation ablesen. Rosenberger et al. (2004) haben zu Testzwecken verschiedene Relativzahlen für die Leistungssteigerung als Verhältnis der Zuchtwerte der 2. bzw. 3. zur 1. Laktation berechnet. Dabei zeigte sich, dass es beim Fleckvieh in den letzten Jahren zu keiner negativen genetischen Entwicklung hinsichtlich der Leistungssteigerung gekommen ist. In dieser Untersuchung wurden relativ hohe Zuchtwert-Korrelationen zur Persistenz gefunden (+0,58). D.h., dass Kühe mit einer flacheren Laktationskurve eine höhere Steigerung über die Laktationen aufweisen. Zur Nutzungsdauer bzw. zur Verbleiberate der Kühe auf dem Betrieb wurde aber nur eine sehr niedrige Korrelation errechnet (+0,06). Rosenberger et al. (2004) schließen, dass dem Zuchtwert Leistungssteigerung derzeit weder ein direkter, noch ein indirekter wirtschaftlicher Nutzen zugeordnet werden kann

und somit nicht als zusätzliches Selektionskriterium bei der Teststierauswahl geeignet ist. Die Autoren weisen aber auch darauf hin, dass der Zuchtwert Leistungssteigerung als Zusatzinformation bei der Auswahl geprüfter Stiere dienen kann, weil eine hohe Leistungssteigerung durch hohe Leistungen der Töchter in späteren Laktationen zu einem steigenden Milchwert und damit verbunden zu einem hohen Gesamtzuchtwert führt.

Das **Verhältnis zwischen dem Fett- und Eiweißgehalt** lässt sich ebenfalls ohne zusätzliche Erfassungskosten ermitteln und kann als Hilfsmerkmal für die Energiebilanz einer Kuh und damit auf die Ausgewogenheit der Futtermittelration verwendet werden. Das bedeutet, dass das Fett-Eiweiß-Verhältnis auch einen Hinweis auf das Management eines Betriebes geben kann. Die möglichst genaue Einschätzung des Managements der Betriebe ist eine wesentliche Aufgabe in der ZWS um Genetik und Umwelt trennen zu können. Da die Energiebilanz einen sehr wesentlichen Einfluss auf die Fruchtbarkeit der Kuh hat, bietet sich das Fett-Eiweiß-Verhältnis als Hilfsmerkmal für die Fruchtbarkeits-ZWS an. Dies kann als Korrektoreffekt in der ZWS gemacht werden oder noch besser mithilfe einer multivariaten ZWS, bei der die genetischen Beziehungen berücksichtigt werden können. Erste Analysen von Gredler et al. (2006) zeigen, dass die Heritabilität für das Fett-Eiweiß-Verhältnis im Bereich der Milchmenge liegt. Die Korrelation zur Rastzeit war in dieser Untersuchung allerdings nicht signifikant.

Seit einigen Jahren werden bei der routinemäßigen Milchkontrolle auch der **Laktosegehalt** und der **Harnstoff** in der Milch erhoben. Auch diese Werte liefern einen Hinweis auf die Energiebilanz der Kuh und das Fütterungsmanagement eines Betriebes. Im Rahmen eines Forschungsprojektes zur Verbesserung der Fruchtbarkeits-ZWS (Universität für Bodenkultur Wien und ZAR/ZuchtData) werden auch diese Merkmale als Hilfsinformationen für die Fruchtbarkeit untersucht. Gredler et al. (2006a,b) schätzten eine Heritabilität von 23% für den Harnstoff. Untersuchungen zu den genetischen Beziehungen zu verschiedenen Fruchtbarkeitsmerkmalen laufen noch. Bei Vorliegen dieser Ergebnisse kann über die mögliche Verwendung in der Routine-Fruchtbarkeits-ZWS entschieden werden.

Ein neues Selektionskriterium könnte der **Kappa-Kasein-Gehalt** in der Milch darstellen. Die Kappa-Kasein-Variante B wirkt sich in einer besseren Käseausbeute aus. In einer Untersuchung in Österreich (Ortner, 1994) wurden große Rassenunterschiede festgestellt. Das Braunvieh hat einen Anteil von 59,3% der hinsichtlich der Käseereigenschaften günstigen Variante B, das Fleckvieh liegt bei 28,8%. Einige Stiere wurden bisher bereits diesbezüglich genotypisiert. Eine konsequente Selektion auf die Kappa-Kasein Variante B wird allerdings nur dann erfolgreich sein, wenn damit auch ein (Milch-)Preisvorteil gegeben ist. Das scheint allerdings zum jetzigen Zeitpunkt wenig realistisch zu sein.

### 3. Fleisch

Im Bereich der Fleischleistungsmerkmale werden derzeit Schlachtleistungsdaten, Versteigerungsdaten und Daten von Eigenleistungsprüfstationen jeweils ausschließlich von Stieren (beim Grauvieh auch Ochsen) züchterisch verwendet. Aufgrund der Datenmenge und auch der Merkmale sind die Daten von den Schlachthöfen mit Abstand am wichtigsten. In diesem Bereich ist es wichtig, dass möglichst alle Schlachtdaten für die Zuchtwertschätzung zur Verfügung gestellt werden. Auch Daten von Landeszuchtbetrieben können in die ZWS einfließen, wenn die Abstammung bekannt ist. Die Mutter ist durch die Verwendung der Daten aus der Tierkennzeichnung kein Problem, der Vater fehlt allerdings sehr oft. Wenn allerdings alle Besamungen in den Rinderdatenverbund (RDV) gemeldet werden, kann der Vater in sehr vielen Fällen eruiert werden.

Neben den Daten von Stieren ist auch die Verwendung der Daten von Kälbern, Kalbinnen oder auch Kühen zu prüfen. Vor allem die Verwendung der **Schlachtergebnisse von Kälbern** scheint sinnvoll, da diese (von Rasse zu Rasse bzw. von Gebiet zu Gebiet unterschiedlich) auch eine entsprechende wirtschaftliche Bedeutung haben. Im Rahmen einer Diplomarbeit an der Universität für Bodenkultur Wien (Mathias Kinberger) werden derzeit die Schlachtdaten von Pinzgauer- und Grauviehkälbern analysiert. Die dabei festgestellte Datenmenge und –qualität und die daraus ermittelten Heritabilitäten lassen eine züchterisch sinnvolle Nutzung erwarten (Kinberger, 2007). Weitere Analysen vor allem mit Fleckviehkälbern sollten folgen. Daten von Mastkalbinnen, Ochsen oder Kühen sind vermutlich aufgrund der sehr heterogenen Datenstruktur eher schwieriger züchterisch nutzbar.

Mithilfe von **Videobildanalysen** lässt sich das Zerlegeergebnis von Rinderhälften schätzen. Dieses Verfahren wäre zur Schätzung des wahren Fleischanteils gut geeignet (Thaller und Götz, 2005). Auch **Ultraschallmessungen** können in diese Richtung eingesetzt werden. Vor einem Einsatz in der Praxis ist aber eine Kosten-Nutzen-Rechnung durchzuführen.

Ein sehr wichtiger Bereich bei den Fleischmerkmalen ist die **Fleischqualität**. Diesbezüglich liegen allerdings de facto keine züchterisch brauchbaren Daten vor. Einzelne Untersuchungen an Stationsdaten (Frickh, 2001) kamen zu züchterisch interessanten Heritabilitäten für einzelne Fleischqualitätsmerkmale (z.B. Marmorierung 17%, Kochverlust 40%). Da aber die Fleischqualität in der Regel nicht bezahlt wird, ist das Interesse an einer umfangreichen Datenerfassung, die Voraussetzung für eine züchterische Nutzung wäre, eher begrenzt. Eine entsprechende Datenmenge wäre nur durch eine Erhebung auf den Schlachthöfen möglich, was aber derzeit aufgrund des hohen Aufwandes nicht gemacht und auch in naher Zukunft nicht realistisch ist. Insbesondere bei spezialisierten Fleischrassen sollte die züchterische Verbesserung der Fleischqualität allerdings doch zu einem Thema werden.

## 4. Fitness

Auf dem Gebiet der Fitnessmerkmale wurden in den letzten Jahren und Jahrzehnten sehr viele Anstrengungen unternommen, um neue Merkmale in der Rinderzucht berücksichtigen zu können und die Qualität der geschätzten Zuchtwerte zu verbessern. In diesem Bereich gibt es nach wie vor sehr viele Bemühungen von wissenschaftlicher und praktischer Seite.

### 4.1 Nutzungsdauer

Die Nutzungsdauer ist neben der Milchleistung das wirtschaftlich wichtigste Kriterium in der Milchviehhaltung. Weitere Verbesserungen sind durch eine Weiterentwicklung der ZWS-Modelle (Lebensdaueranalyse) zu erwarten. Derzeit werden bei allen Rassen außer Holstein nur Exterieurmerkmale als **Hilfsmerkmale** für die Nutzungsdauer in der ZWS verwendet (Fuerst und Egger-Danner, 2002a; Fürst, 2005). Um die Sicherheit des Nutzungsdauer-Zuchtwertes vor allem bei jungen Stieren zu verbessern, ist die Verwendung weiterer Hilfsmerkmale sinnvoll. Diesbezüglich bieten sich die Zellzahl und die maternalen Kalbeverlaufs- und Fruchtbarkeitszuchtwerte an. Ähnlich wird es bereits in der Holstein-ZWS gemacht ([www.vit.de](http://www.vit.de)). Naturbedingt wird die Sicherheit für die Nutzungsdauer aber bei den Stieren zum Zeitpunkt der ersten offiziellen Milchzuchtwerte auch weiterhin relativ niedrig bleiben.

Im Bereich der Nutzungsdauer wird auch das Merkmal der **Lebensleistung** vor allem von Praktikern immer wieder diskutiert. Die Lebensleistung stellt einen ‚natürlichen Index‘ dar, hat allerdings ebenfalls das Problem der Berücksichtigung noch lebender Tiere. Ein wirtschaftlich

interessantes Kriterium ist auch das Merkmal **Milchmenge pro Lebenstag**, das bisher wissenschaftlich allerdings kaum bearbeitet wurde.

Ein Aspekt, der bisher im Bereich der Nutzungsdauer weltweit kaum Beachtung findet, ist der Bereich der **Aufzuchtverluste** bzw. Krankheitsfälle von Jungtieren. Diesbezüglich liegen bisher kaum verwendbare Daten vor. Einzig über die Daten aus der Tierkennzeichnung lässt sich die Abgangsrate von Jungtieren ermitteln. Zur Bearbeitung dieses neuen Bereichs wurde ein Forschungsprojekt an der Universität für Bodenkultur in Zusammenarbeit mit einem dänischen Forschungsinstitut begonnen (Dr. Birgit Fürst-Waltl).

## 4.2 Fruchtbarkeit

Im bereits unter Punkt 2 genannten Forschungsprojekt zur Verbesserung der ZWS Fruchtbarkeit werden eine Reihe von Merkmalen untersucht, die ohne zusätzlichen Erhebungsaufwand zur Verfügung stehen. Derzeit wird in Österreich und Deutschland ausschließlich die Non-Return-Rate 90 in der Fruchtbarkeits-ZWS verwendet (Fuerst und Egger-Danner, 2002b). Untersucht wird eine neue, international übliche Definition der Non-Return-Rate als NRR56 statt NRR90, d.h. ob es innerhalb von 56 (statt 90) Tagen nach der ersten Besamung zu einer weiteren Besamung gekommen ist oder nicht. Als weitere Merkmale werden die **Zwischenkalbezeit**, die **Rastzeit** (Abkalbung bis 1. Besamung) und die **Serviceperiode** (Abkalbung bis erfolgreiche Besamung) untersucht. Durch die Verwendung mehrerer Merkmale bzw. **Hilfsmerkmale** (Fett:Eiweiß, Laktose, Harnstoff, siehe Punkt 2) und die Optimierung der ZWS-Modelle soll die Sicherheit der geschätzten Zuchtwerte, die durch die sehr niedrigen Heritabilitäten problematisch ist, merklich verbessert werden. Untersucht wurde auch die Verwendung der Körperkondition (BCS) als Hilfsmerkmal (Gredler et al. 2006a,b, Gredler und Fürst, 2006). Die Heritabilität ist mit 34% sehr hoch, die Korrelationen zu den Fruchtbarkeitsmerkmalen sind allerdings uneinheitlich und die Erfassung aufwendig. Eine praktische Umsetzung der Ergebnisse aus dem Forschungsprojekt in der Routine-ZWS ist für 2008 vorgesehen.

Ein interessanter Teilbereich der Fruchtbarkeit ist die Analyse von **Aborten**. Leider liegen Informationen dazu nur sehr begrenzt vor. Eine Analyse atypischer Besamungsabstände könnte einen Hinweis geben, ob es z.B. hinsichtlich von frühzeitigen Aborten bereits nach einigen Tagen oder Wochen genetische Unterschiede gibt. Dies könnte auch auf eventuelle Erbfehler hinweisen, die zum Verwerfen führen können.

## 4.3 Kalbeverlauf

Bei der Kalbeverlaufs-ZWS wird durch die multivariate Schätzung von Kalbeverlauf und Totgeburtenrate, paternal und maternal bzw. 1. und weiterer Abkalbungen ein grundsätzlich sehr fortschrittliches Modell verwendet (Fuerst und Egger-Danner, 2003). Vor allem durch die unterstellten genetischen Beziehungen zwischen dem paternalen und maternalen Kalbeverlauf bzw. auch zwischen Kalbeverlauf und Totgeburtenrate kommt es in einigen Fällen zu schwer erklärbar Ergebnissen und damit bei Praktikern immer wieder zu Akzeptanzproblemen. Eine neue Analyse der genetischen Beziehungen ist daher notwendig. Auch der Verzicht einer theoretisch optimalen ZWS zugunsten einer höheren Akzeptanz bei den Entscheidungsträgern ist zu diskutieren.

Eine weitere Möglichkeit zur Verbesserung der Kalbeverlaufs-Zuchtwerte ist die Verwendung von Hilfsmerkmalen. Das **Geburtsgewicht** wäre diesbezüglich eine wichtige Informationsquelle wird aber in Milchviehbetrieben nicht routinemäßig erhoben. Eine genaue Erfassung mittels Waage ist in der Regel nicht möglich, sodass nur eine Schätzung des Bauern möglich wäre. Eine einfache Erhebung des Geburtsgewichts gemeinsam mit dem Geburtsverlauf wäre eine

Möglichkeit und sollte weiter diskutiert werden. Die Erfassung des Geburtsgewichts ist in Fleischrinderbetrieben bereits Standard.

Ein Hilfsmerkmal, das ohne zusätzlichen Erfassungsaufwand verwendbar wäre, ist die **Trächtigkeitsdauer**. Es besteht eine sehr deutliche Variation in der Trächtigkeitsdauer in Abhängigkeit vom Vater des Kalbes bzw. der Kuh. In einer einfachen Analyse beim Fleckvieh zeigte sich, dass zwischen dem Stier mit der längsten und dem Stier mit der kürzesten Trächtigkeitsdauer immerhin mehr als 10 Tage liegen. Durch den Zusammenhang mit der Kälbergröße bzw. dem Gewicht wirkt sich eine längere Trächtigkeitsdauer auch auf die Schweregeburtenrate und somit auf die paternalen Kalbeverlaufs- und Totgeburtenzuchtwerte aus. Bei Stieren mit einer (paternalen) Trächtigkeitsdauer über 293 liegt die Schweregeburtenrate im Schnitt um 2% höher als bei einem Wert unter 287. Aus den einfachen Auswertungen lässt sich ein deutlicher genetischer Hintergrund vor allem für die paternale Trächtigkeitsdauer ableiten. Literaturangaben z.B. aus der Schweiz (Casanova et al., 1995) zeigen, dass die Heritabilität für die paternale Trächtigkeitsdauer (Vater des Kalbes) sogar im Bereich von ca. 40% liegt. Die Heritabilität der maternalen Trächtigkeitsdauer (Kuh) liegt bei ca. 10%. Durch die relativ hohen Heritabilitäten und den genetischen Zusammenhang zum Kalbeverlauf (ca. 0,40) wird die Trächtigkeitsdauer in einzelnen Ländern (z.B. Schweiz) als Hilfsmerkmal in der Kalbeverlauf-ZWS verwendet. Bei einer Weiterentwicklung unserer ZWS wird das sicherlich auch eine Überlegung sein. Allerdings setzt das neben einer genauen Erhebung der Kalbeverläufe auch eine vollständige Erfassung aller Besamungen voraus!

#### 4.4 Zellzahl

In automatisierten Melksystemen wird in der Regel auch die **Leitfähigkeit** der Milch gemessen, um Hinweise auf einen etwaigen erhöhten Zellzahlgehalt in der Milch und damit auf eine Mastitiserkrankung zu bekommen. Da diese Daten elektronisch vorliegen, könnten diese Messwerte ohne großen Aufwand in zentrale Datenbanken übermittelt werden. Diese Daten würden eine wertvolle Ergänzung zu den vorhandenen Zellzahlergebnissen aus der Milchleistungskontrolle und den Mastitisfällen im Rahmen der Erhebung der Gesundheitsdaten darstellen.

#### 4.5 Melkbarkeit

In Österreich wird die Melkbarkeit überwiegend als durchschnittliches Minutengemelk im Rahmen der Milchleistungskontrolle bei der 1. (oder 2.) Kontrolle in der 1. Laktation ermittelt und in der ZWS verwendet. Bereits seit einigen Jahren wird beim Braunvieh in Vorarlberg (und testweise in Tirol) die Melkbarkeit durch die Landwirte auf einer Skala von 1 (sehr langsam) bis 6 (sehr schnell) bewertet. Diese Form der Melkbarkeitsprüfung wird im Rahmen der Nachzuchtbewertung durchgeführt. Für dieses Merkmal aus der **Besitzerbefragung** wurden eine Heritabilität von 20% und eine genetische Korrelation zum durchschnittlichen Minutengemelk von 0,80 ermittelt (Dodenhoff und Fürst, 2006). Die Melkbarkeitsprüfung durch eine Befragung der Besitzer ist eine Alternative zur Stoppuhr-Methode. Sie ist allerdings weniger genau, was in der niedrigeren Heritabilität und damit auch in der niedrigeren Sicherheit der geschätzten Zuchtwerte zum Ausdruck kommt.

Zur besseren Bewertung des Milchflusses stehen teilweise Messdaten aus elektronischen Geräten, die die genaue **Milchflusskurve** aufzeichnen zur Verfügung. In Bayern wird der sogenannte LactoCorder teilweise in der Routine-Milchleistungskontrolle verwendet, in Österreich nur vereinzelt für Stiermütter oder Betriebsberatungen. Aus den aufgezeichneten Daten lassen sich zahlreiche Parameter ableiten, die züchterisch genutzt werden können. So



lassen sich auch Kennzahlen ermitteln, die einen Zusammenhang zur Zellzahl aufweisen (Dodenhoff et al., 1999). Der breite Einsatz dieser elektronischen Milchmessgeräte, der aber Voraussetzung für eine nennenswerte züchterische Nutzung darstellt, ist in Österreich allerdings eine Kostenfrage und kurzfristig unrealistisch.

## 4.6 Gesundheit

Die direkte Erfassung von Krankheitsdaten ist z.B. in Skandinavien bereits seit vielen Jahren Routine. In Österreich wurde 2006 mit der mehr oder weniger flächendeckenden Erfassung von Diagnosen bei Kühen und Jungtieren begonnen. Das Projekt ‚Gesundheitsmonitoring Rind‘ ist gut angelaufen und stellt ein schwieriges aber zukunftsweisendes Projekt dar. Da die Gesundheitsmerkmale relativ niedrige Heritabilitäten aufweisen, ist allerdings eine möglichst vollständige Teilnahme und genaue Datenerfassung notwendig. Mit den erfassten Diagnosen lassen sich Stier-Zuchtwerte ermitteln, die ein sehr wesentliches züchterisches Kriterium darstellen werden. Insbesondere in den Bereichen Mastitis, Stoffwechselstabilität und Fruchtbarkeit sind wichtige Erkenntnisse zu erwarten. Daten aus der Klauenpflege sollen im Rahmen des Gesundheitsmonitoring-Projektes ebenfalls erfasst und ausgewertet werden. Eine genaue Beschreibung des Projektes findet sich bei Egger-Danner et al. (2007).

## 5. Exterieur

Als besonders kreativ im Hinblick auf neue Merkmale erweist sich der Exterieurbereich in der Milchrinderzucht (Thaller und Götz, 2005). Beim Fleckvieh wird neuerdings die **Körperkondition** (BCS) im Rahmen der Nachzuchtbewertung erhoben, um ein Hilfsmerkmal für die Fruchtbarkeit bzw. einen Hinweis auf das Management des Betriebes zu bekommen. Inwieweit diese einmalige Erfassung des BCS pro Kuh züchterisch nutzbar ist, bleibt abzuwarten. Die Erhebung der Bewegung (Locomotion) wurde testweise durchgeführt, aber aufgrund von Erhebungsschwierigkeiten und mangelnder Akzeptanz wieder abgebrochen.

Grundsätzlich sollten die Exterieurmerkmale hinsichtlich der Funktionalität der Kuh ausgewählt werden, reine Schönheitsmerkmale sollten keinen Platz haben. Bei der Analyse des Zusammenhangs zur funktionalen Nutzungsdauer zeigt sich, dass der Euterboden bzw. die Euterhöhe in der Regel das wichtigste Merkmal darstellt (Fürst, 2005). Vor allem Rahmenmerkmale zeigen meist keine züchterisch relevanten Beziehungen zu Produktions- oder Fitness-Merkmalen und sollten deshalb den entsprechend niedrigen Stellenwert in der Rinderzucht haben.

## 6. Sonstiges

### 6.1 Temperament

Zu temperamentvolle, nervöse oder gar aggressive Tiere stellen eine ständige Gefahrenquelle bei der täglichen Stallarbeit dar. Ruhige, umgängliche Kühe mit angenehmem Melkverhalten sind ein wesentliches Kriterium für die Zufriedenheit des Bauern mit seiner Herde. Das Verhalten der Tiere hängt zwar wesentlich vom Umgang des Bauern mit den Tieren ab, aber es besteht auch eine genetische Komponente. Bisher wurden österreichweit mit Ausnahme der Nachzuchtbeschreibung bei Fleckvieh und Pinzgauern, wo ‚sehr nervös‘ als Besonderheit angegeben wird, keine Daten über das Temperament der Tiere gesammelt. Entsprechende

Datenquantität- und -qualität stellen aber eine Grundvoraussetzung für eine züchterische Bearbeitung dar. Der Landeskontrollverband Niederösterreich hat daher in den letzten Jahren das Temperament und das Melkverhalten im Rahmen der Milchleistungskontrolle testweise erhoben. Für das allgemeine Temperament wurde eine Heritabilität von 7% und für das Melkverhalten von 5% geschätzt (Fuerst, 2006). Zwischen dem allgemeinen Temperament und dem Melkverhalten besteht ein enger Zusammenhang, der in einer genetischen Korrelation von +0,85 zum Ausdruck kommt. Interessanterweise kann eine leicht positive Tendenz der Temperamentszuchtwerte zu den Zuchtwerten für Nutzungsdauer und Persistenz festgestellt werden. Ruhigere Tiere mit angenehmerem Melkverhalten haben offenbar eine etwas flachere Laktationskurve und leben länger.

Bis jetzt ist noch keine Entscheidung darüber gefallen, ob das Temperament bzw. das Melkverhalten flächendeckend erfasst werden sollen, um Zuchtwerte dafür schätzen zu können.

## 6.2 Umwelt-Methan

Der Klimawandel ist ein sehr aktuelles Thema und dabei spielt auch das Methan eine entsprechende Rolle. Da als Nebenprodukt bei der Verdauung der Wiederkäuer auch Methan anfällt, gilt auch die Landwirtschaft und im speziellen die Rinderhaltung als Mitverursacher des Klimawandels. Der Methan-Anteil an den weltweiten Gesamtemissionen wird vom World Resources Institute mit 14% beziffert, wovon ein Drittel aus der Viehzucht und Düngewirtschaft stammt (Lubbadeh, 2006). Laut deutschem Umweltbundesamt haben die Rinder nur 1,82% zu den Gesamtemissionen Deutschlands im Jahr 2004 beigetragen (Lubbadeh, 2006). Laut Fördergemeinschaft nachhaltige Landwirtschaft (FNL, [www.fnl.de/methan.html](http://www.fnl.de/methan.html)) ist die tägliche Methan-Emission je Rind abhängig von der Nutzungsart: Milchkühe produzieren mehr (200-400 g) Methan als Mastrinder (80-220 g). Zum Vergleich: Ein Elefant erzeugt etwa 2.400 g Methan pro Tag. Die Freisetzung beim Rind resultiert zu ca. 70 % aus dem Erhaltungsumsatz. Mit steigender Leistung - z.B. Milch oder Fleischzuwachs - sinkt jedoch bei gleicher Körpermasse der Anteil der Methanbildung pro kg erzeugtem Produkt. So ergibt sich für Milch rechnerisch folgende Beispiel-Bilanz: Bei einer täglichen Milchleistung von 10 l werden je kg Milch bis zu 40 g Methan (Erhaltungsumsatz eingerechnet) gebildet. Die gleiche Kuh setzt jedoch bei einer Tagesleistung von 30 l Milch weniger als 15 g Methan je Liter frei. Die Produktivitätssteigerung in der Milchviehhaltung führt damit zu einer Verbesserung der Methanbilanz ([www.fnl.de/methan.html](http://www.fnl.de/methan.html)).

Das bedeutet, dass eine Effizienzsteigerung bzw. Verbesserung der Futtermittelverwertung auch zu einer Verringerung des Methanausstoßes führt. Inwieweit sich in Zukunft neue züchterische Kriterien im Umweltbereich ergeben bleibt abzuwarten.

## 7. Geninformationen

### 7.1 Molekulare Zuchtwertschätzung

In der modernen Tierzucht sind geschätzte Zuchtwerte für wirtschaftlich bedeutende Merkmale die wichtigsten Hilfsmittel zur Selektion. In der Zuchtwertschätzung werden Abstammungsinformationen und Leistungsdaten kombiniert und die genetische Veranlagung eines Tieres mit Hilfe statistischer Verfahren eingeschätzt. Die dabei verwendeten Methoden beruhen auf zum Teil stark vereinfachten Annahmen, haben aber den Vorteil der relativen statistischen und damit auch rechentechnischen Einfachheit. Die Modellierung vor allem der

Vererbung wird in Zukunft sicherlich weiter verfeinert werden, es wird allerdings immer eine mehr oder weniger starke Vereinfachung der Wirklichkeit bleiben. Dass bisherige Modelle offenbar bereits relativ nahe an die Realität kommen, beweisen die in vielen Merkmalen weltweit sehr guten Zuchtfortschritte.

Neuere Entwicklungen, mit denen einzelne Gene bzw. Chromosomenabschnitte identifiziert werden können, legen den Schluss nahe, diese Informationen in der Zuchtwertschätzung zu berücksichtigen. Einige bisherige Untersuchungen zeigen das theoretische Potential, allerdings ist der Erfolg in der Praxis noch abzuwarten (Fürst, 2001). Erfolgversprechende neue Ansätze sind bei Sölkner (2007) zu finden.

Mit dem verstärkten Einsatz der Molekulargenetik wird sich die Rinderzucht allerdings stärker vom Bauern zu den (Besamungs-)Organisationen und Firmen verschieben, sodass durchaus Anlass zu Skepsis besteht.

## 7.2 Erbfehlertest

Molekulargenetische Verfahren zur Erkennung von Erbfehlern stellen eine sehr wichtige Anwendung der Molekulargenetik dar. Erbfehler treten in allen Populationen auf und können sich durch den meist homozygot rezessiven Erbgang stark ausbreiten. Eine rechtzeitige Erkennung und Kennzeichnung der Trägartiere kann wesentlich zur Verringerung des Erbfehlerproblems beitragen. Eine Beschreibung des Prinzips der Kartierung von Erbfehlern am Beispiel der Spinnengliedrigkeit ist im Beitrag von Götz und Buitkamp (2007) nachzulesen.

## 8. Schlussbetrachtungen

Bei der Suche nach neuen Merkmalen und Selektionskriterien müssen neben ökonomischen Gesichtspunkten auch Aspekte wie Gesundheit, Wohlbefinden oder Umweltkosten berücksichtigt werden. In den österreichischen Zuchtzielen wird der Fitnessbereich jeweils mit ca. 50% im Gesamtzuchtwert, d.h. im Zuchtziel gewichtet. Trotz dieser hohen Gewichtung von Fitness und Funktionalität wird der mit Abstand größte Selektionserfolg in der Milchleistung erreicht. Daher wird es in Zukunft vor allem wichtig sein, in diesem Bereich alle züchterischen Schritte zu optimieren. Dazu zählen Datenqualität und -quantität, optimale ZWS-Modelle und auch etwaige neue Merkmale. Hier sind besonders die Gesundheitsmerkmale hervorzuheben, von deren Erfassung und Analyse züchterisch viel zu erwarten ist. Manche interessante Merkmale sind sehr aufwendig und problematisch zu erfassen (z.B. Futtermittelverwertung) und auch die effiziente Umsetzung molekulargenetischer Erkenntnisse werden teilweise auch zu alternativen Zuchtprogrammen führen müssen (Swalve, 2007).

## 9. Literatur

- Casanova L., Y. Schleppei und F. Schmitz, 1995. Geburtseigenschaften beim Braunvieh und Fleckvieh. *Agrarforschung* 2: 539-542.
- Coffey, M.P., E. Wall, R. Mrode und S. Brotherstone, 2006. Breeding for novel traits in dairy cattle. 8<sup>th</sup> World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Belo Horizonte, Brasilien.
- Dodenhoff, J. und C. Fürst, 2006. Schnellmelker im Westen. *Rinderzucht Brauvieh* 4/2006: 58.
- Dodenhoff, J., D. Sprengel, J. Duda und L. Dempfle, 1999. Zucht auf Eutergesundheit mit Hilfe des LaktoCorders. *Züchtungskunde* 71: 459-472.

- Egger-Danner, C., B. Fürst-Waltl, W. Holzhaecker, R. Janacek, J. Lederer, C. Litzllachner, C. Mader, M. Mayerhofer, J. Miesenberger, W. Obritzhauser, G. Schoder, A. Wagner und P. Winter, 2007. Gesundheitsmonitoring Rind – Erste Ergebnisse. Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, Salzburg.
- Essl, A., 1999. Grundsatzfragen zum Zuchtziel beim Rind. Seminar des genetischen Ausschusses der ZAR, Salzburg.
- Frickh, J., 2001. Untersuchungen zur Erarbeitung von Selektionskriterien für die Fleischleistung beim Rind, mit besonderer Berücksichtigung der Fleischqualität. Abschlussbericht, Landw. Bundesversuchswirtschaften GmbH, Wieselburg.
- Fuerst, C. und C. Egger-Danner, 2002a. Joint genetic evaluation for functional longevity in Austria and Germany. 7<sup>th</sup> World Congr. Genet. Appl. Livest. Sci., Montpellier, Frankreich.
- Fuerst, C. und C. Egger-Danner, 2002b. Joint genetic evaluation for fertility in Austria and Germany. Interbull Bulletin 29: 73-76.
- Fuerst, C. und C. Egger-Danner, 2003. Multivariate genetic evaluation for calving ease and stillbirth in Austria and Germany. Interbull Bulletin 31: 47-51.
- Fuerst, C., 2006. Genetic analysis of temperament in dairy cattle. 8<sup>th</sup> World Congr. on Genet. Appl. to Livest. Prod., Belo Horizonte, Brasilien.
- Fürst, C., 2001. Einbeziehung von Einzelgeninformationen in die Zuchtwertschätzung. Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, Salzburg.
- Fürst, C., 2005. Das Exterieur in der Zuchtwertschätzung. Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, Salzburg.
- Götz, K.-U. und J. Buitkamp, 2007. Kartierung von Erbfehlern am Beispiel der Spinnengliedrigkeit. Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, Salzburg.
- Gredler, B. und C. Fürst, 2006. Body Condition Score (BCS) und Fruchtbarkeit. Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, Salzburg.
- Gredler, B., C. Fuerst und J. Sölkner, 2006a. Development of genetic evaluations for fertility traits in Austrian and German dairy cattle. Interbull Bulletin 34: 38-41.
- Gredler, B., C. Fuerst und J. Sölkner, 2006b. Genetic relationship between body condition score, days to first service and production traits in Austrian Simmental cattle. 8<sup>th</sup> World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Belo Horizonte, Brasilien.
- Lubbadeh, J., 2006. Die Mär vom Klimakiller Kuh. [www.stern.de/wissenschaft/natur/](http://www.stern.de/wissenschaft/natur/) (Artikel vom 19.12.2006).
- Ortner, M., 1994. Untersuchungen über die züchterische und käseereitechnologische Bedeutung verschiedener genetischer Varianten von Milchproteinen beim Rind. Dissertation, Universität für Bodenkultur Wien.
- Rosenberger, E., K.-U. Götz, J. Dodenhoff, D. Krogmeier, R. Emmerling, B. Luntz, H. Anzenberger, 2004. Überprüfung der Zuchtstrategie beim Fleckvieh. Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft Grub, Polykopia.
- Sölkner, J., 2007. Möglichkeiten der molekularen Rinderzucht. Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, Salzburg.
- Swalve, H.H., 2007. Brauchen wir alternative Zuchtprogramme? Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR, Salzburg.
- Thaller, G. und K.-U. Götz, 2005. Notwendigkeit und Anforderungen an die Leistungsprüfungen bei landwirtschaftlichen Nutztieren. Züchtungskunde 77: 472-477.

# Gesundheitsmonitoring Rind – Erste Ergebnisse

C. Egger-Danner<sup>1</sup>, B. Fürst-Waltl<sup>2</sup>, W. Holzhaecker<sup>3</sup>, R. Janacek<sup>4</sup>, J. Lederer<sup>5</sup>,  
C. Litzllachner<sup>7</sup>, C. Mader<sup>4</sup>, M. Mayerhofer<sup>1</sup>, J. Miesenberger<sup>6</sup>, W. Obritzhauser<sup>3</sup>,  
G. Schoder<sup>4</sup>, A. Wagner<sup>1</sup>, P. Winter<sup>8</sup>

1 ZAR, ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH

2 Universität für Bodenkultur, Wien

3 Österreichische Tierärztekammer

4 ARGE Wiederkäufer der Österreichischen Tiergesundheitsdienste, Tiergesundheitsdienste

5 Landwirtschaftskammer Salzburg (Vertreter Leistungsprüfung)

6 Fleckviehzuchtverband Inn- und Hausruckviertel und Oberösterreichische Besamungsstationen GmbH (Vertreter Zuchtorganisationen)

7 Landwirtschaftskammer Österreich

8 Veterinärmedizinische Universität, Wien



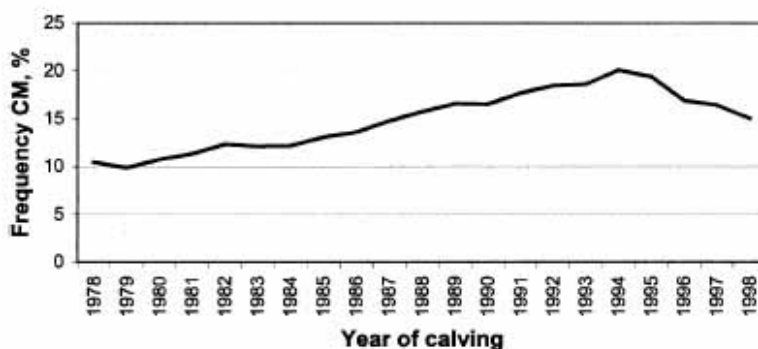
Zunehmende Bestandesgrößen, vermehrte Fitnessprobleme und Druck auf die Erzeugerpreise verlangen nach leistungsstarken, aber auch problemlosen und gesunden Rindern. Die Verbesserung der Tiergesundheit wird sowohl für die Wirtschaftlichkeit der Rinderhaltung als auch für die Lebensmittelsicherheit immer wichtiger. In Zusammenarbeit von Rinderzucht, Leistungsprüfung, Veterinärmedizin, Wissenschaft, Interessensvertretung und der Unterstützung durch die Ministerien sollen Gesundheitsdaten erfasst, eine Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale entwickelt und Gesundheitsberichte für das Herdenmanagement und die Bestandesbetreuung bereitgestellt werden. Das Projekt steht allen Betrieben unter Leistungsprüfung offen.

## 1. Hintergrund

### 1.1 In Skandinavien erfolgreich

In den skandinavischen Ländern ist die Erfassung von Tiergesundheitsdaten und deren Berücksichtigung in der Zucht und im Herdenmanagement seit Jahren Routine. Wie das Beispiel Norwegen (Grafik 1) zeigt, konnte dort ein deutlicher Rückgang von Mastitis-Fällen erreicht werden. Lag der durchschnittliche Prozentsatz der Kühe, die 1994 an klinischer Mastitis erkrankten noch bei 20%, so sank dieser innerhalb von nur 5 Jahren auf 15%.

**Grafik 1: Entwicklung der Häufigkeit von klinischer Mastitis in Norwegen von 1978 bis 1998 nach Erstkalbejahr (Heringstad et al., 2003)**



## 1.2 Gesetzliche Grundlage besteht

Laut Tierarzneimittelkontrollgesetz sind Diagnosen zu dokumentieren, jedoch sind sie in Österreich in der Regel nicht elektronisch erfasst und werden nicht für Zucht und Management genutzt.

### ***Tierarzneimittelkontrollgesetz 2002/Änderungen 2005***

§ 4 (6) „Der Tierarzt hat über das Datum der Untersuchung der Tiere, Name und Anschrift der Tierhalter, die Angaben zur Identität und Anzahl der behandelten Tiere, die Diagnose, die verschriebenen Arzneimittel, Anwendungsart, die verabreichte Dosis, die Behandlungsdauer und die einzuhaltenden Wartezeiten in geeigneter Weise Buch zu führen. ...

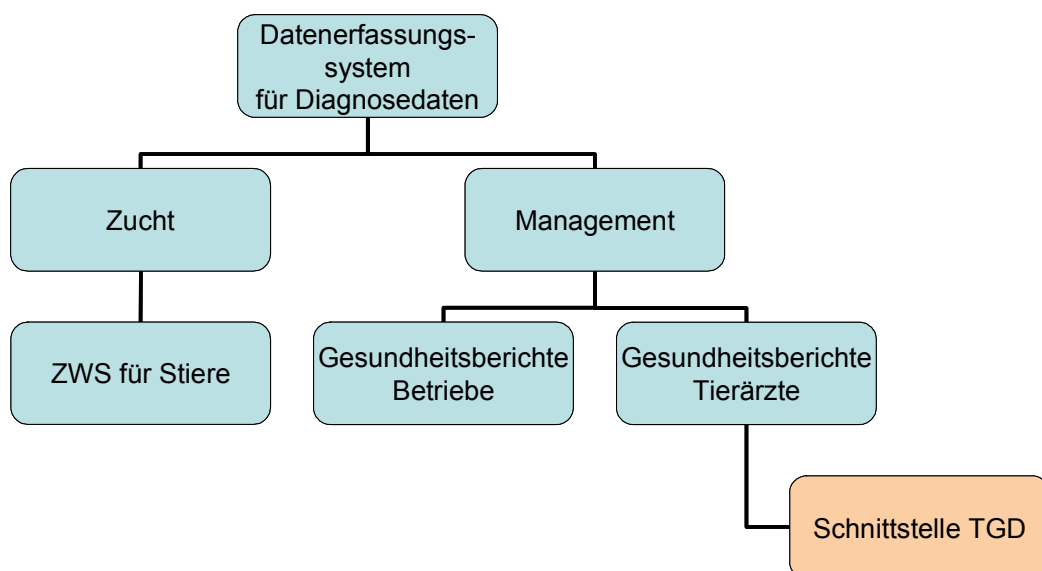
§ 4 (7) ... Außerdem hat der Tierarzt für alle an den Tierhalter abgegebenen Arzneimittel einen Abgabeschein auszustellen ... .“

## 1.3 Wirtschaftlichkeit - Bessere Tiergesundheit rechnet sich

Kosten senken ist entscheidend für den wirtschaftlichen Erfolg in der Rinderhaltung. Betriebszweigauswertungen des Arbeitskreises Milchproduktion weisen 2004 in Österreich bei reinen Tierarztkosten eine durchschnittliche Belastung von 0,8 Cent pro kg Milch aus. Werden auch Folgekosten (geringere Milchleistung, geringere Qualität, höhere Bestandesergänzung durch kürzere Nutzungsdauer, höherer Arbeitszeitbedarf, ..) berücksichtigt, liegen die Kosten nach einer Untersuchung aus Deutschland (Platen, 2003) bei rund 4 Cent pro kg Milch. Daher wird auch aus wirtschaftlichen Überlegungen die Bestandesbetreuung und Krankheitsvermeidung für einen Betrieb immer wichtiger.

## 2. Projektziele

Grafik 2: Darstellung der Projektziele



## 2.1 Datenerfassungssystem für Diagnosedaten

Arzneimittelanwendungs-, Arzneimittelabgabe- und

Betrieb: (Name und Anschrift)		Legende: B=Behandlt NB=Nachbe A=Abgabe R=Rücknah Tierarten: (I Rd = Rind Schf = Schaf Gfl = Geflüge	
LFBISNr.: <input type="text"/>			
TA	Identität der/s Tiere/s OhrmarkenNr BoxenNr.	Diagnose- schlüssel (2-stellig)	Menge
B O			
A O			
R O			
			NB O

**Grafik 3: Auszug aus dem neuen Arzneimittel-anwendungs-, Arzneimittelabgabe-, und Arzneimittelrückgabebeleg für die Angabe der Diagnose mit einem 2-stelligen Code (Diagnoseschlüssel)**

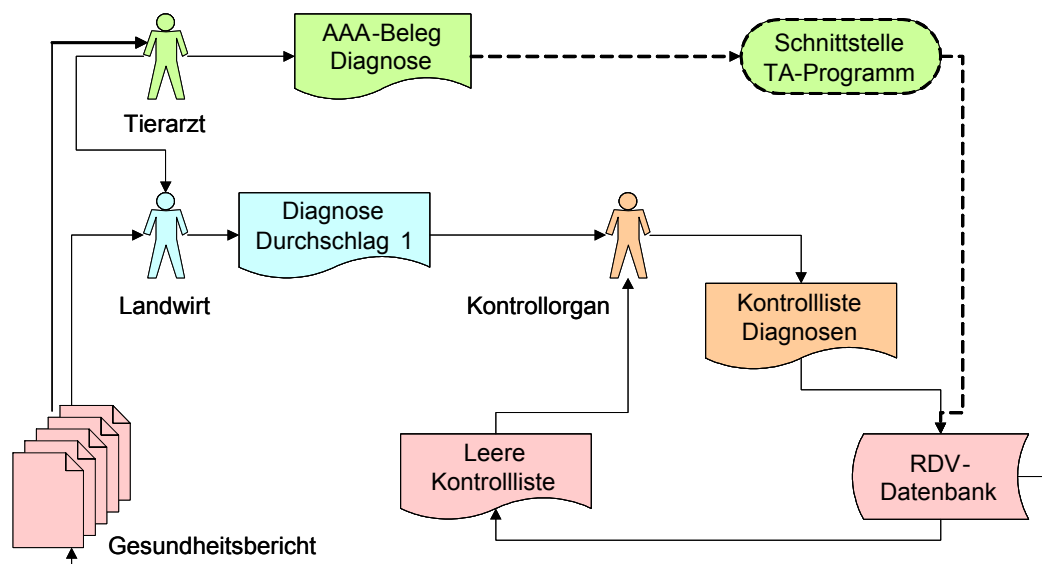
Um die Diagnosedaten von Arzneimittelbelegen nutzen zu können, ist die Angabe der Diagnose mit einem 2-stelligen Zifferncode auf dem Arzneimittelbeleg durch den Tierarzt notwendig. Hierzu wurde der offizielle Arzneimittelbeleg angepasst und ein Österreich weit gültiger

Diagnoseschlüssel zur Standardisierung der Diagnosen ausgearbeitet. Der neue Arzneimittelbeleg und der Diagnoseschlüssel wurden in den Amtlichen Veterinärnachrichten im April 2006 kundgemacht.

Mit der Zustimmung des Landwirtes werden im Rahmen der Leistungsprüfung die Tieridentität, die Lfbis-Nummer, die Tierarztnummer, das Diagnosedatum und die Diagnose von Erstbehandlungen elektronisch erfasst.

Diese Daten werden im Rinderdatenverbund gespeichert und für die Zuchtwertschätzung von männlichen Tieren und die Erstellung von Gesundheitsberichten genutzt. Durch die Zustimmungserklärung und das Datenschutzgesetz ist geregelt, dass keine personen- und betriebsbezogenen Daten an Dritte weitergegeben werden können.

**Grafik 4: Ablauf der Datenerfassung und Rückmeldung der Gesundheitsberichte**



## 2.2 Zusätzliche Zuchtwerte für Gesundheitsmerkmale

Wissenschaftliche Ergebnisse zeigen, dass Zucht auf Gesundheitsmerkmale Erfolg versprechend ist. Die Erblichkeitswerte von Mastitis, Nachgeburtsverhalten, Stoffwechselerkrankungen etc. sind großteils höher als die der bisher in der Zuchtwertschätzung in Österreich und Deutschland berücksichtigten Fitnessmerkmale.

**Tabelle 1: Erbllichkeitswerte von Gesundheitsmerkmalen (Zwald et al. 2004, Heringstad et al., 2005)**

Merkmal	Erbllichkeit (1. Lakt./alle Lakt.)
Holstein – USA (2004)	
Labmagenverlagerung	0,15 - 0,18
Ketose	0,06 - 0,11
Mastitis	0,06 - 0,07
Lahmheit	0,05 - 0,08
Zysten und Metritis	0,07 - 0,08
Norwegische Rote (2005)	
Klinische Mastitis	0,07 - 0,08
Milchfieber	0,09 - 0,13
Ketose	0,14 - 0,15
Nachgeburtshaltung	0,08

Eine Auswertung aus Dänemark zeigt (Aamand, 2006), dass von Stieren mit einem Eutergesundheitsindex unter 86 doppelt so viele Töchter an klinischer Mastitis erkranken als von Stieren mit einem Index von über 114.

### **2.3 Gesundheitsberichte für Bestandesbetreuung und Herdenmanagement**

Gutes Herdenmanagement zeichnet einen erfolgreichen und gesunden Betrieb aus. Um Bestandesprobleme frühzeitig erkennen zu können, sind Gesundheitsberichte (Diagnosedaten mit weiteren Informationen aus der Leistungsprüfung) von großer Bedeutung. Mit der Zustimmung des Landwirts werden diese Informationen an den Tierarzt zur Bestandesbetreuung weitergegeben, um eine effiziente Beratung zur Krankheitsvorbeugung und Krankheitsbekämpfung zu erleichtern.

### **2.4 Schnittstelle Tiergesundheitsdienst**

Zur Unterstützung der Betriebserhebung im Rahmen des Tiergesundheitsdienstes stehen Gesundheitsberichte und überregionale Kennzahlen zur Verfügung.

## **3. Nutzen**

### **3.1 Aufwand und Nutzen für den Landwirt**

Der Nutzen des Landwirts sind zusätzliche Zuchtwerte für Gesundheitsmerkmale von Stieren und Gesundheitsberichte. Die um Gesundheitsmerkmale erweiterten Zuchtwerte helfen jedem Züchter noch besser die richtigen Stiere für seine Tiere auszuwählen. Gutes Herdenmanagement ist ein zentraler Erfolgsfaktor. Um Bestandesprobleme frühzeitig zu erkennen und Erkrankungen vorzubeugen, sind Gesundheitsberichte (Diagnosedaten mit weiteren Informationen aus der Leistungsprüfung) von großer Bedeutung. Jeder Betrieb, der mitmacht, bekommt diese Gesundheitsberichte kostenlos.

Wichtige Voraussetzung für zuverlässige Zuchtwerte und aussagekräftige Gesundheitsreports sind eine gute Datenqualität. Der Beitrag des Landwirts zum Projekt sind eine breite Beteiligung und Augenmerk auf die Dokumentation der Diagnose. Je besser die Datenqualität und je größer



die Beteiligung der Landwirte und Tierärzte am Projekt, desto größer ist auch der Wert und der Nutzen für alle.

### **3.2 Aufwand und Nutzen für den Tierarzt**

Neu ist das Ausfüllen des 2-stelligen Zifferncodes für die Diagnose und das Eintragen der Tierarztnummer auf dem Arzneimittelbeleg. Mit Zustimmung des Landwirtes dem Tierarzt Gesundheitsberichte mit Diagnosedaten und Daten aus der Leistungsprüfung kostenlos zur Verfügung gestellt.

### **3.3 Weiterer Nutzen**

#### **Wichtige Basis für Weiterentwicklungen im Bereich der Molekulargenetik:**

Im Bereich der molekularen Rinderzucht wird der größte züchterische Nutzen bei Merkmalen mit niedriger Erblichkeit erwartet. Die Basis für erfolgreiche Forschung sind aussagekräftige phänotypische Leistungsdaten.

#### **Verbesserung der Lebensmittelsicherheit und Lebensmittelqualität:**

Gesunde, widerstandsfähige Tiere sind die Basis für gesunde Lebensmittel. Weniger Medikamenteneinsatz in der Rinderzucht erhöht die Lebensmittelqualität, verringert die Belastung der Umwelt mit Antibiotikarückständen und führt auch zu weniger Persistenzen von Bakterien gegen Antibiotika. Verbraucher erwarten gesunde Lebensmittel von gesunden Tieren. Maßnahmen in diesem Bereich führen deshalb zu einer Erhöhung der Akzeptanz der Landwirtschaft aus der Sicht der Verbraucher.

#### **Ethik/Tierschutz:**

Eine Zucht auf verbesserte Tiergesundheit führt zu höherem Wohlbefinden der Tiere. Gesündere Tiere sind langlebiger.

#### **Monitoring Gesundheitsstatus:**

Genauere Informationen über den Gesundheitsstatus der Rinder in Österreich bewirken, dass auch auf Ebene der regionalen und nationalen Entscheidungsträger „agiert“ statt „reagiert“ werden kann. Eine verbesserte Datengrundlage (Kennzahlen) liefert eine breite Entscheidungsbasis für eventuelles Risikomanagement.

Ein Ziel des Projektes ist auch die Stärkung der Verbindung zwischen der Tierärzteschaft und der Rinderzucht.

#### **Positionierung der österreichischen Rinderzucht:**

Die österreichische Rinderzucht verfolgt seit Jahren ein auch international anerkanntes fitnessbetontes Zuchtziel. Die Einbeziehung von Gesundheitsdaten in die Zucht führt zu einer sinnvollen Erweiterung dieser Strategie.

## **4. Projektorganisation**

**Projekträger** ist die Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter (ZAR) mit den Mitgliedsorganisationen aus Leistungsprüfung, Rinderzucht und Besamung.

#### **Projektpartner:**

- ARGE Wiederkäuer der Österreichischen Tiergesundheitsdienste
- Bundesministerium für Land- und Forstwirtschaft, Umwelt und Wasserwirtschaft
- Bundesministerium für Gesundheit und Frauen
- Landwirtschaftskammer Österreich

- Österreichische Tierärztekammer
- Universität für Bodenkultur Wien – Institut für Nutztierwissenschaften
- Veterinärmedizinische Universität Wien – Klinik für Wiederkäuer
- ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH

Das Projekt wird umgesetzt von einem Kernteam und einem erweiterten Projektteam mit Vertretern der verschiedenen Projektpartner. Für die Gesundheitsberichte gibt es eine eigene Arbeitsgruppe.

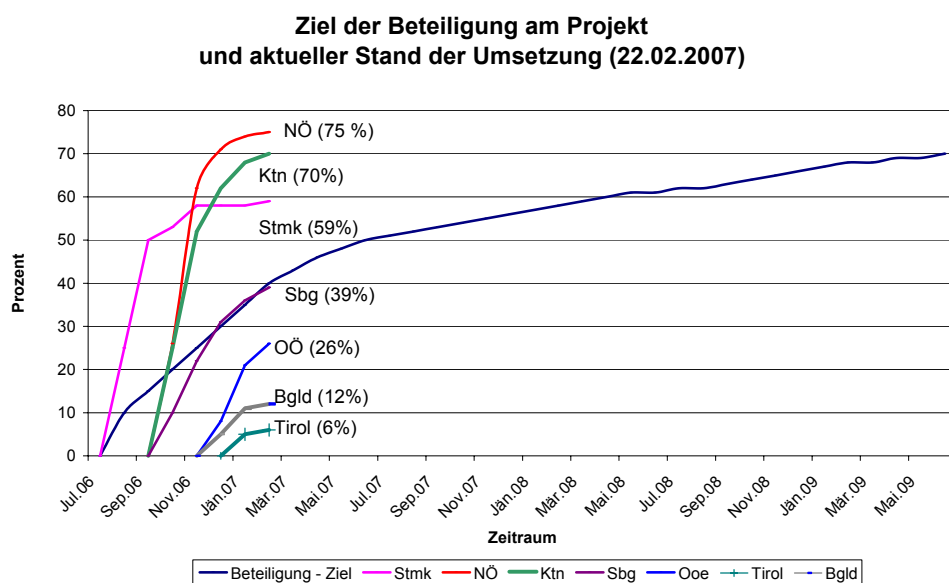
## 5. Ergebnisse

### 5.1 Aktueller Stand der Umsetzung

#### Teilnahme am Projekt

Aktuell haben ca. 9.000 Betriebe mit der Unterzeichnung der Zustimmung zur Datenweitergabe ihr Interesse am Projekt bekundet.

**Grafik 5: Angestrebte Teilnahme im Zuge des Projektes und aktueller Stand der Umsetzung in den einzelnen Bundesländern.**



#### Diagnosenerfassung

Die Erfassung der Diagnose läuft etwas zeitversetzt an. Die Anzahl der Betriebe mit Diagnosen steigt kontinuierlich an. Waren es Mitte Februar 1.147 Betriebe mit Diagnosen, so weisen Anfang März 1.616 Betriebe Diagnosen auf. Für die vollständige Erfassung bei der täglichen Routine wird es noch Zeit, Geduld, Information und vor allem einen ersichtlichen Nutzen für Landwirte und Tierärzte brauchen.

### 5.2 Gesundheitsberichte

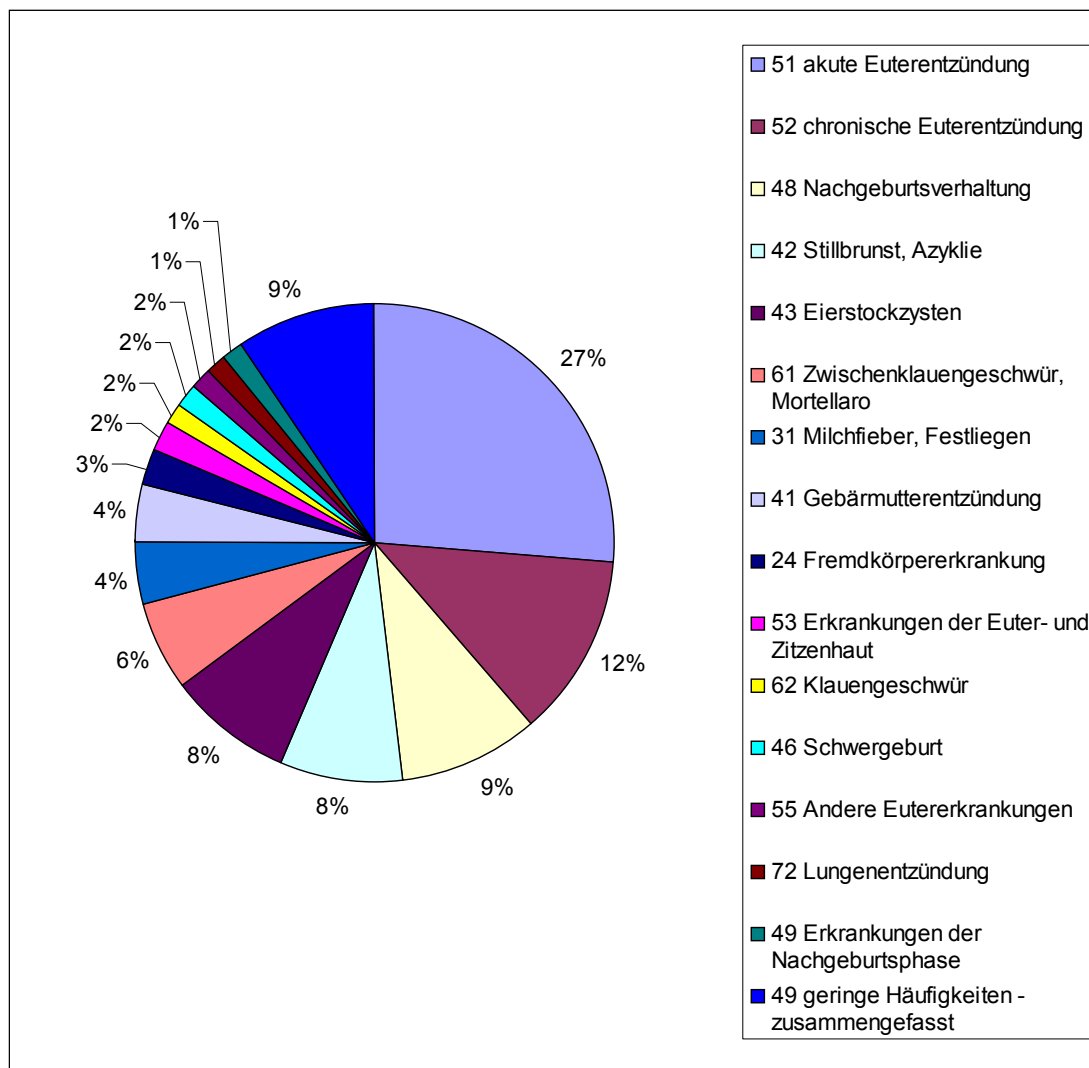
Die ersten Tagesberichte Tiergesundheit wurden von den Mitarbeitern der Landeskontrollverbände an die teilnehmenden Landwirte ausgegeben. Bei erfolgter Zustimmung des Landwirtes zur Datenweitergabe werden diese den Tierärzten direkt via Email zugestellt.

Die Jahresberichte Tiergesundheit mit Betriebsvergleichen werden Ende 2007 zur Verfügung stehen. Mittelfristig werden diese Informationen über eine Internetplattform zur Verfügung stehen.

### 5.3 Erste Auswertungen

Mit ersten Auswertungen wurde begonnen. Dabei wurde auf Betriebe mit einer Teilnahme von mindestens 6 Monaten und der Betreuung durch einen Tierarzt mit mindestens 50 Erstdiagnosen eingeschränkt. Für die Auswertung stehen 301 Betriebe zur Verfügung.

**Grafik 6: Verteilung der Erstdiagnosen in % von Referenzbetrieben (vorläufige Auswertung)**



## **6. Weitere Arbeitsschritte**

### **6.1 Datenvalidierung und Kennzahlen**

Datenvalidierungen und Auswertungen von Kennzahlen (Prävalenzen,..) für die Jahresberichte sind in Arbeit.

### **6.2 Weiterentwicklung Gesundheitsberichte**

Der Arbeitsschwerpunkt 2006 wird im Projekt auf der Weiterentwicklung der Gesundheitsberichte zum Nutzen der Landwirte und Tierärzte liegen. Rückmeldungen aus der Praxis sind sehr wertvoll und wichtig.

### **6.3 Klauen**

Neben der Eutergesundheit nimmt der Bereich Klauen bei der Wirtschaftlichkeit eine zentrale Rolle ein. Die Berücksichtigung von Informationen aus der Klauenpflege ist ein weiteres Projektziel. In der Steiermark wurde von Herrn Thomas Kahr 2007 eine Diplomarbeit zur Struktur der Klauenpflege in der Steiermark durchgeführt. Ein Pilotprojekt mit professionellen Klauenpflegern ist in Planung.

### **6.4 Zuchtwertschätzung**

Geplanter Beginn der Dissertation zur Entwicklung einer Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale ist Ende 2007. Zuchtwerte sind frühestens Ende 2010 zu erwarten.

## **7. Resümee**

In Skandinavien hat die Erfassung von Gesundheitsdaten und deren Nutzung in der Zucht und in der Bestandesbetreuung zu einem Rückgang der Erkrankungen geführt. Durch aussagekräftige Gesundheitsberichte zur Bestandesbetreuung und das Herdenmanagement und zusätzliche Zuchtwerte für Gesundheitsmerkmale kann auch in Österreich die Tiergesundheit verbessert und die Produktionskosten gesenkt werden. Entscheidend für die Aussagekraft der Gesundheitsberichte und der Zuchtwerte sind die Datenqualität und eine breite Beteiligung der Landwirte und Tierärzte.

Die ersten Erfahrungen zeigen, dass seitens der Landwirte ein großes Interesse am Bereich Tiergesundheit besteht. Die Erfassung der Diagnosedaten läuft in den östlichen Bundesländern an. Für die vollständige Erfassung bei der täglichen Routine wird es noch Zeit, Geduld, Information und vor allem einen ersichtlichen Nutzen für Landwirte und Tierärzte brauchen. Die Bedeutung des Projektes für die österreichische Landwirtschaft geht über Gesundheitsberichte und Zuchtwerte hinaus. Für die Konsumenten gewinnt der Aspekt der Lebensmittelsicherheit (gesunde Lebensmittel) zunehmend an Bedeutung.

Nur durch die Zusammenarbeit der Projektpartner aus Rinderzucht, Leistungsprüfung, Veterinärmedizin, Wissenschaft, Interessensvertretung und der Unterstützung durch das Bundesministerium für Land-, Forstwirtschaft, Umwelt und Wasserwirtschaft und dem Bundesministerium für Gesundheit und Frauen ist ein Erfolg möglich.

*\*Gefördert mit Mitteln des Bundesministerium für Gesundheit und Frauen, des Bundesministeriums für Land-, Forstwirtschaft, Umwelt und Wasserwirtschaft und der Bundesländer.*

## 8. Literatur

- Aamand, G. P. ,2006. Data Collection and Genetic Evaluation of Health Traits in the Nordic Countries. British Cattle Conference, Shrewsbury, UK, 2006.
- Heringstad, B., Chang, Y.M., Gianola, D. and Klemetsdal, G., 2005. Genetic correlations between clinical mastitis, milk fever, ketosis and retained placenta within and between the first three lactations of Norwegian Red (NRF). 56th Ann. Meeting EAAP 2005, Uppsala, Sweden.
- Heringstad, B., Rekaya, R., Gianola, D., Klemetsdal, G. and Weigel, K.A. (2003): Genetic Change for Clinical Mastitis in Norwegian Cattle: A Threshold Model Analysis. *J. Dairy Sci.* 86: 369-375.
- Kahr, T. (2007): Struktur der Klauenpflege in der Steiermark. Diplomarbeit an der HBLA Raumberg/Gumpenstein.
- LK Austria, 2005. Results of an economic analyses of veterinary treatments in cattle in Austria. Report of the working group milk production within the Chamber of Agriculture in Austria.
- Platen, M. (2003). Tiergesundheit, Fruchtbarkeit und Reproduktion als Kostenfaktor in Milchviehherden. DGfZ-Schriftenreihe, Heft 32, Eds.: Deutsche Gesellschaft für Züchtungskunde e.V., Bonn, Germany.
- Zwald, N. R., Weigel, K. A., Chang, Y.M., Welper R. D. and Clay, J. S., 2004a. Genetic Selection for Health Traits Using Producer-Recorded Data. I. Incidence Rates, Heritability Estimates and Sire Breeding Values. *J. Dairy Sci.* 87: 4287 – 4294.
- Zwald, N. R., Weigel, K. A., Chang, Y.M., Welper R. D. and Clay, J. S., 2004b. Genetic Selection for Health Traits Using Producer-Recorded Data. II. Genetic Correlations, Disease Probabilities and Relationships with Existing Traits. *J. Dairy Sci.* 87: 4295 – 4302.



# Möglichkeiten der molekularen Rinderzucht

Johann Sölkner

## 1. Einleitung

Viele Molekulargenetiker versprechen uns seit Jahren große Erfolge bei der züchterischen Nutzung von molekularen Daten. Informationen über Gene großer Wirkung auf die Ausprägung von Merkmalen sollen die Informationen zu diesen Merkmalen aus der Leistungsprüfung ergänzen oder gar ersetzen. Oft werden Gene, die wichtig für die Ausprägung von Merkmalen mit niedriger Heritabilität sind, bei dieser Argumentation hervorgehoben. Die konventionelle Zucht mit der Leistungsprüfung eines großen Teils der Population ist für Merkmale der Milch- und Fleischleistung extrem erfolgreich, Fruchtbarkeit, Gesundheit und Langlebigkeit werden selbst bei Formulierung und Umsetzung komplexer Zuchtziele im besten Fall stabil auf einem relativ niedrigen Niveau gehalten. Die Holstein Friesen Population der U.S.A. ist ein negatives Beispiel. Hier wurde Fitnessmerkmalen sehr lang keine Bedeutung bei der Zuchtzielformulierung und Selektion zugemessen, was zu den momentan akuten großen Problemen führte. Selektion auf Gene mit großer Wirkung auf Fruchtbarkeit oder Eutergesundheit wird als relativ schneller Ausweg aus dem Dilemma propagiert.

Im Folgenden werde ich versuchen, die Möglichkeiten und Grenzen der Nutzung molekularer Informationen in der Rinderzucht auszuloten. Die Tatsache, dass ich mich als Gastprofessor an der University of Sydney täglich mit der Optimierung von Methoden zur Nutzung einer großen Zahl von Markern (~15.000 pro Tier) beschäftige, erlaubt mir tiefen Einblick in die zur Verfügung stehenden Optionen.

## 2. Molekulare Marker

Grundlagen zu molekularen Markern wurden bereits beim Seminar des Ausschusses für Genetik im Jahr 2001 ausführlich beschrieben, weshalb ich mich auf eine kurze Einführung und die Beschreibung der zwei aktuell wichtigsten Markertypen beschränke. Die genetische Information ist beim Rind in den 30 Chromosomenpaaren jeder Zelle gespeichert, der genetische Code ist simpel. Vier Basen-Buchstaben (A, C, G, T) reichen aus, um in Dreierkombinationen „Worte“ oder „Anweisungen“ zur Bildung von Aminosäuren und Start- und Stop-Codons zu bilden, die für die Bildung von Enzymen, Proteinen und letztlich allen anderen Bausteinen des Lebens verantwortlich sind. Das Genom besteht aus ca. 3 Milliarden solcher Buchstaben, beim Rind im Schnitt also 100 Millionen pro Chromosom. Chromosomen sind nummeriert, das größte hat die Nummer 1 und das kleinste die Nummer 29, das Geschlechtschromosom hat als einziges einen Namen, X oder Y. Das Genom wurde 2002 beim Menschen erstmals vollständig gelesen (sequenziert), inzwischen liegt die vollständige Sequenz auch beim Rind vor. Die Molekulargenetik ist dabei zu lernen, die Sprache des Genoms besser zu verstehen, aktuell nimmt man an, dass es rund 50.000 Gene gibt, die abgelesen und Aminosäurenketten übersetzt werden. Proteine sind aneinander gereihete Aminosäuren, die Übersetzung ist nicht 1:1, die Sequenz der Codons, die für Aminosäuren codieren („Exons“) ist unterbrochen von Basen-Ketten, deren Funktion aktuell nicht ganz klar ist („Introns“).

Molekulare Marker sind kurze Basen-Ketten, die mit molekulargenetischen Methoden eindeutig wiederzufinden und inzwischen auch örtlich zuzuordnen sind und damit eine Art Markierung für

dar rundum liegende Stück des Genoms sind. Mikrosatelliten („tandem repeats“) sind Sequenzen, wo sich zwei Basen wiederholt abwechseln, also z.B. GAGAGAGA..., deren Varianten (Allele) dann etwa als (GA)16 (GA)18, (GA)25 etc. bezeichnet werden. Beim Rind sind inzwischen tausende solcher Mikrosatelliten-Marker bekannt, ihr Vorteil ist, dass sie in sehr vielen allelischen Varianten vorliegen. Aktuell besonders stark propagierte Marker werden als SNPs (gesprochen: „Snips“, single nucleotide polymorphisms) bezeichnet. Ein SNP bezeichnet die Position einer einzigen Base (von rund 3 Milliarden!), die in einer Population in mehr als einer Variante vorliegt. Fast 99 % des Genoms sind für alle Individuen einer Art identisch, also nicht SNP. Die Technologie zur Auffindung von SNP hat sich rasant entwickelt, heute kann man beim Menschen 500.000 SNP um 250 \$ genotypisieren lassen, für das Rind gibt es demnächst SNP-Chips mit 25.000 Markern um denselben Preis.

### 3. Zur Auffindung wichtiger Gene

Da die SNP-Technologie bis vor kurzem nicht verfügbar war, erfolgte die Lokalisierung von Genen großer Wirkung (QTL – quantitative trait loci) bislang fast ausschließlich mit Mikrosatelliten-Markern. Zur Grobkartierung werden 5-10 Marker pro Chromosom verteilt und Familien (Väter und Töchter im Töchter-Design bzw. Großväter und Väter im Enkelinnen-Design) genotypisiert. Findet man mit dieser Methode Regionen in der Größe eines halben oder viertel Chromosoms, werden zur Feinkartierung mehr Mikrosatelliten in dieser Region genotypisiert. Aufgrund der verwendeten Methode ist die tatsächliche Auffindung der kausalen Mutation, die für die Unterschiede in der Leistung von Tieren verantwortlich ist, praktisch unmöglich. Mit der großen Anzahl von SNP ist eine weitere Einengung der Position der kausalen Mutation möglich, der Ansatz, der aus Assoziations-Kartierung bezeichnet wird, geht weg von der Nutzung von Familien-Information hin zu der von individueller Leistung. Da es aber auch in einem Gen mit Exon und Introns immer noch 20 oder mehr SNP gibt, ist die Auffindung der kausalen Mutation damit nicht abgeschlossen und zusätzliche molekulare Methoden müssen angewandt werden.

Bislang wurde beim Rind erst eine Handvoll von Genen bis zur kausalen Mutation charakterisiert, das bei weitem berühmteste Gen wurde an der technischen Universität München unter der Leitung von Prof. Ruedi Fries entdeckt. DGAT1 auf Chromosom 14 hat einen massiven Einfluss auf den Fettgehalt der Milch, allerdings hat das Allel, das den Fettgehalt erhöht, auch eine Verringerung der Milchmenge zur Folge. Eine australische Firma bietet auch einen Gentest („GeneSTAR“) für den intramuskulären Fettgehalt des Rindfleisches an, hier werden die Effekte zweier Gene (Triiodothyronin und Thyroxin) kombiniert, ohne dass die tatsächlich kausale Mutation in einem der beiden Gene aufgeklärt wäre. Gene, die für die Fruchtbarkeit oder die Eutergesundheit verantwortlich sind, wurden noch nicht gefunden.

### 4. Molekulare Zuchtwertschätzung

Prof. Meuwissen von der Universität Aas in Norwegen hat 2002 eine Methode vorgeschlagen, die Informationen vieler Marker simultan nutzt, um den Zuchtwert eines Tieres zu schätzen, ohne vorher die für das Merkmal wichtigen Gene kartiert zu haben. Anhand von Simulationsergebnissen zeigte er, dass dieser Ansatz sehr vielversprechend ist. In Australien wurden in einem großen Forschungsprojekt weltweit erstmals ca. 15.000 SNP für 1546 nachkommengeprüfte Holstein Friesen Stiere genotypisiert. Die geschätzten Zuchtwerte dieser Stiere haben hohe Sicherheiten. Wir sind gerade dabei, dem Meuwissen-Ansatz ähnliche Methoden zu entwickeln und anhand dieser Daten auf ihre Zuverlässigkeit zur Voraussage von



Zuchtwerten ohne die Verwendung von Leistungsdaten von Töchtern zu prüfen. Die Tabelle zeigt die Ergebnisse für eine der verwendeten Methoden („partial least squares“).

Merkmal	Sicherheit der molekularen ZWS
Gesamtzuchtwert	65 %
Eiweissmenge	60 %
Gesamtnote Exterieur	58 %
Fruchtbarkeit	54 %
Zellzahl	30 %

Der Wert ist auch für die Fruchtbarkeit, ein Merkmal mit sehr niedriger Heritabilität sehr hoch, warum die Zellzahl aus dem Rahmen fällt, ist aktuell nicht klar. Die hier vorgestellten Ergebnisse sind ein Schnappschuss aus der Wissenschaftler-Werkstatt und nicht endgültig, die Größenordnung wird aber jedenfalls halten, es ist eher eine Erhöhung der Genauigkeit zu erwarten, da die molekulare Zuchtwertschätzung erst in ihren Kinderschuhen steckt.

Weil beim vorgestellten Ansatz keinerlei phänotypische Information verwendet wird, gelten diese Ergebnisse auch für Stierkälber, die als Teststierkandidaten in Frage kommen. Aktuell wird für die Selektion der Teststierkandidaten der vorgeschätzte Zuchtwert, der als Mittelwert der geschätzten Zuchtwerte von Vater und Mutter berechnet wird, herangezogen. Die Sicherheit dieses vorgeschätzten Zuchtwerts hängt von den Sicherheiten der Zuchtwerte der Eltern ab. Diese liegt für Gesamtzuchtwert, Eiweißmenge im Bereich von 40 %, für Fruchtbarkeit und Zellzahl wegen ihrer niedrigen Heritabilität weit unter 30 %.

Eine meiner aktuellen Aufgaben ist zu überprüfen, um wie viel die in der Tabelle vorgestellten Genauigkeiten zu erhöhen sind, wenn der molekulare Zuchtwert von Teststierkandidaten mit dem vorschätzten Zuchtwert kombiniert wird. Eine weitere aktuell sehr intensiv bearbeitete Frage ist, wie viele Marker für die routinemäßige Schätzung von molekularen Zuchtwerten erforderlich sind. Für die Zuchtwertschätzung einzelner Merkmale kommt man vermutlich mit 100-200 Markern aus. Da die Kosten für 25.000 Marker aber „lediglich“ rund 200 Euro betragen und diese Kosten im Vergleich zu jenen der Nachkommenprüfung gering sind, erscheint mir die Senkung dieser Kosten um den Preis einer geringeren Zuverlässigkeit für andere Merkmale nicht vorrangig.

## 5. Potenzielle Auswirkungen auf Zuchtprogramme

Die auf den ersten Blick offensichtliche Auswirkung der Anwendung der molekularen Zuchtwertschätzung ist die deutlich sicherere Vorhersage der Zuchtwerte von Teststierkandidaten. Zuchtplanungsrechnungen werden zeigen, um wie viel damit der Zuchtfortschritt, der beim Rind ja massiv von der Auswahl der männlichen Tiere abhängt, zu erhöhen ist. Weiters ist zu prüfen, ob die offensichtlich sichere Vorhersage von Zuchtwerten mit niedriger Heritabilität auch die Möglichkeit eröffnet, die Gewichtung der Zuchtfortschritte in die Richtung von Fruchtbarkeit und Gesundheit zu verschieben.

Wissenschaftler in Kanada und Australien stellen die Frage, ob die Rinderzucht nicht an der Schwelle zu einem neuen System steht und ob die Leistungsprüfung eines großen Teils der Population tatsächlich der beste Weg zur Maximierung des Zuchtfortschritts ist. Die intensive Prüfung in ausgewählten Testherden inklusive der Erhebung der Futteraufnahme und von Blutparametern, die Aussagen über den energetischen Status und über Krankheitsanfälligkeit von Kühen liefern, wird als Alternative in den Raum gestellt. Der Einstieg von Firmen, etwa

Monsanto, in die Zucht von Holstein Friesen ist in Diskussion. Die Schweinezucht ist hier Beispiel, wenn eine Zucht mit Nukleusherden erfolgversprechend ist, steht dieser Einstieg möglicherweise bevor.

Die Rinderzucht in Österreich mit ihrem großen innovativen Potenzial wird sich dieser Herausforderung sicher erfolgreich stellen.

# Kartierung von Erbfehlern am Beispiel der Spinnengliedrigkeit

Kay-Uwe Götz und Johannes Buitkamp

## 1. Einleitung

Erbfehler sind ein unvermeidlicher Bestandteil der natürlichen genetischen Variation. Sie können spontan entstehen oder unterschwellig jahrzehntelang in einer Rasse vorkommen, bevor sie zum Problem werden. Die Definition eines Erbfehlers ist etwas unscharf aber im Allgemeinen versteht man unter einem Erbfehler einen schwerwiegenden Defekt, der von einem einzelnen Genort verursacht wird und einem klassischen Mendelschen Erbgang folgt. Die überwiegende Mehrheit der bekannten Erbfehler bei Nutztieren folgt einem rezessiven Erbgang, d.h. ein Nachkomme erkrankt nur dann, wenn er von beiden Eltern die defekte Genvariante erhalten hat. Die unmittelbare Schlussfolgerung hieraus lautet, dass bei klassischen Erbfehlern beide Eltern immer gesund sind. Solche Eltern bezeichnet man als *Anlageträger*, die erkrankten Tiere dagegen als *Merkmalsträger*.

Missbildungen sind von Erbfehlern abzugrenzen. Unter Missbildungen versteht man ganz allgemein ein abnormes Erscheinungsbild, dessen Ursache jedoch vielfältig sein kann. Missbildungen können spontan auftreten, genetisch bedingt sein oder auch durch bestimmte Umwelteinwirkungen ausgelöst werden. Erbfehler sind somit als eine Untermenge der Missbildungen anzusehen.

Beim Rind ist eine Vielzahl von Erbfehlern bekannt. Die Datenbank OMIA listet gegenwärtig 369 bekannte Erbfehler beim Rind auf, von denen 66 genetisch kartiert sind. Glücklicherweise stellen die wenigsten davon quantitativ ein ernstes Problem dar, aber alle Erbfehler führen zu Schmerzen und Leiden bei den Merkmalsträgern und sind daher aus ethischer Sicht bekämpfungswürdig. Kritisch wird das Vorhandensein eines Erbfehlers immer dann, wenn er bei einem Besamungsstier mit großer Verbreitung auftritt. Ein solcher Stier hat zunächst viele Töchter und wird in einer zweiten Phase dann auch Vater vieler Söhne. Somit wird nach 2-3 Generationen, wenn die ersten milden Inzuchtanpaarungen (unabsichtlich) erfolgen, das Problem in einer völlig neuen Größenordnung manifest.

Eine solche Situation konnten wir im Herbst 2005 im Falle der Spinnengliedrigkeit beim Fleckvieh beobachten. Die defekte Genvariante wurde vor allem durch die Bullen ROMEL und EGOL in der Population verbreitet und damit plötzlich zum Problem, obwohl bereits in den siebziger Jahren der Erbfehler, z.B. von Rieck und Schade (1975) beschrieben wurde. In diesem Beitrag beschreiben wir die Vorgehensweise und die möglichen Probleme bei der Kartierung eines Erbfehlers am Beispiel der Spinnengliedrigkeit. Dabei konzentrieren wir uns auf die molekulargenetischen Verfahren und vernachlässigen die klassischen Bekämpfungsmethoden. Diese wurden im Tagungsband eines früheren ZAR-Seminars (ZAR, 2003) bereits ausführlich beschrieben.

## 2. Spinnengliedrigkeit

Die Spinnengliedrigkeit<sup>1</sup> ist ein Erbfehler, bei dem die Kälber entweder tot geboren werden oder kurz nach der Geburt sterben. Sie äußert sich in erster Linie durch eine auf die Gliedmaßen konzentrierte Störung in der Knorpel- und Knochenbildung. Die großen Röhrenknochen sind im Mittelbereich lang, dünn und brüchig, während die Gelenke auffällig verdickt sein können. Häufig treten auch versteifte und verdrehte Gelenke und eine im Stirnbereich verkürzte Schädelform („Pointerkopf“ mit verkürztem Unterkiefer, Delle im Stirnbein) auf.

Die erste wissenschaftliche Beschreibung des Syndroms stammt von Rieck und Schade, nachdem der Erbfehler in hessischen Rinderrassen in den 60er und 70er Jahren vermehrt auftrat (Rieck und Schade, 1975). Es wurden gehäuft Fälle in allen 3 verbreiteten Rassen (Schwarzbunt 5, Rotbunt 3 und Fleckvieh 15 Fälle pathologisch abgesichert) festgestellt. Aufgrund der pathologisch-histologischen Untersuchungen, welche auch die Grundlage für die Definition des Syndroms Spinnengliedrigkeit beim Rind sind, gingen die Autoren von einem einheitlichen Krankheitsbild aus und prägten den Begriff „Arachnomelie“. Beim Fleckvieh schätzten die Autoren die Häufigkeit der defekten Genvariante (Allelfrequenz) auf 0,0024%. Äußerliche Ursachen waren nicht erkennbar und die Fälle waren räumlich zufällig verteilt. Alle Fälle ließen sich auf drei Bullen, die meisten auf den Bullen PIKASSO zurückführen und traten bei Vater-Tochter- und Halbgeschwisterpaarungen auf. Daher gehen Rieck und Schade von einem autosomal rezessiven Erbgang aus. Nach 1974 sind beim bayerischen Fleckvieh bis zum Herbst 2005 keine weiteren pathologisch abgesicherten Fälle beobachtet worden.

Die Spinnengliedrigkeit beim Braunvieh wurde durch die Verwendung von US-Stieren in die europäischen Populationen eingeführt. Die ersten gesicherten Fälle aus den Jahren 1981 und 1982 wurden von Brem und Kollegen beschrieben (Brem et al. 1984). Diese Fälle wurden im Rahmen eines Monitoring-Projekts identifiziert, bei dem Geburten in 171 Betrieben erfasst und tierärztlich verfolgt wurden. Es wurden 7 Fälle beobachtet (von denen allerdings nur 4 pathologisch-anatomisch gesichert wurden) woraus sich eine Häufigkeit des Defektallels von 0,21% ergab. Durch diese Untersuchungen konnten 16 Bullen als sichere Anlageträger identifiziert werden und die Herkunft des Letalgens auf Brown-Swiss zurückgeführt werden.

In der Schweiz wurden die ersten Fälle aus den Jahren 1984 und 1985 von Schneeberger und Stricker (Schneeberger and Stricker 1985) beschrieben. Sie verwendeten die Abkürzung SAA für die Spinnengliedrigkeit. Die Häufigkeit zu dieser Zeit wurde auf 0,15% der Geburten und die Allelfrequenz in der Kuhpopulation auf 3,8% geschätzt (König et al. 1987). Es wurde ein Testprogramm zur Erkennung von Trägern etabliert. Dieses basiert auf der Anpaarung an bekannte Trägerkühe, Embryotransfer und Diagnose anhand von Embryonen. Dieses Programm wurde allerdings nur einige Jahre fortgeführt. Die Häufigkeit der SAA ging in den folgenden Jahren insbesondere durch die Vermeidung einer ganzen Blutlinie stark zurück. Erst in den letzten Jahren treten durch wieder vermehrt Fälle auf (AMARANTO) (Testoni und Gentile 2004).

## 3. Kartierung von Erbfehlern

Das Rindengenom umfasst insgesamt rund 3 Milliarden Basenpaare. Beim klassischen Erbfehler ist nur ein einziges dieser Basenpaare verändert und führt damit zu einer defekten Genvariante. Die Suche nach dem Chromosomenabschnitt, der das defekte Basenpaar enthält bezeichnet man als die Kartierung des Erbfehlers.

---

<sup>1</sup> Andere gängige Bezeichnungen sind Arachnomelie, spider-legs Syndrom oder Syndrom der Arachnomelie und Arthrogyrose (SAA)

### 3.1 Grundprinzip

Problematisch an der Kartierung ist, dass man den Defekt nicht durch eine direkte Suche herausfinden kann, weil er praktisch an einer beliebigen Stelle im Genom auftreten kann. Deshalb geht man in mehreren Schritten vor. In einer ersten Phase verwendet man ca. 200 genetische Marker, um ebensoviele Chromosomenabschnitte damit zu kennzeichnen. Ein genetischer Marker ist eine eindeutig identifizierbare Basensequenz, die in den meisten Fällen keine bekannte Funktion hat. Er dient wie ein Fähnchen auf einer Landkarte zur Markierung einer bestimmten Position. Gute Marker haben bei verschiedenen Tieren verschiedene identifizierbare Zustände („Allele“). Man kann sich dies so vorstellen, als gäbe es für die Fähnchen an einer bestimmten Position verschiedene Farben, die familienspezifisch sind. Damit lässt sich die Vererbung des markierten Chromosomenabschnitts über Generationen hinweg verfolgen.

In einer sogenannten Kopplungsanalyse beobachtet man, ob bestimmte Markerzustände immer mit dem Erbfehler zusammen auftreten. Ist dies der Fall, dann spricht man von *Kosegregation*. Mit statistischen Tests kann man prüfen, ob die Kosegregation häufiger auftritt, als man bei einem in Wahrheit unbeteiligten Marker erwarten würde.

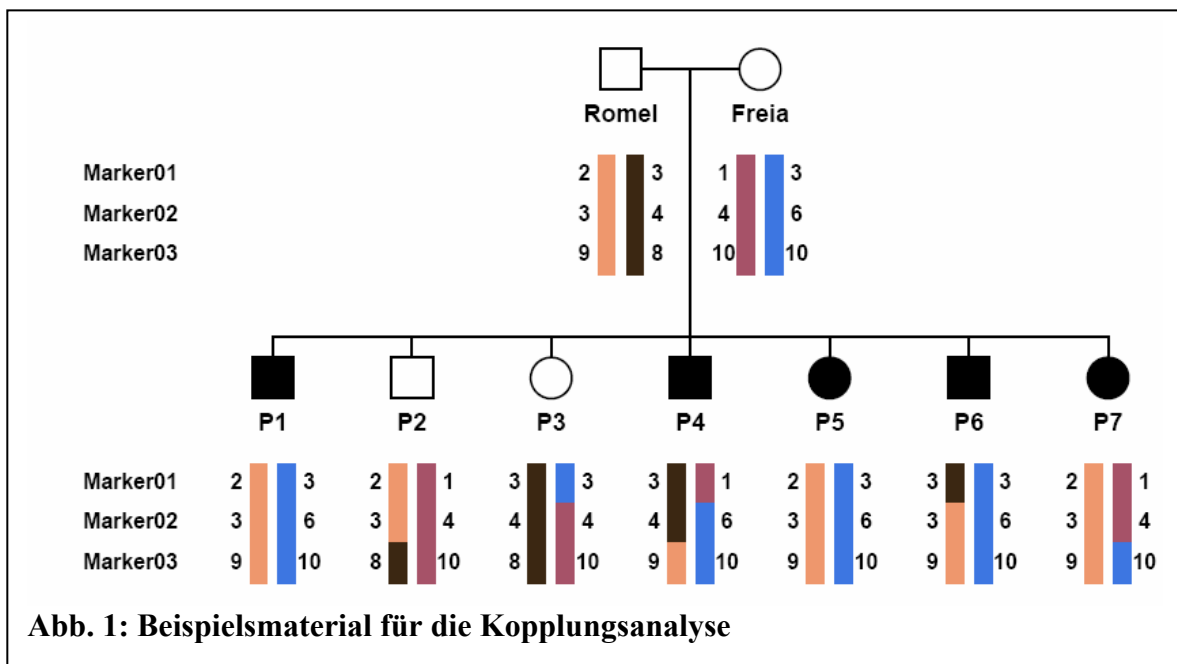


Abb. 1 zeigt ein konstruiertes Familienmaterial, an dem wir die Vorgehensweise verdeutlichen möchten. Beide Eltern ROMEL und FREIA sind Träger des Defektes. Das Genom ist durch 3 Marker abgedeckt. Die einzelnen Markervarianten (Allele) sind mit Ziffern bezeichnet. Bei jedem Tier steht links das väterliche und rechts das mütterliche Chromosom, väterliche und mütterliche Herkunft sind auch durch unterschiedliche Grautöne gekennzeichnet. Quadrate stehen für männliche und Kreise für weibliche Tiere. Ausgefüllte Symbole bezeichnen Merkmalsträger, d.h. spinnengliedrige Tiere.

Die genauere Betrachtung des Materials enthüllt einige beachtenswerte Aspekte:

- In einigen Fällen erhält ein Nachkomme nicht das gesamte mütterliche oder väterliche Chromosom von einem Elter, sondern eine Mischung aus beiden. Diesen Vorgang bezeichnet man als *Rekombination*. Diese ist zwar einerseits störend, hilft aber andererseits für eine genauere Lokalisierung des Defektgens.

- Die Mutter ist am Marker 03 homozygot, d.h. sie hat von ihrem Vater und ihrer Mutter jeweils die gleiche Markervariante geerbt. Folglich erhalten alle ihre Nachkommen am Marker 03 immer die Variante „10“.
- Mit Hilfe der Rekombinationen können wir die Marker 01 und 02 als Defektgenorte ausschließen. Betrachten wir nur die väterlichen Allele an Marker 01, dann tauchen sowohl die Variante „2“, als auch die Variante „3“ sowohl bei gesunden, als auch bei kranken Nachkommen auf. Gleiches gilt für die Varianten „3“ und „4“ bei Marker 02.

Die Schlussfolgerung lautet demnach, dass der Erbfehler offensichtlich an Marker 03 gekoppelt ist, bei dem väterlicherseits gesund immer mit „8“ und krank immer mit „9“ zusammen auftritt. Unglücklicherweise ist die Mutter für Marker 03 nicht informativ, sonst könnte man schon mit so einer „kleinen“ Familie eine Kopplung statistisch absichern.

Zum statistischen Test einer Kopplung zwischen Marker und Defekt verwendet man eine Größe, die als LOD-Score bezeichnet wird. Der Begriff kommt von „log of the odds“, also dem Verhältnis der Quoten bei Wetten. Vereinfacht gesagt ist es der Logarithmus des Verhältnisses der Wahrscheinlichkeiten für und gegen Kopplung.

### 3.2 Komplikationen

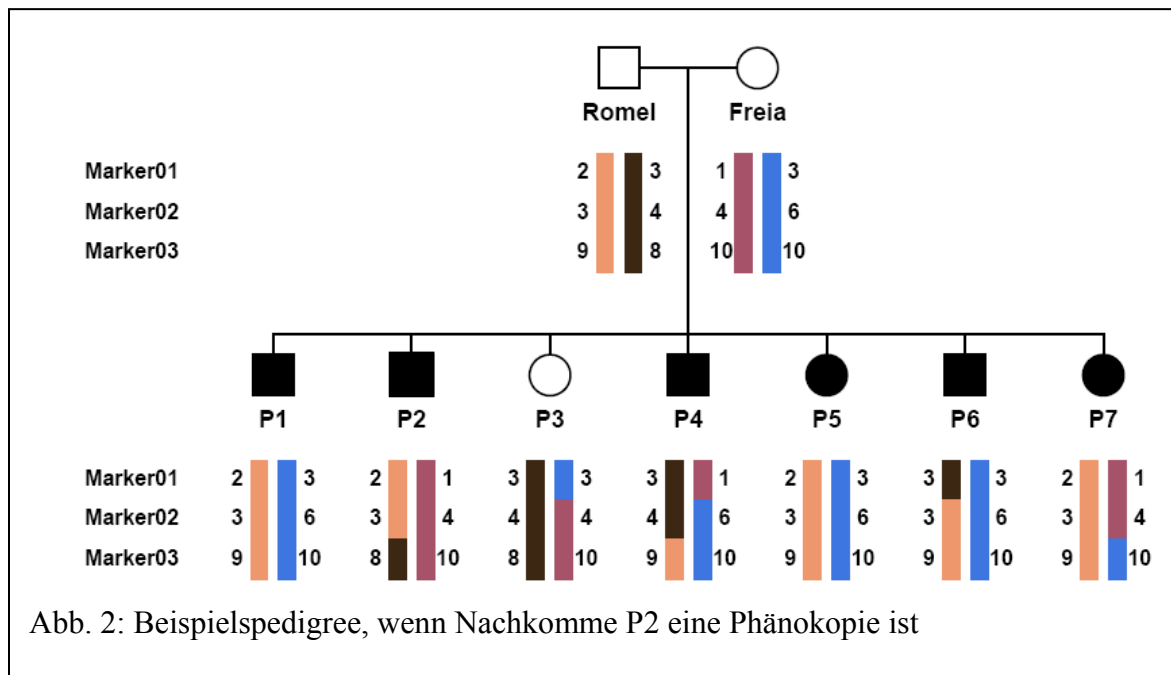
In der Praxis findet man meist keine so schönen Materialien wie im Beispiel der Abb. 1 vor. Vielmehr hat man mit einer Reihe von Komplikationen zu kämpfen, die den Arbeitsaufwand deutlich erhöhen und/oder die Aussagekraft der Ergebnisse reduzieren können.

Die wichtigste Komplikation in der Praxis ist, dass die Familienmaterialien nicht so eine günstige **Struktur** aufweisen wie im Beispiel. Vollgeschwister sind beim Rind sehr selten und Familien mit mehr als einem untersuchten Nachkommen kommen nur in Ausnahmefällen vor.

Ein besonders schwieriges Problem sind sog. **Phänokopien**. Hierunter versteht man Tiere, die zwar eindeutig Symptome der Erkrankung aufweisen, genetisch aber „gesund“ sind. Ein typisches Beispiel hierfür sind Missbildungen, die durch bestimmte Substanzen im Futter oder Trinkwasser ausgelöst werden oder auch Strahlenschäden. Die Konsequenz einer Phänokopie ist in Abb. 2 dargestellt. Durch die Phänokopie bei Nachkomme P2 ist die Eindeutigkeit der Zuordnung zwischen der Variante „8“ an Marker 03 und dem Erbfehler scheinbar aufgehoben und ein statistischer Test würde kein signifikantes Ergebnis mehr zeigen.

Ein Beispiel für die Möglichkeit einer Phänokopie ist der Stier WAL, der bei 147 Risikoanpaarungen nur ein einziges befallenes Kalb aufwies. Die Wahrscheinlichkeit, dass dies bei einem Anlageträger passiert beträgt weniger als 0,1%. Aus diesem Grund gehen wir derzeit davon aus, dass das eine Kalb eine Phänokopie war und dass der Stier kein Träger ist.

Ein gegenteiliger Effekt liegt beim Phänomen der **unvollständigen Penetranz** vor. Hierunter versteht man, dass ein Tier zwar genetisch befallen ist, äußerlich aber keine Symptome zeigt. Unvollständige Penetranz kann vielfältige Ursachen haben. Beispielsweise kann das Diagnoseverfahren ungenau sein, der Phänotyp durch die Wirkung anderer Gene überlagert werden oder aufgetretene Fälle werden schlichtweg nicht gemeldet („**Meldemorale**“). Eine wichtige Ursache für unvollständige Penetranz können auch Frühaborte sein. Wenn die Mortalitätsrate bei befallenen Tieren deutlich höher ist als bei gesunden, dann beobachtet man viel weniger Merkmalsträger als nach den Mendelschen Regeln erwartet würde.



Die Wirkung ist ähnlich wie bei der Phänokopie: Scheinbar sind Tiere gesund, die eigentlich den „kranken Genotyp“ haben und verwässern damit die statistische Analyse.

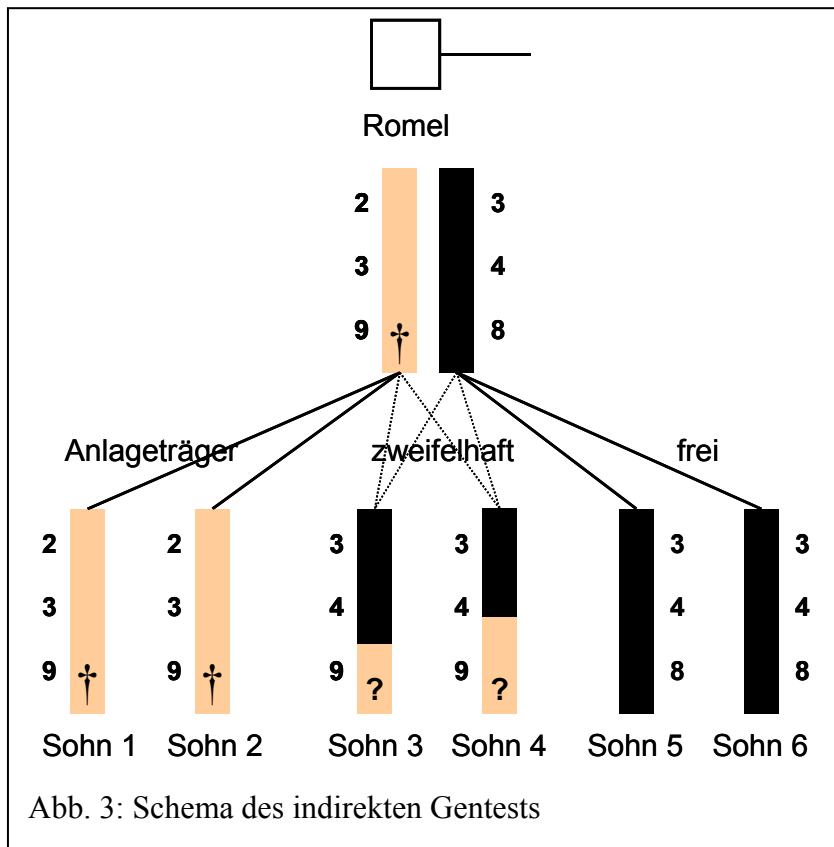
Auch die **genetischen Marker** sind in der Praxis nicht immer ideal. Genetische Marker werden meist an einem repräsentativen Material der gesamten Population ermittelt und können zufällig innerhalb eines wichtigen Individuums homozygot sein. Ein Beispiel hierfür ist der Marker 03 bei der Kuh FREIA im Beispiel. Tritt dieser Fall beim Stier auf, dann ist der Marker für die Kopplungsanalyse nicht brauchbar und mit ihm ein ganzer Chromosomenabschnitt. In der Praxis muss man dann im betroffenen Abschnitt neue Marker suchen, was mit einigem Aufwand verbunden ist.

### 3.3 Ergebnisse

Mit der beschriebenen Vorgehensweise kann eine Kopplung zwischen einem genetischen Marker und dem Defektgenort nachgewiesen werden. Dies ist jedoch noch eine relativ ungenaue Information, weil zwischen dem Marker und dem eigentlichen Defektgen noch ein relativ großer Abstand liegen kann. Ein großer Abstand bedeutet, dass zwischen Marker und Defektgen relativ häufig Rekombinationen auftreten. Wenn dies der Fall ist, ändert sich innerhalb einer Familie die Beziehung zwischen Markervariante und Defektgen. Ist dies der Fall und bleibt es unbemerkt, dann wird ein Gentest zu einem falschen bzw. unzuverlässigen Ergebnis führen. Das Risiko von Rekombination kann bei den von uns verwendeten Markerabständen 10 bis 30% betragen.

Deshalb wird man beim ersten Nachweis einer Kopplung noch nicht gleich in die praktische Anwendung einsteigen, sondern zunächst versuchen, weitere und aussagekräftigere Marker in der betroffenen Region zu finden. Damit kann man die Region des Defektgens stärker eingrenzen und die Marker auch so auswählen, dass sie in den wichtigen Familien besonders informativ sind. In diesem Stadium verfügt man dann über einen sog. **indirekten Gentest**. Wie dieser funktioniert zeigt schematisch die Abb. 3.

Zunächst einmal ist allgemein festzustellen, dass der indirekte Gentest nur in Familien angewendet werden kann, in denen in der Vergangenheit bereits vermehrt Merkmalsträger aufgetreten sind. Aus Abb. 3 wird klar, dass es einen bestimmten Anteil von Söhnen eines bekannten Anlageträgers gibt, der den kompletten väterlichen Chromosomenabschnitt ohne Rekombination ererbt. Diese Söhne lassen sich wiederum unterteilen in die Anlageträger (Söhne 1 und 2) und die freien (Söhne 5 und 6). In beiden Fällen funktioniert der Test nahezu



zuverlässig.<sup>1</sup> Es bleibt aber auch ein gewisser Teil der Söhne, bei dem Rekombinationen aufgetreten sind, hier die Söhne 3 und 4. Bei diesen kann man nicht oder nur mit einer gewissen Wahrscheinlichkeit sagen, ob sie Anlageträger sind oder nicht.

Zusammenfassend bleibt zum indirekten Gentest festzustellen, dass er keine hundertprozentige Sicherheit bietet, relativ teuer ist, weil immer ganze Familien untersucht werden müssen und außerdem nur von Fachleuten zu interpretieren ist.

Deshalb wird man bei wichtigen Erbfehlern auf jeden Fall versuchen, einen **direkten Gentest** zu entwickeln. Hierbei verkleinert man das Intervall durch neue Fälle und neue Marker immer mehr, bis man ein Intervall hat, in dem nur noch wenige Gene liegen. Diese sogenannten Kandidatengene werden dann einzeln auf Varianten untersucht und mit jeder gefundenen Variante wird geprüft, ob sie eine eindeutige Kosegregation mit dem Erbfehler über Familien hinweg aufweist. Hat man ein solches Gen gefunden, kann man jedes Tier ohne Berücksichtigung seiner Vorfahren untersuchen und feststellen, ob es Anlageträger ist oder nicht. Damit eröffnet sich der Test auch für weibliche Tiere und man kann mit Anlageträgern weiterzuchten, falls man alle Nachkommen untersucht. Das Institut für Tierzucht der LfL hat im Rahmen des Projektes PaGeMoRi (Förster et al., 2007) ein Vorhaben zur Entwicklung eines direkten Gentests für die Spinnengliedrigkeit im Rahmen von FUGATO Plus mit Förderung durch den FBF beantragt.

<sup>1</sup> Theoretisch besteht die Gefahr einer doppelten Rekombination einmal vor und einmal hinter dem Defektgenort.



## 4. Kartierungsexperiment der LfL

Im Kartierungsexperiment des Instituts für Tierzucht der LfL wird mit finanzieller Unterstützung der Tierzuchtforschung e.V., Grub ein indirekter Gentest für die Spinnengliedrigkeit entwickelt. Dieser wird zukünftig von der GeneControl GmbH, Grub angeboten werden.

### 4.1 Bisherige Arbeiten

Grundlage des Experiments sind drei verschiedene Familienmaterialien, die in Zusammenarbeit mit dem Tiergesundheitsdienst Bayern gesammelt und bei denen alle befallenen Nachkommen vom selben Team untersucht wurden.

**Set 1** ist seit Ende März 2006 verfügbar und besteht aus 4 Halbgeschwister-Familien (EMAIL, LANDMANN, NAAB, ROMEL) mit insgesamt 19 betroffenen Nachkommen, darunter ein Vollgeschwisterpaar. Dieses Material wurde für die genomweite Kartierung mit 199 genetischen Markern eingesetzt. Die genetischen Marker wurden der LfL vom Forschungsinstitut für die Biologie landwirtschaftlicher Nutztiere in Dummerstorf (PD Dr. Kühn) zur Verfügung gestellt. Hierbei wurden insgesamt drei Regionen entdeckt, die einen positiven LOD-Score ergaben. Die Differenzierung zwischen den Regionen war relativ schwach, was aber auf Grund der Struktur des Materials (nur 2 Vollgeschwister) nicht anders zu erwarten war. Darüber hinaus verblieben einige Regionen, in denen die Markerdichte noch nicht befriedigend hoch war.

**Set 2** ist seit Juli verfügbar und umfasst 23 weitere betroffene Nachkommen. Es wurde verwendet, um die interessanten Regionen aus der Analyse von Set 1 näher zu untersuchen. Hierbei ergab sich für eine chromosomale Region ein LOD von über 6, für die beiden anderen Regionen LODs von unter 2. Dies ist ein sehr starker Hinweis, aber noch kein endgültiger Ausschluss der beiden anderen Regionen.

Innerhalb der ROMEL Familie ergibt sich ein sehr einheitliches Bild. Alle Nachkommen passen auf die von uns als Anlageträger angesehene Markerkombination. Allerdings müssen wir hier einschränken, dass die Ergebnisse des Anpaarungsversuchs nicht richtig in das Bild passen. Im Rahmen dieses Versuches, bei dem per ET eine Kuh mehrfach mit ROMEL und NAAB gespült wurde, sind inzwischen 12 Nachkommen durch Schlachtung im fünften bzw. siebten Trächtigkeitsmonat gewonnen worden. Diese waren phänotypisch allesamt nicht eindeutig als Merkmalsträger zu identifizieren. Einer dieser Nachkommen wies jedoch leichte Symptome (Hechtkopf) auf und zeigte den Genotyp, der der Merkmalsträgerschaft entspricht. Dieser Widerspruch muss noch näher untersucht werden.

**Set 3** steht uns seit September 2006 zur Verfügung. Es umfasst weitere 15 betroffene Nachkommen, darunter wiederum ein Zwillingpaar. Die Typisierungen werden im Laufe des Monats März abgeschlossen werden und hoffentlich die bisherigen Ergebnisse noch weiter erhärten.

### 4.2 Ausblick

Die laufenden Arbeiten werden im März 2007 abgeschlossen werden. Wir hoffen, dass sich hinsichtlich der beiden Regionen mit geringen LOD-Scores dann ein eindeutigeres Bild ergibt. Es ist aber durchaus möglich, dass sich auch diese Regionen noch erhärten und der Erbgang nicht so einfach ist, wie bisher angenommen wurde.

Wenn sich die bisherige Hypothese bestätigt, kann der Test Anfang April an die GeneControl GmbH übergeben werden. Diese muss dann noch den Test im eigenen Labor etablieren und es

müssen einige Vergleichsuntersuchungen durchgeführt werden. Damit sollte dann zumindest in der ROMEL Familie eine Diagnose von jungen Stieren möglich sein.

Die Embryotransfers aus bekannten Anlageträgerinnen werden wir auch weiterhin fortführen, um Material für die Feinkartierung und Aufschlüsse über die Penetranz zu gewinnen. Bisher ist es uns aber bei 12 Nachkommen aus ET noch nicht gelungen, einen eindeutig diagnostizierten Merkmalsträger zu gewinnen. Dies gibt Anlass zur Sorge hinsichtlich der Penetranz, ist aber gleichzeitig ein Grund mehr, die Kartierung weiter voranzutreiben.

Außerdem kooperieren wir mit der Universität Bern hinsichtlich der Kartierung der Spinnengliedrigkeit beim Braunvieh.

## 5. Literatur

- Brem, G., Wanke, R., Hondele, J., and Dahme, E.: Zum Auftreten des Arachnomelie-Syndroms in der Brown-Swiss x Braunvieh Population Bayerns. [Occurrence of the arachnomelia syndrome in Bavarian Brown-Swiss x Braunvieh breed population in Bavaria]. *Berl Munch Tierarztl Wochenschr* 97: 393-7, 1984
- Förster, M., Wittkowski, G., Zierer, E., Götz, K.-U., Buitkamp, J., Swalve, H.-H., Distl, O., Kühn, C., Medjugorac, I.: PaGeMoRi - hereditary defect monitoring in cattle. Forschungsantrag.
- König, H., Galliard, C., Chavaz, J., Hunziker, F., and Tontis, A.: Prüfung von Schweizer Braunviehbullen auf das vererbte Syndrom der Arachnomelie und Arthrogyrose (SAA) durch Untersuchung der Nachkommen im Fetalstadium. *Tierärztliche Umschau* 42: 692-697, 1987
- Rieck, G. W. and Schade, W.: Die Arachnomelie (Spinnengliedrigkeit), ein neues erbliches letales Mißbildungssyndrom des Rindes. *Dtsch Tierarztl Wochenschr* 82: 342-7, 1975
- Schneeberger, M. and Stricker, C.: Züchterische Aspekte der Spinnengliedrigkeit. *KB-Mitteilungen, Schweiz* 3, 1985
- Testoni, S. and Gentile, A.: Arachnomelia in four Italian brown calves. *Vet Rec* 155: 372, 2004
- ZAR: Erbfehler und Erbhigiene beim Rind. Tagungsband, 2003

# Brauchen wir alternative Zuchtprogramme?

Hermann H. Swalve

## 1. Einleitung

Zuchtprogramme können als praktische Realisierungen von Zuchtplänen verstanden werden. Die Entwicklung und der Betrieb eines Zuchtprogramms zerfallen dabei in einen theoretischen und einen praktischen Teil. Zum theoretischen Teil gehören die Zuchtzieldefinition, die Schätzung genetischer Parameter, die Auswahl der Merkmale und die Vorausschätzung des genetischen Fortschritts. Der praktische Teil umfasst vornehmlich die Durchführung der Leistungsprüfung und Zuchtwertschätzung, die Selektion und die Zuchtorganisation.

Die wesentlichen Zuchtzielmerkmale der Milchrinderzucht sind heute Milchleistung und funktionale Nutzungsdauer, wobei eine leicht negative Beziehung zwischen diesen beiden Komplexen konstatiert werden muss. In Zuchtprogrammen für Zweinutzungsrinder kommt die Fleischleistung hinzu. Das Hauptmerkmal „Milchleistung“ ist geschlechtsgebunden, weshalb die Nachkommenprüfung dominiert. Die Leistungsprüfung, zumindest für das Hauptmerkmal Milchleistung, ist gut standardisiert. Konventionell sind Zuchtprogramme beim Milch- und Zweinutzungsrind deshalb „an die Fläche“ gebunden, d.h. die Zuchtaktivitäten finden in der ganzen Population statt bzw. in dem Teil der Population, welcher auch Daten liefert.

Alternativen zum konventionellen Zuchtprogramm sind vielfältig beschrieben worden und sollen nachfolgend erörtert werden. Aus heutiger Sicht sind insbesondere folgende Punkte bedeutsam, die für eine grundsätzliche Abkehr vom konventionellen Zuchtprogramm sprechen:

- Nötige Reorganisation der Leistungsprüfung durch erhöhte Kosten bzw. Wegfall von staatlicher Unterstützung für die Leistungsprüfung; Optimierung der Leistungsprüfung hinsichtlich der Nutzung höchstmöglicher genetischer Varianz
- Neuformulierung der Zuchtziele im Sinne der Nachhaltigkeit, auch ausgelöst durch gesellschaftliche Ansprüche
- Neuartige Indexmerkmale (diejenigen Merkmale, für die zur Schätzung der Zuchtzielmerkmale Daten erhoben werden) verlangen u.U. gleichfalls eine Reorganisation der Leistungsprüfung
- Die Anwendung von neuen Biotechnologien und/oder die Umsetzung neuer Erkenntnisse der Molekulargenetik erfordert möglicherweise andere Prüfverfahren und eine andere Organisation der Züchtungsaktivitäten

## 2. Formen von Reinzuchtprogrammen beim Milch- und Zweinutzungsrind

### 2.1 Das konventionelle Zuchtprogramm

Gemäß der Theorie der quantitativen Genetik kann der Selektionserfolg bzw. genetische Fortschritt über die Gleichungen

$$\Delta G = i \ h^2 \ \sigma_p$$

bzw.

$$\Delta G = i \ r_{TI} \ \sigma_A$$

vorausgeschätzt werden, wobei  $\Delta G$  den genetischen Fortschritt,  $i$  das standardisierte Selektionsdifferential,  $h^2$  die Heritabilität,  $r_{TI}$  die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung und  $\sigma_P$  bzw.  $\sigma_A$  die phänotypische bzw. genetische Standardabweichung bezeichnen. Das standardisierte Selektionsdifferential (bzw. Selektionsintensität) leitet sich direkt von der Remontierungsrate ab, wobei die entsprechenden Werte von  $i$  gemäß der Gauss'schen Normalverteilung für verschiedene Remontierungsraten (Anteile selektierter Tiere) ermittelt werden. In der Milchrinderzucht stellte sich schon sehr früh das Problem, dass eine einzige Remontierungsrate eben nicht existiert. Gerade unter Bedingungen der flächendeckenden Künstlichen Besamung werden beispielsweise bei der Selektion der Bullen nur sehr kleine Remontierungsraten (sehr hohe Selektionsintensitäten) und bei der Selektion von Kühen vergleichsweise hohe Remontierungsraten verwendet. Es ist der Verdienst von Rendel und Robertson (1950), ein Modell entwickelt zu haben, welches den tatsächlichen Selektionsverhältnissen in der Milchrinderzucht gerecht wird und später auch auf andere Tierarten übertragen werden konnte. Rendel und Robertson unterscheiden vier Selektionspfade, die am Beispiel des Milchrindes wie folgt erläutert werden können:

#### *Selektion der Bullenväter (BV)*

Hierbei handelt es sich um sehr wenige, also sehr scharf selektierte Elitebullen zur Anpaarung an die Bullenmütter.

#### *Selektion der Kuhväter (KV)*

In heutigen Zuchtprogrammen sind dies alle Bullen, die eine Nachkommenprüfung mit Erfolg (positiver Zuchtwert) abgeschlossen haben, also in den Katalogen der Besamungsstationen auftauchen und von den Landwirten nachgefragt werden können.

#### *Selektion der Bullenmütter (BM)*

Bullenmütter werden heute per elektronischer Vorauswahl (Durchsicht der Daten der ganzen Population) vorselektiert und nach einer erfolgreichen Besichtigung endgültig für eine Anpaarung an die Bullenväter unter Vertrag genommen.

#### *Selektion der Kuhmütter (KM)*

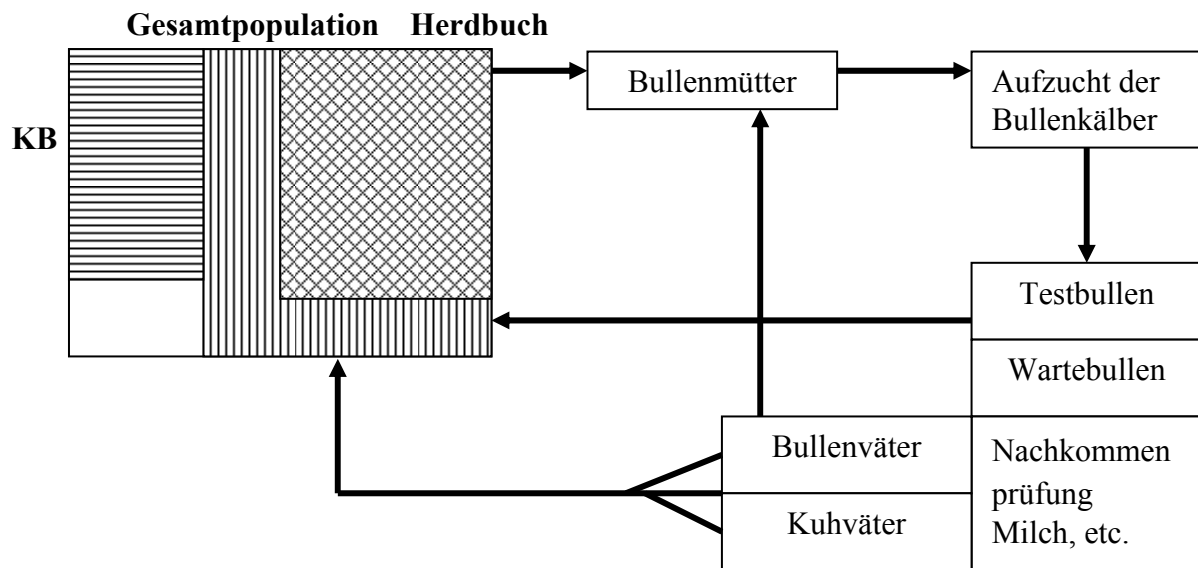
Hierbei handelt es sich grundsätzlich um alle Kühe eines Milchviehbetriebes, die auch weibliche Nachzucht für den Betrieb produzieren. Je nach Bedarf der betrieblichen Remontierung kann u. U. noch etwas selektiert werden, meist liegt die Selektionsintensität auf diesem Pfad jedoch auf einem sehr niedrigen Niveau.

Nach Rendel und Robertson ist der genetische Fortschritt je Jahr für die Gesamtpopulation dann nach folgender Formel zu ermitteln:

$$\Delta G = \frac{\Delta G_{BV} + \Delta G_{KV} + \Delta G_{BM} + \Delta G_{KM}}{L_{BV} + L_{KV} + L_{BM} + L_{KM}}$$

Obschon in neuerer Zeit auch differenziertere Methoden zur Vorausschätzung des genetischen Fortschritts entwickelt wurden, so lässt die Methode nach Rendel und Robertson immer noch eine einfache und approximative Vorausschätzung mit hinreichender Sicherheit zu. Weitere Orientierungsgrößen für Zuchtprogramme sind daneben der mit Geld bewertete (und diskontierte) Zuchtfortschritt bzw. der Nettoselektionserfolg unter Berücksichtigung der Kosten des Zuchtprogramms. Hinzugekommen ist mit der fortschreitenden Aufhebung der Regionalisierung der Zuchtarbeit bzw. mit ihrer Internationalisierung die simple Frage, wie man als Zuchtunternehmen im Markt bleibt. Eine herausragende Bestimmungsgröße ist dabei der Umfang des Zuchtprogramms. Dies gilt nicht nur für die Populationsgröße, die, wie schon

Langholz (1973) zeigen konnte, einen wesentlichen Einfluss auf das Zuchtprogramm hat, sondern insbesondere auch für die Zahl der je Jahr über die künstliche Besamung vermarktbar Vatertiere (Dekkers et al., 1996).



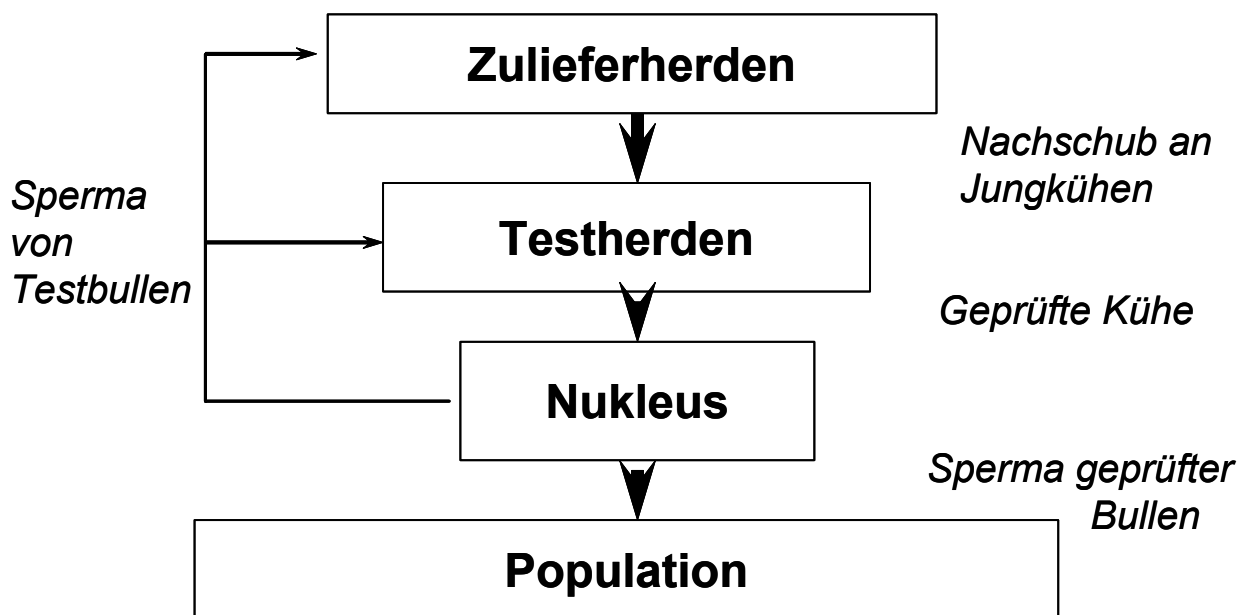
**Abb. 1: Das konventionelle Besamungszuchtprogramm**

Abb. 1 zeigt das Schema eines konventionellen Besamungszuchtprogramms. Bullenmütter werden aus der Herdbuchpopulation selektiert und mit Elitebullen angepaart, um die Bullen der nächsten Generation zu erzeugen. Diese werden nach der Aufzucht als Testbullen eingesetzt. Die Töchter aus diesem Testeinsatz stehen zur Nachkommenprüfung der Testbullen zur Verfügung. Hauptsächlich aus der Information zu ihren Leistungen werden Zuchtwerte für die Testbullen geschätzt, die in der Zwischenzeit als Wartebullen gehalten wurden. Nach erfolgter Zuchtwertschätzung kann unter den Wartebullen selektiert werden: Kuhväter gehen in den breiten Einsatz, Eliteväter werden Bullenväter und der größte Teil der Wartebullen wird gemerzt.

## 2.2 MOET-Programme

Nicholas und Smith (1983) konnten zeigen, dass herkömmliche Programme Reserven insbesondere hinsichtlich des Generationsintervalls haben. Wesentliche Merkmale des von Nicholas und Smith vorgeschlagenen Zuchtprogramms sind dabei, dass Kühe als Mütter von Bullen der nächsten Generation sehr früh ausgewählt werden, wobei ihre Zuchtwerte dann allerdings auch vornehmlich aus ihrer Abstammung heraus geschätzt werden müssen. Die Sicherheit der Leistungserfassung wollte man damit verbessern, dass nicht mehr in einer großen Population, sondern lediglich innerhalb eines Nukleus gezüchtet wird. Der Nukleus ist dabei im Extremfall nur eine einzige (große) Herde, in der dann natürlich die Leistungserfassung sehr genau betrieben werden kann. Hauptproblem solcher Zuchtprogramme ist die schmale Basis, die zur Selektion noch verbleibt. Diesem Problem versuchte man damit zu begegnen, dass mit jeder Kuh in einem solchen Programm auch Embryo-Transfer durchgeführt und somit die Zahl ihrer Nachkommen erhöht wird. Dies gab derartigen Zuchtprogrammen auch den Namen MOET (Multiple Ovulation und Embryo-Transfer). International gab es nur wenige Versuche, derartige Zuchtprogramme ("Echte" MOET-Programme) tatsächlich in die Praxis umzusetzen, und mittlerweile sind auch alle Versuche gescheitert. Der Hauptgrund dafür ist, dass die Auswahl aus einer großen Population durch ein auch noch so intensiv betriebenes Nukleus-Programm nicht zu übertreffen ist. Eine sehr große Population bietet eben immer die Möglichkeit, genetisch extrem

positiv auffallende Tiere aus Tausenden von Tieren auszuwählen, also mit hoher Intensität der Selektion zu arbeiten. Durch die Diskussion um MOET-Zuchtprogramme sind jedoch eine Reihe von Denkanstößen als Intensivierungen herkömmlicher Besamungszuchtprogramme in die Praxis umgesetzt worden.



**Abb. 2: Nukleuszuchtprogramm nach Hinks (1978)**

Die eigentliche Herkunft der Nukleuszuchtprogramme sind Zuchtprogramme, die für die Zucht in Ländern und Regionen mit schwieriger Infrastruktur erarbeitet wurden. Die Beschränkung auf einen Nukleus ergibt sich dabei als Konsequenz aus logistischen Problemen. Ein derartiges Zuchtprogramm zeigt Abb. 2 (n. Hinks, 1978). Der Nukleus wird hier bewusst offen gehalten. Ein weiteres Merkmal des Zuchtprogramms in Abb. 2 ist die Verwendung von Testherden, in denen sowohl der Testeinsatz der Jungbullen erfolgt, als auch Jungkühe zur Verstärkung des Nukleus selektiert werden können.

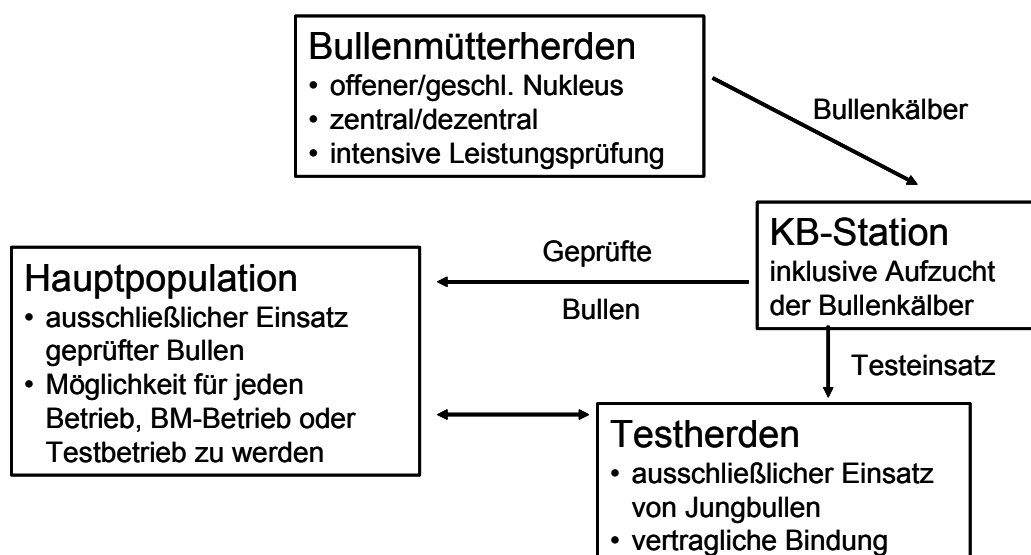
Ganz allgemein hat eine Nukleuszucht den Hauptvorteil, dass im Gegensatz zu Feldprogrammen durch eine straffe Organisation ein hoher Zuchterfolg erzielt werden kann. Auch sind bio- und gentechnologische Maßnahmen einfacher durchführbar. Die Nachteile einer Nukleuszucht sind vornehmlich das hohe Hygienerisiko, die begrenzte Selektionsintensität (verglichen mit einer Selektion im Feld) und Inzuchtprobleme. Die letzten beiden Nachteile zwingen dazu, den Nukleus so groß wie irgend möglich zu halten, u.U. eben auch offen und/oder zumindest teilweise dezentralisiert.

Heutige Zuchtprogramme beim Milchrind sind dabei, sich in diese Form zu entwickeln bzw. haben diese Form schon erreicht. Eine wichtige Veränderung der Strategie der Bullenmütterauswahl ist die zunehmende Auswahl sehr junger Kühe. Dabei wird auch der Embryo-Transfer bei Jungrindern im Alter von ca. 15 Monaten eingesetzt. Diese Maßnahme verkürzt das Generationsintervall ganz erheblich. Eine weitere Kernforderung der Original-MOET-Nukleus-Zuchtprogramme ist die Prüfung der Kühe (potentielle Bullenmütter) unter kontrollierten Bedingungen. In Deutschland gibt es beim Holstein-Rind bisher drei Beispiele hierfür: Das Zuchtprogramm der Osnabrücker-Herdbuchgesellschaft (OHG, Bullenmütterprüfung auf Station seit 1988, Prüfung in 2. Laktation, seit einigen Jahren auch in erster Laktation), das Programm der Nord-Ost-Genetic (NOG, Prüfung in erster Laktation) und dasjenige des Sächsischen Rinderzuchtverbandes (SRV, Prüfung in erster Laktation).

## 2.3 Testherdenprogramme

Neben den Fragen der Optimierung der Generationsintervalle auf allen vier Pfaden der Selektion und der speziellen Problematik der Bullenmütterauswahl im Feld, welche durch die o.a. erörterten Intensivierungen herkömmlicher Zuchtprogramme angegangen werden, ist gerade auch das Kernkennzeichen herkömmlicher Programme, die Prüfung der Nachkommenschaften im Feld, in jüngster Zeit mit zunehmenden Problemen behaftet. Diese liegen zunächst darin, dass die Zahl der Kühe von Jahr zu Jahr sinkt, es also zunehmend schwieriger wird, einen Testeinsatz der Jungbullen zu organisieren. Ein weiteres Problem ist, dass die flächendeckende Leistungsprüfung eben nur die Daten liefern kann, die auch einfach und kostengünstig zu erheben sind, aber der Bedarf besteht, genauere Prüfungen für bestimmte Merkmale durchzuführen. Weitere Probleme sind die Planbarkeit des Testeinsatzes, die Möglichkeit von Sonderbehandlungen und die Sicherheit der Abstammungen. Diese Probleme können weitestgehend ausgeschaltet werden, wenn die Prüfung der Nachkommenschaften ausschließlich in vertraglich gebundenen Herden, den so genannten Testherden stattfindet. Das System ist aus Neuseeland seit langem bekannt, wo in 400 Betrieben ca. 300 Testbullen je Jahr mit durchschnittlich 433 Anpaarungen je Bulle geprüft werden (<http://www.lic.co.nz/>). Als Vorteile ergeben sich:

- Sicherung der Testkapazität in Zeiten rückläufiger Besamungszahlen
- Erhebung von Merkmalen zusätzlich zu denjenigen aus der flächendeckenden MLP
- Verbesserung der Wiederfindungsrate (= Anzahl Töchter in Milch : Anzahl ausgegebener Spermaportionen je Testbulle)
- Effiziente Verteilung der Testbullen nach Versuchsplan
- Schaffung einer Datengrundlage für molekularbiologische Untersuchungen (QTL-Suche) und der Anwendung molekular-gestützter Selektionsmethoden
- Vereinfachte Logistik der Besichtigung von Nachkommengruppen (innerhalb der Zuchtorganisation; als Marketingaspekt hinsichtlich der Führung von Besuchern)



**Abb. 3: Testherden-Zuchtprogramm nach Swalve (1989)**

In Abb. 3 (Swalve, 1989) werden die Vorschläge von Hinks (1978) und Nicholas und Smith (1983) aufgegriffen. Der Nukleus ist wahlweise offen oder geschlossen und wird in Anlehnung an das konventionelle Zuchtprogramm als Pool von Bullenmütterherden verstanden. Hier kann auch eine intensivere Leistungsprüfung stattfinden. Jungbullen werden ausschließlich in

speziellen, vertraglich gebundenen Testherden eingesetzt. In der Hauptpopulation erfolgt ausschließlich der Einsatz von Spermia geprüfter Bullen.

## 2.4 Die Synthese

In Abb. 4 sind die bisher geschilderten Gedanken zur Intensivierung von Zuchtprogrammen der Milchrinderzucht in einem Schema zusammengefasst. Ergänzend zu dem bisher Gesagten ist auch die Nutzung der Markergestützten Selektion (MAS) integriert. Eine Erweiterung zur Gengestützten Selektion (GAS) verlangt keine Änderung des Schemas.

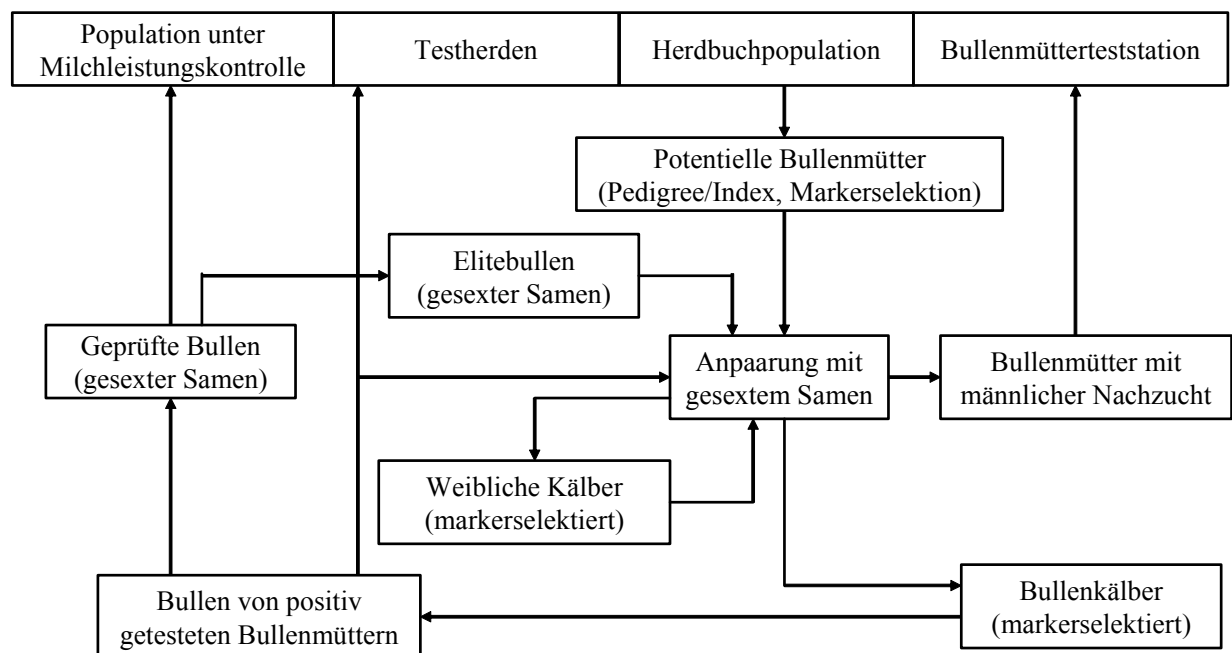


Abb. 4: Modernes Zuchtprogramm beim Milchrind

## 3. Reorganisation der Leistungsprüfung

Traditionell diente die Leistungsprüfung vornehmlich zwei Zielen: Hilfestellung zum Management auf einzelbetrieblicher Ebene und Nutzung für züchterische Auswertungen. Hinsichtlich des ersten Ziels ist anzumerken, dass bedingt durch technische Entwicklungen eine zentrale Hilfestellung zum Management für den Einzelbetrieb immer mehr entbehrlich wird, da die automatische Erfassung der Milchmenge, PC-gestützte Herdenmanagementprogramme sowie weitere in Kürze zur Verfügung stehende Technologien (Bestimmung von Zellzahlen und Milchinhaltsstoffen im Durchfluss während des Melkens) eine immer größer werdende Autarkie des Milchkuh haltenden Betriebes fördern. Dies wird zu Austritten der landwirtschaftlichen Betriebe aus der Milchleistungsprüfung führen und ist in Deutschland schon zu beobachten. Gleichzeitig, auch betrieben durch die Agrarpolitik der Europäischen Union, wird es für Mitgliedsstaaten immer schwieriger, Leistungsprüfungen staatlich zu fördern. Mittelfristig ist die flächendeckende Leistungsprüfung also bedroht.

Hinzu kommt, dass eine eigentlich sehr alte Erkenntnis hinsichtlich praktischer Zuchtarbeit beim Rind bislang kaum beachtet wurde: Die zu beobachtende und nutzbare genetische Variation, das eigentliche „Handwerkszeug“ des Züchters, ist in großen Herden und insbesondere in Herden mit höherem Leistungsniveau höher als in anderen Herden. Neuere Ergebnisse aus der eigenen Arbeit (Brügemann und Swalve, 2006, unveröffentlicht) haben dies wiederum bestätigt und



schon dazu geführt, dass einige Verbände der deutschen Holsteinzucht mittlerweile entweder Testherdenprogramme aufgelegt haben oder die Testprogramme für die Nachkommenprüfung so verändert haben, dass kleine und/oder niedricleistende Betriebe zukünftig nicht mehr mit Sperma von Testbullen beliefert werden.

## **4. Zuchtziele und Zuchtprogramme im Sinne der Nachhaltigkeit**

### **4.1 Erhaltung genetischer Ressourcen**

Die Erhaltung genetischer Ressourcen und damit auch die Erhaltung kleiner Rassen bzw. Populationen, welche genetisch von anderen Rassen deutlich unterscheidbar sind, muss ein erklärtes Ziel der Rinderzucht sein. Grundsätzlich ändert dieses Ziel aber wenig an den zu verwendenden Methoden innerhalb des schon aufgezeigten Spektrums der Rinderzuchtprogramme. Die Gewichte für die Betonung spezieller Selektionspfade sind allerdings u.U. gegenüber großen Populationen deutlich verschoben. Ein Beispiel hierfür sind die Vorschläge zur Weiterentwicklung der Pinzgauer-Population in Österreich, der Slowakei und Rumänien. Kasarda et al. (2004) stellten in einer deterministischen Simulation fest, dass ein optimales Programm für die Rasse Pinzgauer MOET-Elemente (d.h. Embryo-Transfer bei den Bullenmüttern) und einen sehr hohen Anteil der durch Jungbullen zu besamenden Population (70 %) haben sollte.

### **4.2 Genetische Variation innerhalb von Populationen**

In verschiedenen Rinderrassen sind mittlerweile Inzuchtkoeffizienten von 4 bis 7 % erreicht (für die Milchrinderrassen der USA z.B. angegeben unter <http://aipl.arsusda.gov/>), teilweise bei Steigerungsraten von über 1 % je Generation (Simianer und König, 2003). In der Holstein-Rasse beträgt der mittlere Verwandtschaftskoeffizient einzelner Bullen mit dem Durchschnitt der aktuellen Population bis zu 12 % (Swalve et al., 2003). Derartig hohe Verwandtschaftskoeffizienten lassen noch einen weiteren rasanten Anstieg der Inzucht befürchten. Ein hoher Inzuchtgrad in der Population – wobei umstritten ist, was eigentlich „hoch“ ist – ist aus drei Gründen unerwünscht:

- Vermehrtes Auftreten von Inzuchtdepression
- Vermehrtes Auftreten von Homozygotie bei rezessiven Gendefekten
- Einschränkung der nutzbaren genetischen Varianz

Während die publizierten Schätzwerte für Inzuchtdepression durchweg relativ geringe Effekte je Prozent Inzuchtsteigerung aufweisen und man auch argumentieren kann, dass das Problem der Gendefekte durch ein verbessertes Monitoring in den Griff zu bekommen wäre, ist der Effekt der Einschränkung der nutzbaren genetischen Varianz zwar jeweils aktuell kaum spürbar, jedoch ist es derjenige Effekt mit den größten Auswirkungen im Sinne der Nachhaltigkeit. Ein Gegensteuern kann insbesondere mit Hilfe der Optimum-Genetic-Contribution-Theorie (Wooliams und Meuwissen, 1993; Meuwissen, 1997) erfolgen, indem die Beiträge schon stark mit der Population verwandter Bullen limitiert werden. Der Zuchtfortschritt wird dann bei vorgegebener durchschnittlicher Verwandtschaft der selektierten Tiere maximiert.

## 5. Leistungsprüfung für neue Merkmale

Die vergangenen 10 Jahre haben gezeigt, dass hinsichtlich der Merkmale im Zuchtziel, aber auch insbesondere hinsichtlich der informationsliefernden Merkmale (Indexmerkmale) in Zuchtprogrammen für Milch- und Zweinutzungsrinder ein Umschwenken eingesetzt hat. Zunehmend wird die Gesundheit und Funktionalität des Rindes betont. In einer ersten Phase wurden dabei in den Zuchtzielen z.B. die Gewichte für Eutergesundheit und Nutzungsdauer erhöht. Beide Merkmale sind allerdings Beispiele dafür, dass häufig nur indirekte Messungen vorliegen. Bei der Eutergesundheit sind dies der Gehalt an somatischen Zellen, bei der Nutzungsdauer besteht das Problem, dass trotz grundsätzlich tauglicher mathematischer Verfahren (Überlebensanalyse) die Zuchtwerte für einen Jungbullen mit erst wenigen Töchtern in Milch nur sehr ungenau geschätzt werden können, so dass häufig zusätzliche Hilfsmerkmale in die Schätzung eingebunden werden müssen. In einer nächsten Phase werden derzeit Erfassungssysteme für Gesundheit bzw. für Erkrankungen etabliert. Dies wird zu wesentlich besseren Möglichkeiten der Zuchtwertschätzung führen. In einer dritten Phase wird es aber darum gehen, diese Erfassungssysteme so weiter zu entwickeln, dass Merkmale erhoben werden, die sich noch enger an den physiologischen Zusammenhängen im Organismus der Kuh orientieren. Hierzu seien beispielhaft nur einige Merkmale bzw. Parameter genannt, die mehr Information liefern könnten, als es die reine Dokumentation von Krankheitstagen vermag:

- Stoffwechsel: Messung der Futteraufnahme, der Energiebilanz, der Energieeffizienz
- Eutergesundheit: Erregerspezifische Beprobung nach festem Intervallschema
- Reproduktion: Überwachung des hormonellen Zyklus bis zur Besamung und auch nach der Besamung (Einsetzen der Zyklusaktivität nach der Kalbung, Check auf embryonale Frühsterblichkeit)
- Exterieur: Weitestgehend standardisierte Klassifizierung (auch in der Bewegung)

Es ist offenbar, dass einige dieser Vorschläge heute noch als Utopie erscheinen mögen bzw. sehr hohe Kosten verursachen würden. Technische Fortschritte, die sich auf allen genannten Gebieten schon abzeichnen, werden aber helfen, diese Kosten zu senken, so dass über derartige Weiterentwicklungen nachgedacht werden sollte und erste Pilotversuche gefahren werden sollten.

Anknüpfend an das Gesagte aus dem Abschnitt „Formen von Reinzuchtprogrammen“ ist weiter offenkundig, dass Systeme zur Erfassung derartiger neuer Merkmale nur in Testherdenprogrammen implementiert werden können.

## 6. Biotechnologie und Molekulargenetik

### 6.1 Fortschritte in der Biotechnologie

Auf dem Gebiet der Biotechnologie in der Tierzucht wurden in den vergangenen 50 Jahren große Fortschritte erzielt. Zunächst war es die Künstliche Besamung, die eine enorm gesteigerte Vermehrungsrate der männlichen Tiere ermöglichte. Züchterisch konnten darauf die Besamungszuchtprogramme aufgebaut werden. In den Achtziger Jahren folgte beim Rind der Embryo-Transfer, der auch für weibliche Tiere eine – gegenüber den männlichen Tieren allerdings begrenzte – Steigerung der Vermehrungsrate ermöglichte. Aus der Sicht der Zuchtplanung ließ sich diese Steigerung der Reproduktionsrate der Kühe insbesondere bei der Auswahl von Bullenmüttern nutzen. Durch den Embryo-Transfer kann im Mittel sichergestellt werden, dass

überhaupt ein männliches Kalb geboren wird. Falls der Embryo-Transfer besonders erfolgreich ist, so kann eine Kuh u.U. vielfache Bullenmutter sein.

Leider ließen sich die Erfolgsraten für den Embryo-Transfer gegenüber denen, die schon in den Achtziger Jahren erzielt wurden, aus züchterischer Sicht nicht sehr deutlich steigern wie auch Berichte aus intensiven Zuchtprogrammen aus Neuseeland zeigen (Spelman, 2002). Dies ist ein weiterer Grund dafür, dass Zuchtprogramme, die dem Embryo-Transfer innerhalb eines geschlossenen Nukleus (Nicholas und Smith, 1983) eine zentrale Bedeutung zumessen, bisher nicht erfolgreich waren. Moderne Zuchtprogramme, die offen angelegt sind, verwenden den Embryo-Transfer eher im Sinne der oben schon dargelegten „Sicherstellung“ eines gewünschten männlichen Kalbes.

Aufbauend auf der Technik des Embryo-Transfers wurden recht bald auch die Techniken des Splitting und des Sexing von Embryonen entwickelt und können heute von Routine-ET-Teams gehandhabt werden. Der heutige Stand des Embryo-Transfers (Seidel und Elsden, 1997) beinhaltet darüber hinaus die Gewinnung unbefruchteter Eizellen aus dem Ovar, deren in-vitro Reifung und in-vitro Befruchtung.

Die Sortierung des Spermas in Samenzellen, die männliche oder weibliche Nachkommen bedingen, ist eine Technologie, die sich heute an der Schwelle zur Praxisreife befindet. Mittlerweile bieten international zwei Besamungsstationen gesextes Sperma an. Allerdings behindern eine verminderte Befruchtungsfähigkeit des Spermas sowie hohe Kosten für sowohl den abnehmenden Betrieb als auch die produzierende Besamungsstation noch die Ausbreitung dieser Technologie. Grundsätzlich sind die Auswirkungen des Sperma-Sexing auf den züchterischen Fortschritt gering, wie schon Van Vleck (1981) und kürzlich auch Abdel-Azim und Schnell (2007) feststellten, die initiale Auswirkung auf die kommerzielle Population ist jedoch während der ersten Dekade nach der Einführung der Technologie sehr hoch. Gesextes Sperma führt auch nicht zu einer grundsätzlichen Neuausrichtung der Zuchtprogramme.

Schon frühzeitig gab es Bestrebungen, aus der Technik der Embryomanipulation auch die Technik der Klonierung zu entwickeln. Es wurde dabei vermutet, dass die Technik des Splitting nahezu unbegrenzt wiederholbar sein könne und damit Klone geschaffen werden könnten. Diese Vermutung hat sich nicht bestätigt, es konnten jeweils nur wenige identische Individuen erstellt werden. Doch zunächst sollen einige Definitionen gegeben werden. Ein Klon ist eine Anzahl identischer Individuen, die einzelnen Individuen sind Mitglieder des Klons. Embryonales Klonen ist eine Klonierung auf der Basis embryonaler Zellen (im ursprünglichen Ansatz: der ganze Embryo), heute werden vornehmlich embryonale Stammzellen verwendet, die als permanente Zelllinien im Labor kultiviert werden können. Adultes Klonen meint dem gegenüber, dass aus entwickelten somatischen Zellen kloniert werden kann. Ein Beispiel ist die erste erfolgreiche Klonierung aus Euterzellen beim Schaf (Wilmot et al., 1997), die schon 1998 in Deutschland beim Rind ihre Nachfolge fand (Brem, 2001).

Schon lange bevor die ersten Erfolgsmeldungen zur Klonierung bekannt wurden, hat sich die Tierzuchtwissenschaft mit den theoretischen Möglichkeiten für Zuchtprogramme befasst, als Beispiele seien die Arbeiten von Van Vleck (1981), Wooliams und Wilmot (1989) und Teeperker und Smith (1989) genannt.

Bei der Herstellung identischer Kopien eines Tieres kann die ganz spezielle, individuelle genetische Veranlagung eines Tieres voll genutzt werden, der ganze Genotyp wird vermehrt. Damit wird im Gegensatz zur sexuellen Fortpflanzung nicht nur die Hälfte der Gene weitergegeben und außerdem können spezielle Passereffekte, die sich im Ausgangsindividuum

zeigt haben, wiederholt genutzt werden. Klonmitglieder sind aber dennoch nicht vollständig identisch, da aufgrund zytoplasmatischer Effekte Unterschiede bestehen bleiben.

Klonen ist eigentlich kein züchterisches Mittel, da es Uniformität schafft, zur Züchtung jedoch Variation benötigt wird. Klonen ist deshalb eher ein Vermarktungsinstrument. Es gibt allerdings auch begrenzte züchterische Anwendungen:

- Erhöhung der Spermaausbeute bei Spitzenbullen
- Erhöhung der Sicherheit der Zuchtwertschätzung
- Einfache Erhaltung genetischer Ressourcen
- Schnelle Vermehrung transgener Tiere

Die erste Anwendung setzt entweder das adulte Klonieren voraus oder nimmt an, dass der Bulle selbst schon Produkt eines auch als Zelllinie noch vorhandenen Embryos ist. Ein „Reservezwilling“ kann so bei Bedarf eingesetzt werden. Dies kann auch dann Bedeutung haben, wenn der betrachtete Spitzenbulle selbst aufgrund von Veterinärbedingungen nicht überall vermarktet werden darf. Der „Reservezwilling“ kann dann als „saubere“ Variante unbeschränkt vermarktet werden.

Die zweite Anwendung ist dann interessant, wenn es auf die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung weiblicher und männlicher Tiere besonders ankommt, dies ist z.B. in Nukleuszuchtprogrammen der Fall (Colleau, 1992). Je nach Optimierung der zur Verfügung stehenden Testkapazität kann die Sicherheit der Zuchtwertschätzung durch die Prüfung identischer Klonmitglieder bis an 100% gebracht werden.

Die Klonierung als Maßnahme zur Erhöhung der Genauigkeit der Zuchtwertschätzung kommt auch in den sog. Klonzuchtprogrammen zur Anwendung. In derartigen Programmen müssen zwei Ziele verfolgt werden: Einerseits soll genetische Variation erhalten bleiben, um auch weiterhin Zuchtfortschritt erzielen zu können (hierbei kann der Effekt der Steigerung der Genauigkeit der Zuchtwertschätzung u.U. genutzt werden), andererseits müssen jedoch Klone vor dem breiten Verkauf in die Population getestet werden. Bei begrenzter Testkapazität konkurrieren damit die Ziele der Sicherstellung weiteren Zuchtfortschrittes und des nötigen Testens von Klonen (Teepker und Smith, 1989; de Boer und Van Arendonk, 1991; de Boer et al., 1994). Aus genetischer Sicht ist es offensichtlich, dass bei der optimalen Lösung dieses Zielkonfliktes die Frage der Bedeutung nicht-additiver Geneffekte entscheidend ist. Beispielsweise ist es bei niedriger bis mittlerer Heritabilität aber hoher Intra-Klon-Korrelation (hervorgerufen durch starke nicht-additive Geneffekte) wichtig, möglichst viele Klone mit nur wenigen Mitgliedern je Klon zu testen. Das Testen von nur wenigen Klonmitgliedern je Klon erlaubt dann aber auch nur eine sehr begrenzte Steigerung der Genauigkeit der Schätzung des additiv-genetischen Wertes und wirkt somit nachteilig auf den erzielbaren Zuchtfortschritt bei der Weiterentwicklung des Nukleus.

Die vorhandene Testkapazität ist also eine entscheidende Bestimmungsgröße in einem Klonzuchtprogramm. Dabei stellt sich die Frage, ob diese Testkapazität unbedingt zentral bereitgestellt werden muss, oder ob das Testen auch dezentral organisiert werden kann. In letzterem Fall ist wiederum ein Testherdenprogramm die eigentliche einzige Lösung, da bei einer tatsächlichen Praxisreife der Klonierung die breite Population im Feld nicht mehr zur Verfügung steht.

## 6.2 Fortschritte in der Molekulargenetik

Die Bedeutung der in den letzten Jahren erzielten Fortschritte in der Molekularbiologie liegt für die Tierzucht vornehmlich auf den Gebieten der Identifikation von Defektgenen und anderen mendelnden Genen sowie der Identifikation von QTL (quantitative trait loci) bei Merkmalen, die von vielen Genen bestimmt werden.

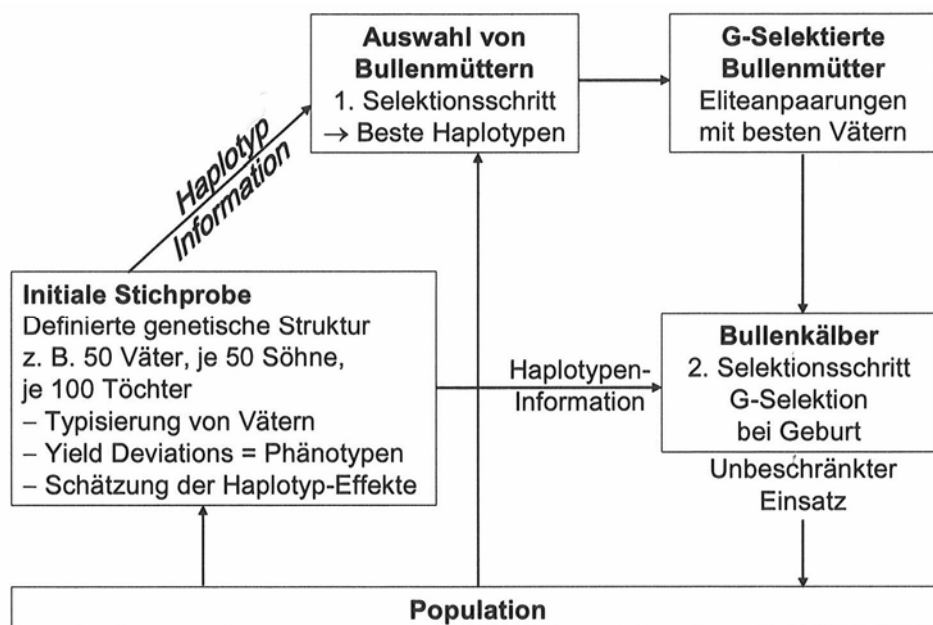
Als Defektgene werden diejenigen Allele an einem Genort bezeichnet, die einen nachteiligen (oder sogar letalen) Effekt auf die Gesundheit und/oder das Leistungsvermögen von Tieren haben. Üblicherweise wird angenommen, dass solche Allele durch Mutation entstanden sind. Häufig handelt es sich um rezessive Allele, so dass nur für das Allel homozygote Tiere betroffen sind. Ein Beispiel hierfür ist das CVM Gen.

Es ist postuliert worden, dass eigentlich bei allen quantitativen Merkmalen QTL mit meßbarem Effekt zu vermuten seien. Dagegen wurde häufig eingewandt, dass bei züchterisch schon lange bearbeiteten Merkmalen und Populationen alle erwünschten Gene längst fixiert seien. Dies kann für sehr drastische Effekte in der Größenordnung der erwähnten historischen Beispiele auch wohl vermutet werden, für QTL mit kleineren Effekten (Differenz zwischen den Homozygoten  $< 0.25\sigma_p$ ) gilt dies jedoch nicht, insbesondere dann nicht, wenn als vornehmliche Selektionsmethode die Indexselektion benutzt wurde, bei der Verwandteninformationen genutzt werden (Caballero und Santiago, 1998). Insbesondere bei Merkmalen mit höherer Heritabilität können selbst in entwickelten Populationen QTL gefunden werden, wie das Beispiel des DGAT-Gens, welches mit dem beobachteten Polymorphismus zweier Allele den Fettgehalt bzw. die Milchmenge im Wechselspiel beeinflusst (Grisart et al., 2002; Winter et al., 2002), in hervorragender Weise zeigt. Die Effekte beider Allele wirken zwar erhöhend bzw. senkend auf die einzelnen Merkmale (Milchmenge bzw. Fettgehalt), keines der beiden Allele hat jedoch einen Einfluss auf den kombinierten Zuchtwert für die Milchleistung.

Die Beachtung der Information, die direkt identifizierte QTL mit kausaler Bedeutung eines Polymorphismus liefern, in der Selektion, ist hinsichtlich der Zuchtwertschätzung einfach. Hierfür ist auch der Begriff Gengestützte Selektion (GAS) geprägt worden. Gegenüber der Markergestützten Selektion entfällt die sehr kostenintensive, immer neu durchzuführende Überprüfung der Kopplungsphase zwischen putativem QTL und den Markern. Nachdem nun schon seit mindestens einer Dekade intensive Anstrengungen gemacht werden, weitere Gene direkt zu identifizieren, der Erfolg jedoch relativ bescheiden ausfällt, ist zu fragen, ob es je gelingen wird, alle (oder wenigstens die meisten) wichtigen Gene direkt zu identifizieren. Dies wird auch deshalb schwierig sein, da Interaktionen zwischen Genen bzw. Allelvarianten von Genen bisher kaum berücksichtigt wurden und weiter auch noch Interaktionen zwischen Umwelt und Genen beachtet werden müssen, so dass die „Wichtigkeit von Genen“ ein sehr relativer Begriff wird.

Mittlerweile ist die nächste Phase der Umsetzung molekulargenetischer Erkenntnisse / Technologien schon angelaufen: Die Genomische Selektion (genomic selection, genome-wide selection, genome-wide association). Wichtigste Erkenntnis zum Verständnis dieser Technologie ist, dass die Suche nach kausalen Genen hierbei zweitrangig ist. Vielmehr wird das Genom, ermöglicht durch die Array-Technologie („Genchips“) engmaschig über alle Chromosomen hinweg mit identifizierten SNP (single nucleotid polymorphism) belegt (z.B. einige 10.000 je Chip) und die infrage kommenden Tiere werden Tier für Tier und Chip für Chip für alle SNP typisiert. Diese gewaltige Informationsmenge wird dann phänotypischen Daten gegenübergestellt und es werden Haploeffekte geschätzt und letztendlich die optimalen Haplotypen identifiziert, so dass für zukünftige Selektionsschritte völlig auf phänotypische Information verzichtet werden kann.

In der Humangenetik werden derartige Ansätze zwar schon in großem Stil und mit Erfolg zur Identifikation bisher unbekannter QTL eingesetzt (z.B. Sladek et al., 2007), in der Tierzucht ist dies aber nicht zwingend nötig, und, wie schon gesagt, von sekundärer Bedeutung. Von Meuwissen et al. (2001) wurde das Verfahren als Hilfsmittel zur Selektion erstmalig beschrieben und von Schaeffer (2006) liegen bereits Vorschläge zur Implementierung der Genomischen Selektion (G-Selektion) in der Rinderzucht vor. In den Abb. 5 und 6 wurde versucht, diese Vorschläge grafisch darzustellen. Dabei gibt Abb. 5 die initiale Phase des Systems und Abb. 6 die spätere Weiterführung der G-Selektion wieder. In der initialen Phase kommt es darauf an, mit einer möglichst optimalen genetischen Struktur wirklich aussagefähige Haplotypeneffekte für wichtige Merkmale zu schätzen, in der späteren Weiterführung ist dies nicht zwingend nötig, aber angeraten, um das System hinsichtlich weiterer SNP (mehr SNP je Chip und Tier), hinsichtlich neuer Merkmale und hinsichtlich neuer Prüfumwelten immer weiter zu verbessern. Je nach Typisierungskosten und verfügbaren Tieren für exakte Phänotypinformation kann dabei auch von einer Typisierung von Bullen auf die Typisierung der Kühe selbst gewechselt werden. Wiederum ist es offenkundig, dass für derartige Systeme Testherdenprogramme eine zwingende Voraussetzung sind.



**Abb. 5: Initialphase der Genomischen Selektion (n. Schaeffer, 2006)**

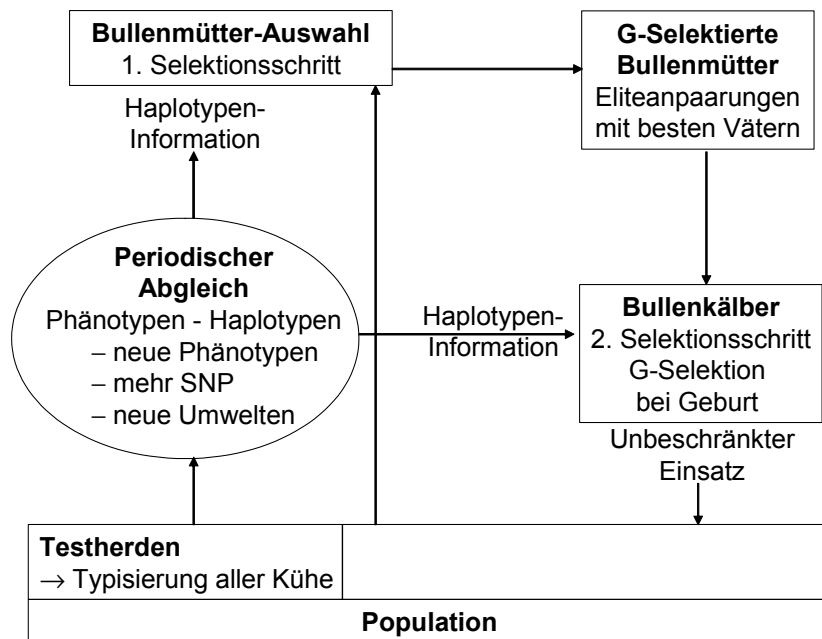


Abb. 6: Weiterführung der Genomischen Selektion nach der Initialphase

## 7. Schlussfolgerungen

In vielerlei Hinsicht werden zukünftig neue, alternative Zuchtprogramme für Milch- und Zweinutzungsrinder nötig sein. Wichtigste Einflussgrößen bzw. Anstöße zur Veränderung sind die Kosten der Leistungsprüfung, Fortschritte in der Bio- und Gentechnologie, sowie der Erhalt der genetischen Varianz. Die zentrale Steuerung aller züchterischen Aktivitäten ist dabei vorteilhaft. Elemente einer zentralen Steuerung sind vor allem die Nukleuszucht (bei offener Population) und vertraglich an die Zuchtorganisation gebundene Herden, in denen eine intensive Leistungsprüfung betrieben werden kann.

## 8. Literatur

- Abdel-Azim, G. und Schnell, S. (2007): Genetic impacts of using female-sorted semen in commercial and nucleus herds *J. Dairy Sci.* **90**: 1554-1563
- Brem, G. (2001): Klonen beim Rind. In: Reproduktionsforschung beim Rind. 10 Jahre Bayerisches Forschungszentrum für Fortpflanzungsbiologie – BFZF. Ulmer Verlag, ISBN 3-8001-3815-8, S. 21-47
- Brügemann, K. und Swalve, H.H. (2006): Die Schätzung der Heritabilität und der Variation zwischen Kuhzuchtwerten, stratifiziert nach Herdengröße und mittlerer Herdenleistung. Bericht an die Nord-Ost-Genetic (NOG), unveröffentlicht.
- Caballero, A. und Santiago, E. (1998): Survival rates of major genes in selection programmes. *Proc. 6th World Cong. Gen. Appl. Livest. Prod.*, Armidale, Australia, Jan. 11-16. Vol. **26**: 5-12
- Colleau, J.J. (1992): Combining use of embryo sexing and cloning within mixed MOETs for selection on dairy cattle. *Genet. Sel. Evol.* **24**: 345-361
- de Boer, I.J.M. und van Arendonk, J.A.M. (1991): Genetic and clonal responses in closed dairy cattle nucleus schemes. *Anim. Prod.* **53**: 1-9
- de Boer, I.J.M.; Meuwissen, T.H.E. und van Arendonk, J.A.M. (1994): Combining the genetic and clonal responses in a closed dairy cattle nucleus scheme. *Anim. Prod.* **59**: 345-358

- Dekkers, J.C.M.; Vandervoort, G.E. und Burnside, E.B. (1996): Optimal Size of Progeny Groups for Progeny-Testing Programs by Artificial Insemination Firms. *J. Dairy Sci.* **79**: 2056-2070
- Grisart, B.; Coppieters, W.; Farnir, F.; Karim, L.; Ford, C.; Berzi, P.; Cambisano, N.; Mni, M.; Reid, S.; Simon, P.; Spelman, R.; Georges, M. und Snell, R. (2002): Positional Candidate Cloning of a QTL in Dairy Cattle: Identification of a Missense Mutation in the Bovine DGAT1 Gene with Major Effect on Milk Yield and Composition. *Genome Res.* **12**: 222-231.
- Hinks, C.J.M. (1978): The use of centralized breeding schemes in dairy cattle improvement. *Anim. Breed. Abstr.* Vol. **46**: 291-297
- Kasarda, R.; Lederer, J.A.; Swalve, H.H. und Kadlecik, O. (2004): Suggestions and calculations of breeding programme alternatives. In: *Development of Dual-Purpose Pinzgau Cattle*. Eds.: O. Kadlecik, H.H. Swalve, J.A. Lederer, H. Grosu. Slovak University of Agriculture, Nitra, ISBN 80-8069-439-7, S. 105-110.
- Langholz, H.J. (1973): Die Schätzung des genetischen Fortschritts im KB-Zuchtprogramm beim Zweinutzungsrind. *Z. Tierzücht. u. Züchtungsbiol.* **90**: 149-159
- Nicholas, F.W. und Smith, C. (1983): Increased rates of genetic change in dairy cattle by embryo transfer and splitting. *Animal Production* **36**: 341-353
- Meuwissen, T.H.E. (1997): Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *J. Animal Sci.* **75**: 934-940.
- Meuwissen, T.H.E.; Hayes, B.J. und Goddard, M.E. (2001): Prediction of total genetic merit using genome-wide dense marker maps. *Genetics* **157**: 1819-1829
- Rendel, J.M. und Robertsen, A. (1950): Estimation of genetic gain in milk yield by selection in a closed herd of dairy cattle. *J. Genetics* **50**: 1-8
- Seidel, G.E. und Elsdon, R.P. (1997): *Embryo transfer in dairy cattle*. W.D. Hoards & Sons, Fort Atkinson, Wisconsin, USA
- Schaeffer, L.R. (2006): Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. *J. Anim. Breed. Genetics* **123**: 218-223.
- Simianer, H. und König, S. (2003): Selektionsstrategien unter Berücksichtigung von Inzucht. *Proc. 3. Uelzener Rinder-Workshop*, S. 171-178.
- Sladek, R.; Rocheleau, G.; Rung, J.; Dina, C.; Shen, L.; Serre, D.; Boutin, P.; Vincent, D.; Belisle, A.; Hadjadj, S.; Balkau, B.; Heude, B.; Charpentier, G.; Hudson, T.J.; Montpetit, A.; Pshezhetsky, A.V.; Prentki, M.; Posner, B.I.; Balding, D.J.; Meyre, D.; Polychronakos, C. und Froguel, P. (2007): A genome-wide association study identifies novel risk loci for type 2 diabetes. *Nature* **445**: 881-885
- Spelman, R.J. (2002): Utilisation of molecular information in dairy cattle breeding. *Proc. 7<sup>th</sup> Wld. Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Communication No. 22-02*
- Swalve, H.H. (1989): Alternative Zuchtprogramme. Was können sie bieten, und wo liegen ihre Grenzen? *Tierzüchter* **41**: 59 - 62.
- Teepker, G. und Smith, C. (1989): Combining clonal response and genetic response in dairy cattle improvement. *Anim. Prod.* **49**: 163-169
- van Vleck, L.D. (1981): Potential genetic impact of artificial insemination, sex selection, embryo transfer, cloning and selfing in dairy cattle. In: *New Technologies in Animal Breeding*, Chapter **12**: pp 221-241. Academic Press
- Wilmut, I.; Schnieke, A.E.; McWhir, J.; Kind, A.J. und Campbell, K.H.S. (1997): Viable offspring derived from fetal and mammalian cells. *Nature* **385**: 810-813
- Winter, A.; Krämer, W.; Werner, F.A.O.; Kollers, S.; Kata, S.; Durstewitz, G.; Buitkamp, J.; Womack, J.E.; Thaller, G. und Fries, R. (2002): Association of a lysine-232/alanine polymorphism in a bovine gene encoding acyl-CoA:diacylglycerol acyltransferase (DGAT1) with variation at a quantitative trait locus for milk fat content. *Proc. Natl. Acad. Sci.* **99**: 9300-9305.



- Wooliams, J.A. und Wilmut, I. (1989): Embryo manipulation in cattle breeding and production. Anim. Prod. **48**: 3-30
- Wooliams, J.A. und Meuwissen, T.H.E. (1993): Decision rules and variance of response in breeding schemes. Anim. Prod. **56**: 179-186.

## Seminar der Zentralen Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter



### Organisiert in Zusammenarbeit mit:

ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH  
Dresdner Straße 89/19, A-1200 Wien



Institut für Nutztierwissenschaften  
Universität für Bodenkultur  
Gregor Mendel Straße 33, A-1180 Wien



### Gefördert aus Mitteln des BMLFUW:



[lebensministerium.at](http://lebensministerium.at)

---

#### *Medieninhaber und Herausgeber:*

Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter (ZAR)  
Dresdner Straße 89/19, 1200 Wien  
im Rahmen des Ausschusses für Genetik (Vorsitzender: Univ.-Prof. Dr. Johann Sölkner)

#### *Für den Inhalt verantwortlich:*

Die jeweiligen Autoren

#### *Redaktion:*

Dr. Christian Fürst und Dr. Christa Egger-Danner, ZuchtData

*Druck:* Börsedruck Ges.m.b.H., Liesinger Flur-Gasse 8, 1230 Wien