

RINDERZUCHT AUSTRIA

ZuchtData
EDV-DIENSTLEISTUNGEN GMBH



Anatomie und
Physiologie von
Eutererkrankungen

Strategische Mastitis-
bekämpfung

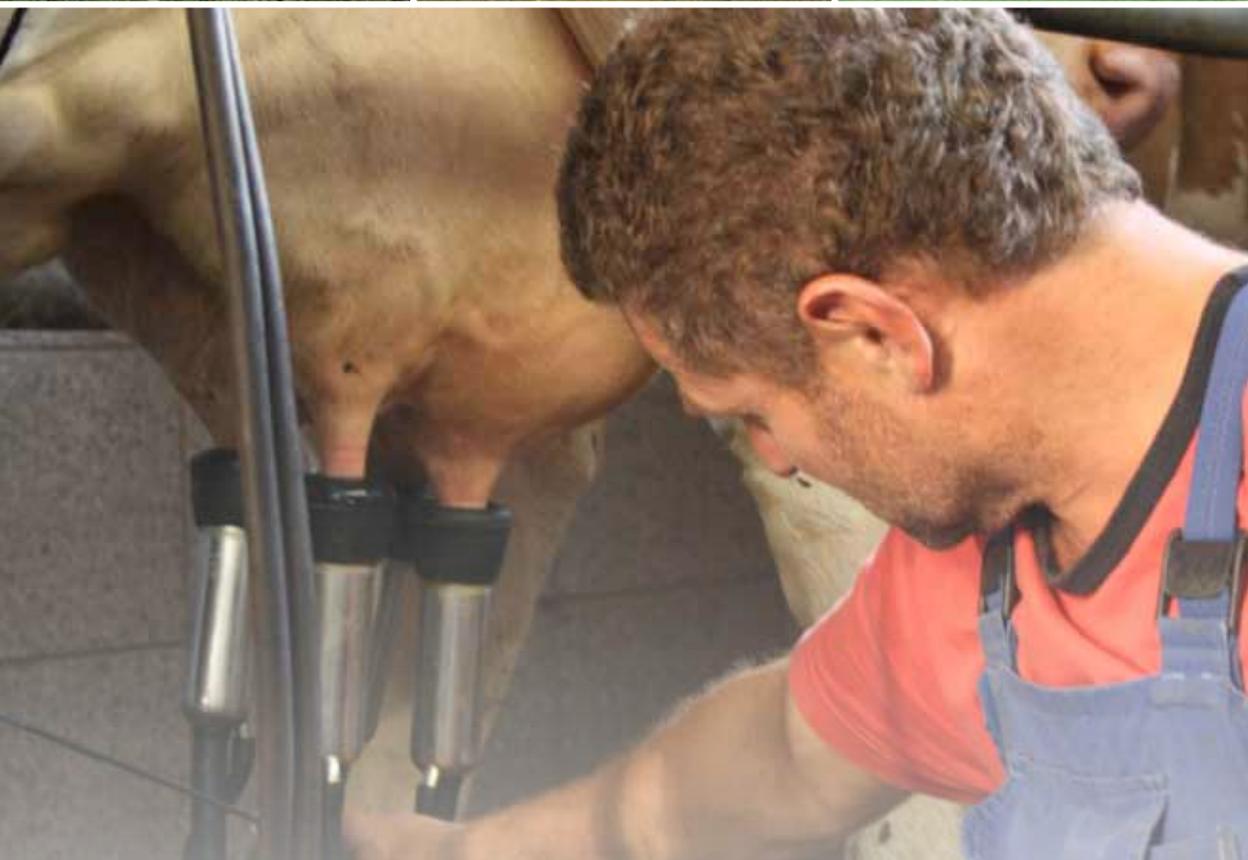
LKV-Bericht für
Herden- und
Qualitätsmanagement

Genetische
Grundlagen und
Zuchtwertschätzung

Zusammenhänge
zum Exterieur

Genomische Selektion

Berücksichtigung
in Zuchtziel und
Zuchtprogramm



Zucht auf Eutergesundheit beim Rind

Seminar des Ausschusses für Genetik
der ZAR, 10. März 2011, Salzburg

2011

Inhaltsverzeichnis

| | |
|---|-----------|
| Verzeichnis der Autoren | 2 |
| <i>Ao. Univ.-Prof. Dr. Petra Winter:</i> Anatomie und Physiologie von Eutererkrankungen | 3 |
| <i>Dr. Marion Tischer:</i> Strategische Mastitisbekämpfung in der Praxis | 11 |
| <i>DI Karl Zottl:</i> LKV-Bericht: Werkzeuge für Herden- und Qualitätsmanagement | 15 |
| <i>PD Dr. Birgit Fürst-Waltl:</i> Genetische Grundlagen und Zuchtwertschätzung für Eutergesundheit | 19 |
| <i>Dr. Christian Fürst:</i> Zusammenhänge zwischen Eutergesundheit, Exterieur und Co | 29 |
| <i>Dr. Hermann Schwarzenbacher:</i> Genomische Selektion auf Eutergesundheit | 37 |
| <i>Dr. Christa Egger-Danner:</i> Berücksichtigung von Gesundheitsmerkmalen im Zuchtziel und Zuchtprogramm | 47 |

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
- PD Dr. Birgit Fürst-Waltl*** Universität für Bodenkultur
Department für Nachhaltige Agrarsysteme
Institut für Nutztierwissenschaften
Gregor Mendel-Straße 33, 1180 Wien
birgit.fuerst-waltl@boku.ac.at, www.boku.ac.at
- Dr. Hermann Schwarzenbacher*** ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH
Dresdner Straße 89/19, 1200 Wien
schwarzenbacher@zuchtdata.at, www.zuchtdata.at
- Dr. Marion Tischer*** Fachjournalistin für Rindergesundheit
Laehrstraße 22, 14165 Berlin
tischer@vet-consult.de, www.vet-consult.de
- Dr. Alfons Willam*** Universität für Bodenkultur
Department für Nachhaltige Agrarsysteme
Institut für Nutztierwissenschaften
Gregor Mendel-Straße 33, 1180 Wien
alfons.willam@boku.ac.at, www.boku.ac.at
- Ao. Univ.-Prof. Dr. Petra Winter*** Veterinärmedizinische Universität Wien
Veterinärplatz 1, 1210 Wien
petra.winter@vetmeduni.ac.at, www.vu-wien.ac.at
- DI Karl Zottl*** Landeskrollverband Niederösterreich
Pater Werner Deibl-Straße 4, 3910 Zwettl
zottl@noegen.at, www.lkv.at

Anatomie und Physiologie von Eutererkrankungen

Petra Winter

Die Laktation dient vor allem der Versorgung des Neugeborenen mit Nährstoffen. Diese für Säugetiere charakteristische Fortsetzung der anfänglich ausschließlichen Versorgung über die Placenta ermöglicht dem Muttertier, den Nachwuchs mit einer hochwertigen, relativ einheitlichen und vom jeweiligen Nahrungsspektrum weitgehend unabhängigen Nahrung, der in der Milchdrüse gebildeten Milch, zu versorgen.

Bei Milchkühen kann durch einen fortlaufenden Milchentzug mittels Melken die Milchbildung und Sekretion über einen längeren Zeitraum aufrechterhalten werden. Aufgrund züchterischer Selektion und der Optimierung von Fütterung und Haltung sind heutzutage bei Rindern Milchleistungen von jährlich über 12.000 kg möglich.

I. Anatomie der Milchdrüse

Die Kuh hat je Euterhälfte zwei Mammarkomplexe, die durch Bindegewebe voneinander abgegrenzt sind. Sie bestehen jeweils aus 2 Vierteln. Jedes Viertel stellt eine selbstständige Einheit dar. Daraus resultiert, dass Erkrankungen auf ein Viertel beschränkt sein können.

Das Euter ist ein großes Organ mit einem Gewicht von etwa 50 kg (inkl. Milch und Blut). Daher ist eine gute Aufhängung des Euters am Skelett und den Muskeln wichtig. Die medianen Bänder bestehen aus elastischen Fasern, während die lateralen Bänder aus Bindegewebe mit geringerer Elastizität bestehen. Werden die Bänder schwächer, so zeigen die Zitzen oftmals nach außen und die Euterform eignet sich nicht mehr für das Maschinenmelken.

Jedes Euterviertel weist einen Drüsenkörper mit dem zugehörigen Hohlraumsystem und eine Zitze auf. Das Hohlraumsystem besteht aus der Zitzenzisterne, Drüsenzisterne, den Milchgängen und schließlich den Alveolen. Die aus Alveolen gebildeten Drüsenläppchen sind von Bindegewebe und Stroma umgeben.

In den durchschnittlich 0,1 mm messenden Alveolen findet die Milchbildung statt.

Eine Alveole besteht aus einer Basalmembran, dem die Alveole korbartig umschließenden Myoepithel und dem Alveolarepithelzellen (Milchdrüsenzellen). Die Kontraktion führt unter dem Einfluss des Hormons Oxytocin beim Säugen des Kalbs bzw. beim Anrüsten zur Milchejektion.

Die Anzahl der Drüsenzellen begrenzt die Milchproduktionskapazität des Euters. Gewöhnlich glaubt man, dass ein großes Euter auch eine hohe Milchleistungskapazität besitzt. Das muss jedoch nicht immer so sein, da ein großes Euter viele Bindegewebs- und Fettzellen besitzen kann.

Die Milch, die kontinuierlich in den Alveolen gebildet wird, sammelt sich zwischen den Melkzeiten in den Alveolarlumen, Milchkanälen, Euter- und Zitzenzisternen. Vor dem Melken befindet sich der größte Anteil der Milch (60-80%) in dem Alveolarteil des Euters. Dieser Anteil kann nur mit Hilfe des im Hypophysenhinterlappen freigesetzten Oxytocin gewonnen werden. Nur 20-40% der Milch befinden sich in den Zisternen. Dabei gibt es zwischen den Kühen ziemlich große Unterschiede im Volumen der Zisternen. Diese Tatsache ist wichtig für die richtige Melkroutine.

Über die Zitze wird die Milch gewonnen. Die Zitze sollte etwa 6-8 cm lang sein und einen Durchmesser von 2,5-3 cm aufweisen. Die Wand der Zitze besteht aus Bindegewebe, das von Bündeln glatter Muskelzellen durchzogen wird, sowohl in Längsrichtung wie auch zirkulär angeordnet. Am Übergang von Zitzenzisterne zum Strichkanal bildet das Bindegewebe 6-10 Längsfalten mit zirkulär angeordneten Venen, den so genannten Fürstenberg'schen Venenring. Dieser spielt eine wichtige Rolle bei der Abwehr von Mastitiserregern.

Im Bereich der Zitzen spitze ordnen sich die Muskelfasern zirkulär an und bilden den Schließmuskel. Zwischen den Melkzeiten

sorgen diese glatten Muskelzellen dafür, dass der Strichkanal geschlossen ist.

Der Zitzenkanal (Strichkanal) stellt die Verbindung der Zitzenzisterne mit der Außenwelt her. Er ist etwa 6-10 mm lang. Das Lumen des Zitzenkanals beträgt etwa 0,4-0,8 mm. Mit dem Alter der Kuh vergrößert sich die Weite des Strichkanals. Ausgekleidet ist der Strichkanal mit einem stark verhornenden, mehrschichtigen Plattenepithel. Keratin und keratinähnliche Substanzen im Strichkanal dienen zwischen den Melkzeiten ebenfalls als natürliche Barriere für pathogene Keime.

Das Euter besitzt eine gute Blutversorgung über Arterien und Venen. Dabei werden die rechte und die linke Euterhälfte im Prinzip über getrennte Arterien versorgt. Lediglich einzelne kleinere Arterien führen von einer Euterhälfte zur anderen. Die Hauptfunktion des arteriellen Systems ist die kontinuierliche Versorgung der Alveolen mit Ausgangsstoffen für die Milchbildung.

Für die Bildung von 1 Liter Milch müssen 500 Liter Blut das Euter durchströmen. Bei einer Milchleistung von 60 Liter pro Tag müssen somit 30.000 Liter Blut durch das Euter zirkulieren. Folglich ist die moderne Hochleistungskuh extremen Anforderungen ausgesetzt.

II. Entwicklung der Milchdrüse und Milchbildung

Bei der Entwicklung der Struktur sowie der Ausbildung und Aufrechterhaltung der Funktion der Milchdrüse unterscheidet man drei Abschnitte: die Mammogenese (morphologische Entwicklung der Milchdrüse), die Lactogenese (Einsetzen der Drüsenfunktion) und die Galaktopoese (Fortbestand der Laktation). Von Bedeutung für diese Vorgänge sind dabei Reproduktionshormone und Stoffwechselformone.

1. Mammogenese

Die Mammogenese umfasst die Anlage, das Wachstum und die Differenzierung der Milchdrüse bis zum Beginn der ersten Laktation. Man unterscheidet die Phase der Embryonalentwicklung, die der Wachstums- und Differenzierungsvorgänge bis zum Eintritt

der Geschlechtsreife sowie eine dritte Phase während der ersten Trächtigkeit.

Die Entwicklung der Alveolen sowie der Sammel- und Ausführungsgänge der Milchdrüse wird durch Östrogene, Wachstumshormon und Glukokortikosteroide stimuliert. Die Mammogenese wird durch das Fütterungsniveau, die Photoperiode und die Dauer der Trockenstehzeit beeinflusst.

2. Lactogenese

Unter Lactogenese versteht man das Einsetzen der Laktation (Milchsynthese und Milchsekretion) gegen Ende der Trächtigkeit. Sie unterliegt vielfältigen hormonalen Einflüssen. Bei der Lactogenese unterscheidet man zwei Phasen:

- **Phase I:** Es kommt zur Ansammlung von Präkolostrum im Euter. Zunächst ist eine zytologische und enzymatische Differenzierung der Alveolarzellen zu erkennen. Vom Zeitpunkt 4 Wochen vor der Geburt an wird ein milchähnliches Sekret abgegeben. Dieses eiweiß- und immunglobulinreiche Sekret wird durch die in der letzten Woche vor dem Abkalben einsetzende Synthese von Laktose mit Wasser verdünnt und bildet das Präkolostrum, das als Erstkolostrum nach dem Abkalben abgegeben wird.

- **Phase II:** Sie beginnt mit der Geburt und der Sekretion des Kolostrums. Im Verlauf der Phase II wird zunächst noch Kolostrum gebildet und sezerniert, dessen Zusammensetzung sich zunehmend der der reifen Milch angleicht. Beim Rind dauert die Kolostralmilchperiode bis zum 5. Laktationstag. Den Abschnitt vom 6. bis zum 21. Tag nach der Geburt bezeichnet man als Milchreifungsperiode. Die Auslösung der Phase II, der eigentlichen Laktation, ist auf den Wegfall der Hemmung der Milchsekretion durch den Abfall der Progesteronkonzentration bei gleichzeitig vorübergehender Erhöhung der Prolactinkonzentration im Blutplasma zurückzuführen. In Verbindung mit dem Einsetzen einer intensiven Mitose der Drüsenzellen kommt es zur Umleitung des Nährstoffflusses vom Uterus zum Euter und zur Stimulierung der Synthese und Sekretion von Laktose, Fett, Caseinen und anderen Proteinen. Auch die

Immunglobuline wie IgG1, IgA und IgM reichern sich im Eutersekret an.

3. Galaktopoese

Die Galaktopoese ist die Aufrechterhaltung einer bereits bestehenden Laktation. Sie setzt voraus, dass die weitgehend kontinuierlich gebildete und daher zwischenzeitlich gespeicherte Milch entweder durch Saugen des Kalbes oder durch Melken entzogen wird. Eine Laktationsperiode beginnt mit der Geburt und endet mit dem Absetzen des Kalbes, dem Aufhören des Säugens oder dem Einstellen des Melkens.

Für die Aufrechterhaltung der Milchsekretion sind generell Prolactin, Insulin, Glukokortikosteroide, Trijodthyronin und Wachstumshormon notwendig.

4. Involution

Durch das Unterlassen des Milchentzuges bei fehlendem Säugen bzw. Melken wird die Involution der Milchdrüse ausgelöst. Man unterscheidet je nach Ursache die graduelle Involution, die im Zusammenhang mit der Entwöhnung der Nachkommen bei Wildtieren erfolgt, die ausgelöste Involution, die infolge des Trockenstellens der Kuh auftritt, die Altersinvolution und die Atrophie. Die Involution der Milchdrüse ist auf eine geringe Abnahme der Anzahl der Drüsenzellen zurückzuführen und geht mit einem Rückgang der Milchleistung einher.

Der Zeitraum des Trockenstehens kann bei der Kuh funktional in drei Phasen unterteilt werden:

- Phase der aktiven Involution, die sich etwa über drei Wochen erstreckt
- Phase des Gleichgewichtszustandes, deren Dauer von der Gesamtdauer des Trockenstehens abhängig ist.
- Der Abschluss der Involution des Euters ist der in etwa dreiwöchige Zeitraum der Bildung des Kolostrums.

Im Zusammenhang mit der Involution kommt es zu Veränderungen in der Zusammensetzung des Eutersekretes. Dabei spielen sowohl Vorgänge der Sekretion und der Resorption als auch Veränderungen der Permeabilität der Blut-Euter-Schranke eine Rolle. Zunächst

nimmt das Sekretvolumen drastisch ab, und parallel dazu sinkt die Konzentration an milchspezifischen Komponenten wie der Laktose, des Fettes und der Caseine. Bestandteile der Milch, die aus dem Blut entnommen unverändert in der Milch erscheinen, wie die Immunglobuline IgG sowie IgM und das Milchserumalbumin, steigen dagegen in ihrer Konzentration an. Dies führt dazu, dass die Konzentration an Gesamtprotein im Eutersekret nicht abfällt, sondern ansteigt.

Während der Involution besteht ein erhöhtes Infektionsrisiko für das Euter. Durch das Eindringen von Keimen über den Zitzenkanal können Euterentzündungen (Mastitiden), insbesondere in der Anfangsphase der Involution und der Endphase der Kolostrogenese, auftreten. Dabei wird die Ausbildung einer Mastitis durch den erhöhten Euterinnendruck, das fehlende Ausspülen der Keime im Zusammenhang mit dem Melkvorgang, das Fehlen der Euter- und Zitzenhygiene sowie die Ödematisierung am Ende der Kolostrogenese begünstigt.

III. Milchspeicherung und Milchabgabe

Die Sekretion der Milch durch die Alveolarzellen des Euters ist ein kontinuierlicher Vorgang. Die Milchabgabe erfolgt dagegen schubweise beim Säugen durch das Jungtier oder durch das Melken. Die sich bildende Milch wird daher zwischenzeitlich in einem Hohlraumssystem mit hoher Dehnungskapazität gespeichert, das aus einem Alveolen- und einem Zisternenteil besteht. Der erstgenannte Abschnitt umfasst dabei die Hohlräume der Alveolen und der kleinen Milchgänge. Für die Abgabe der Milch aus dem Alveolenteil bedarf es der Einwirkung von Oxytocin, das durch die Kontraktion der myoepithelialen Korbzellen den Übertritt der Alveolarmilch in den Zisternenteil bewirkt.

1. Milchspeicherung

Die gebildete Milch tritt zunächst in das Lumen der Alveolen und kleinen Milchgänge ein. Mit zunehmender Füllung dieses dynamischen Speichers werden die Kapillar-

und Adhäsionskräfte überwunden, die die Milch in den Alveolen zurückhalten, und sie gelangt zunächst in die kleinen Milchgänge. Etwa 3 bis 4 Stunden nach dem letzten Milchentzug beginnt dann der Übertritt von Milch in den Zisternenteil, aus dem sie ohne Oxytocingabe durch Ausschaltung des Zitzenverschlusses gewonnen werden kann. Die Füllung dieses statischen Speichers in den Zisternen erfolgt, bedingt durch die Einwirkung der Schwerkraft, von unten nach oben. Der Anteil der Zisternenmilch am Gesamtgemelk liegt bei der Kuh in Abhängigkeit von der Dauer der Zwischenmelkzeit bis 30 %.

2. Milchejektion

Die in den Alveolen gespeicherte Milch muss zunächst in den Zisternenteil überführt werden, bevor sie ermolken werden kann. Dieser als Milchejektion oder Einschießen der Milch bezeichnete Vorgang ist auf die durch Oxytocin ausgelöste Kontraktion der die Alveolen umgebenden Myoepithelzellen und der glatten Muskelzellen der kleinen Milchgänge zurückzuführen.

Die Auslösung der Milchejektion erfolgt über einen neurohormonalen Reflexbogen. Dabei führen bei der Kuh das Saugen des Kalbes, das Anrühren des Euters oder das Melken des Tieres durch mechanische Reizung von sensiblen Rezeptoren an der Zitze über efferente sensorische Nerven zur Auslösung einer nach zentral fortschreitenden Erregung. Die Kontraktion der Korbzellen erhöht den Innendruck in den Alveolen, wodurch die Milch aus den Alveolen in die kleinen, durch eine Kontraktion ihrer glatten Muskelfasern weitgestellten Milchgänge gepresst wird, von wo aus sie frei bis in die Drüsen- und Zitzenzisterne fließen kann.

Der Milchejektionsreflex muss beim Melken per Hand oder beim Maschinenmelken vor dem eigentlichen Melkvorgang durch das Anrühren des Euters ausgelöst werden. Auch das Reinigen des Euters und das Abmelken der ersten Milch wirken fördernd auf die Oxytocinabgabe. Aus diesem Grund ist die gesamte Zeitdauer der Eutervorbereitung zum Melken mit Abmelken der ersten Milchstrahlen, Euter säubern und Anrühren als

Stimulationszeit für die Auslösung des Milchejektionsreflexes zu betrachten. Die einzelnen Maßnahmen der Eutervorbereitung sind stets ohne Zwischenpausen hintereinander vorzunehmen und sollen wenigstens 30 sec dauern. Das Melkzeug sollte frühestens nach 60 sec aber spätestens nach 90 sec angesetzt werden. Dadurch werden hinsichtlich der Auslösung von vollwertigen Milchejektionen beim herkömmlichen Melken mit der Maschine die besten Ergebnisse erzielt.

Wird das Euter durch Anrühren nur ungenügend auf den Milchentzug vorbereitet, kann dies zu einer fraktionierten Abgabe von Oxytocin führen, was eine unvollständige Milchejektion zur Folge hat.

IV. Zusammensetzung der Milch

Die Milch enthält als Sekret der Milchdrüse organische und anorganische Inhaltsstoffe sowie Zellen. Die mengenmäßig dominierenden organischen Bestandteile sind das Milchfett, die Milchproteine und die Laktose. Daneben sind in der Milch Mengenelemente, Spurenelemente, Vitamine und niedermolekulare organische Verbindungen enthalten.

- **Milchfett:** Das Fett ist der wichtigste Energieträger in der Milch. Im Milchfett sind die fettlöslichen Vitamine (Vitamin A, D, E und K) sowie Carotinoide enthalten. Milchfettkonzentration und -zusammensetzung können bei der Kuh in Abhängigkeit von der Zusammensetzung der Futtermittel, der Rasse, dem Laktationsstadium, der Laktationszahl und der Jahreszeit variieren. Was die Futtermittel und die Fütterung betrifft, so sind die wichtigsten Einflussfaktoren, die Menge und die Art des Rauhfutters, das Rauhfutter/Konzentrat-Verhältnis, die Zusammensetzung der Kohlenhydrate, der Anteil an Lipiden, die Höhe des Futterverzehr und die Häufigkeit der Futteraufnahme. Im Laktationsverlauf nimmt bei der Kuh der Fettgehalt in der Milch zu.

- **Milchproteine:** Die Hauptproteinfraktionen stellen die für die Milch spezifischen Caseine und die Milchserumproteine (Molkenproteine) dar. Daneben finden sich weitere Proteine in

Form von Enzymen, von Lactoferrin, Proteose-Peptide sowie als Bestandteile der Membran der Milchfettkügelchen.

- **Laktose:** Der Milchzucker, die Laktose, ist ein Disaccharid aus Galaktose und einem Glucoserest. Sie ist der am stärksten osmotisch wirksame Bestandteil der Milch, der mit Calcium und Eisen schwache Komplexe bildet.

V. Schutz und Abwehrmechanismen des Euters

Das Euter ist über die Blut- und Lymphgefäße in das Abwehrsystem des Körpers auf der Grundlage vorrangig unspezifisch, aber auch spezifisch wirkender Abwehrfaktoren einbezogen. Zusätzlich besitzt es noch lokale Abwehrmechanismen, welche in ihrer Gesamtheit das Abwehrsystem der Milchdrüse bilden, welches ein Eindringen von Erregern und Toxinen über den Zitzenkanal in das Hohlraumssystem des Euters verhindern kann und so das Euter vor Infektionen schützt.

Die biologische Abwehr setzt sich aus Abwehrbarrieren (Schließmuskel des Strichkanals, Auskleidung der Zitzenzisterne) und Abwehrmechanismen (Ausschwemmung, Aktivierung der Immunabwehr) zusammen. Dabei spielt die Blut-Euter-Schranke eine wesentliche Rolle. Sie gewährleistet bei normaler Funktion die physiologischen Prozesse und lässt bei Störungen der Eutergesundheit schnell sowohl zelluläre als auch humorale Abwehrprozesse zur Wirkung kommen. Abwehrzellen wandern aus dem Blut in die Milchdrüse und bewirken einen Anstieg der Zellzahl in der Milch.

Beteiligte Faktoren an der unspezifischen Abwehr sind:

- Anatomische Faktoren: Strichkanal, Schließmuskel, Zitzenzisterne, Keratin
- Zelluläre Faktoren: neutrophile Granulozyten, Makrophagen, Epithelzellen
- Lösliche Faktoren: Zytokine, Lysozym, Lactoferrin, Immunglobuline, bakteriostatische und bakterizide Moleküle

Die erste Barriere wird durch die Physiologie der Haut und des Epithels gebildet. Die Haut kleidet die Strichkanalöffnung aus und reicht

bis zum distalen Teil des Strichkanals. Dort beginnt die Mukosa der Zitzenzisterne und der Drüsenzisterne.

Bakterien, die trotzdem diese Barriere durchdringen und in die Zitzenzisterne eindringen können, stoßen an die zweite Verteidigungslinie: phagozytierende Leukozyten und lösliche oder humorale Faktoren des Immunsystems.

Phagozytose und lösliche antimikrobielle Faktoren unterstützen die Abwehr von intramammären Infektionen. Sie gehören zum nicht-spezifischen oder angeborenen Abwehrsystem. Eine zweckmäßige angeborene Abwehr in der Milchdrüse verlangt ein rasches Erkennen der eindringenden Erreger, gefolgt von einer prompten Neutralisation und Elimination der Mastitiserreger. Eine angeborene Abwehr ist generell nicht sehr selektiv. Eine bereits vorausgegangene Exposition mit dem spezifischen Erreger ist nicht notwendig. Im Sinne der Evolution ist die angeborene Abwehr die altererbte Immunität. Sie ist jederzeit gegenwärtig und wird nicht durch eine wiederholte Exposition mit dem gleichen Erreger gesteigert. Sie ist verantwortlich für die Elimination der meisten Mastitiserreger.

Über die letzten Jahrzehnte wurde gezeigt, dass die erste und zweite Verteidigungsbarriere des Euters für die natürliche Resistenz sehr wichtig sind. Besonders die zweite ist vorwiegend aktiv während der Frühphasen von neuen intramammären Infektionen.

Die dritte Verteidigungsbarriere ist die erworbene oder spezifische Immunität. Angeborene und erworbene Immunität sind durch ein Netzwerk von chemischen Botenstoffen verbunden. Dringt ein bereits bekannter Erreger ein, so werden spezifische Antikörper aus dem Plasma in die Milch abgegeben. Jedoch kann aus den vielen Vakzinationsstudien der letzten 50 Jahre geschlossen werden, dass der Schutz der Milchdrüse mit Hilfe der spezifischen Immunität sehr problematisch ist.

1. Anatomische Barrieren

Der Schließmuskel des Zitzenkanals verhindert ein Eindringen von Bakterien. Die Weite des Zitzenkanals steht in unmittelbarer

Beziehung zur Funktion des Schließmuskels. Das nach außen gerichtete Wachstum des Zitzenkanalepithels im Mündungsbereich wirkt ebenfalls einem Eindringen von Bakterien entgegen. Durch den nach außen gerichteten Milchstrom werden in den Zitzenkanal eingedrungene Erreger ausgespült. Die Fürstenbergsche Rosette bildet einen Kranz am Übergang des Zitzenkanals zur Zisterne. Die Falten der Fürstenbergschen Rosette haben nicht nur eine mechanische Funktion im Verschlussmechanismus sondern sie sind auch Ort immunzellulärer Abwehr. Die intensive Verhornung des Zitzenkanalepithels stellt eine wirksame Barriere gegen eindringende Erreger dar. Allerdings wird dieser Keratinfropf beim Melken fast vollständig ausgespült und erst 2-3 Stunden nach dem Melken, ist die vollständige Abwehrfunktion des Zitzenkanals wiederhergestellt.

2. Abwehrzellen

Die zelluläre Abwehr basiert auf der Phagozytose der Erreger durch polymorphkernige Leukozyten und Makrophagen. Phagozyten, bestehend aus Polymorphkernigen Neutrophilen Granulozyten (Mikrophagen) und Makrophagen verdauen und töten Mastitiserreger. Nach dem Eindringen eines Erregers in die Zitzenzisterne kommt es zur Mobilisierung mononukleärer Leukozyten auf Höhe der **Fürstenberg-Rosette** (Verbindung zwischen Strichkanal und Zitzenzisterne). Im zweischichtigen Epithel der Zitzenzisterne sind Lymphozyten die häufigsten infiltrierenden Zellen, gefolgt von Makrophagen in geringer Zahl. Die Fürstenberg-Rosette beinhaltet viele antimikrobielle kationische Proteine. Das darunter liegende Bindegewebe enthält viele Plasmazellen.

Die Migration von Polymorphkernigen Neutrophilen Granulozyten (PMN) in das Eutergewebe und in die Drüsenzisterne stellt eine sehr effiziente Verteidigung gegen die Mastitiserreger dar. Jedoch ist ihre Präsenz ein zweischneidiges Schwert. Während die PMN phagozytieren und die eingedrungenen Erreger abtöten, setzen sie chemische Stoffe frei, die eine Schwellung des Zytoplasmas des

sekretorischen Epithels, ein Abstreifen von sekretorischen Zellen und damit eine verminderte sekretorische Aktivität provozieren. Der Zustrom von PMN resultiert daher in einer Beeinträchtigung der Funktion der Milchdrüse und einer verminderten Milchproduktion.

Makrophagen sind die dominierenden Zellen in der gesunden laktierenden Milchdrüse. Der Anteil an PMN in nicht infizierten Eutervierteln beträgt 12-26 %. Gegen Ende der Laktation steigt der Prozentsatz an PMN an, der Anteil an Lymphozyten sinkt.

Polymorphkernige Neutrophile Granulozyten

- Polymorphkernige Neutrophile Granulozyten (PMN) sind mit einer durchschnittlichen Lebensfähigkeit von einigen Stunden kurzlebig und sehr effizient im Erkennen, Verdauen und Abtöten von Mikroorganismen. PMN sind nicht spezifische Leukozyten, die in der Frühphase einer Mastitis bis zu 90 % zu finden sind.

- PMN reagieren auf entzündliche Signale, sie wandern aus dem Blut in die Milchdrüse als Infektionsort, und zwar direkt in das Lumen der Alveolen, Milchgänge und Zisterne. Dort fungieren sie als professionelle Killer, wobei ihre Verteidigungsfunktion verstärkt wird, sobald die PMN aus dem Blut in die Milchdrüse kommen. Am Ort der Infektion wird ihre Funktion durch lokale Entzündungsmediatoren reguliert. Sobald PMN am Infektionsort ankommen, kommen sie mit einer Flüssigkeit bestehend aus verschiedenen Mediatoren (Chemokine und Zytokine) in Kontakt, die durch bereits vorhandene Zellen produziert werden.

- Nach der Bereinigung der Infektion sinken die Zytokinkonzentrationen, was zur Induktion der Apoptose der PMN führt. Dieser Prozess wird durch die Anwesenheit von lokalen Wachstumsfaktoren beschleunigt. Apoptotische PMN werden durch Makrophagen entsorgt. Zu diesem Zeitpunkt beginnt die somatische Zellzahl in der Milch zu sinken.

Makrophagen

- Makrophagen sind die dominierenden Zellen in der gesunden laktierenden Milchdrüse und

sind zu einem hohen Prozentsatz in der Zisternenmilch zu finden.

- Die langlebigen (durchschnittlich 2 Monate) Makrophagen fungieren als Wächter gegen eindringende Bakterien, setzen chemoattraktive Substanzen frei, die einen schnellen Einstrom von PMN zur Folge haben.
- Ansässige Makrophagen können sich auch in aktivierte Makrophagen differenzieren, die dann viele intrazelluläre Bakterien abtöten können.

3. Lösliche Faktoren

Das Zitzenende stellt durch die Hauteigenschaften nicht nur eine physikalische Barriere dar, sondern produziert auch einige potenzielle bakteriostatische und bakterizide Moleküle, wodurch das Eindringen von pathogenen Erregern gehemmt wird. Von den chemischen Faktoren sind das Lactoferrin, das Lysozym und das Lactoperoxidase-Thiocyanat-Wasserstoffperoxid-System von besonderer Bedeutung.

- **Lactoferrin:** Beim Lactoferrin handelt es sich um ein multifunktionelles eisenbindendes Glykoprotein, das an der Regulation der Eisenversorgung im Dünndarm beteiligt ist, gegen mikrobielle Infektionen schützt, die Myelopoese reguliert und die Immunantwort beeinflusst. An der antibakteriellen Wirkung von Lactoferrin sind zwei Mechanismen beteiligt. Der erste Mechanismus basiert auf seiner hohen Eisenbindungsaffinität, wodurch Eisen von Bakterien, die dessen Bereitstellung bedürfen, abgehalten wird. Lactoferrin schränkt über diesen Mechanismus das Wachstum einer Vielzahl von grampositiven und gramnegativen Keimen ein. Daneben wirkt Laktoferrin direkt bakterizid, indem z. B. Apolactoferrin über die Freisetzung von Lipopolysacchariden die äußere Membran gramnegativer Bakterien zerstört. Schließlich ist Laktoferrin an der Regulation der Immunantwort beteiligt, indem es die Bildung verschiedener Cytokine hemmt. Die Lactoferrinkonzentration ist mit 30 g/l im Sekret von trockenstehenden Kühen am höchsten und sinkt dann in der Kolostralmilch auf etwa 2 bis 5 g/l ab, um in der reifen Milch 0,1 bis 1 g/l zu erreichen. Für eine sichere

antibakterielle Wirkung sind Konzentrationen notwendig, wie man sie im Sekret von trockenstehenden Tieren findet.

- **Lysozym:** Lysozym ist ein bakterizides Protein, das seine Wirkung durch eine Schädigung der Zellwände von Bakterien entfaltet, indem deren Mucopolysaccharide, insbesondere die von grampositiven Bakterien, depolymerisiert werden. Lysozym kann die Bindung von Lactoferrin an die Bakterienzellwände fördern. Allerdings ist in der Milch von Wiederkäuern die Konzentration von Lysozym sehr niedrig, sodass der protektive Schutz durch Lysozym begrenzt ist.

- **Lactoperoxidase-Thiocyanat-Wasserstoffperoxid-System:** Die bakteriostatische Wirkung des Lactoperoxidase-Thiocyanat-Wasserstoffperoxid-Systems beruht auf der Bildung von intermediären Oxidationsprodukten, z.B. von reaktivem Hypothiocyanat, die über die Ausbildung von Radikalen einen Hemmeffekt auf die Keimentwicklung von grampositiven und gramnegativen Bakterien ausüben. Es wirkt bakterizid auf gramnegative Keime und bakteriostatisch auf grampositive Erreger. Die Thiocyanatkonzentration ist abhängig von der Ernährung.

- **Zytokine:** Proinflammatorische Zytokine regeln die Aktivität der Abwehrzellen im Falle einer Mastitis. Als wichtige proinflammatorische Zytokine im Mastitisgeschehen können die Interleukine (IL-1 β , IL-2, IL-6, IL-8, IL-12), Interferon gamma und TNF- α genannt werden.

VI. Entstehung einer Mastitis

Bakterien dringen in die Milchdrüse ein, vermehren sich und lösen Entzündungsreaktionen aus. Pathogenität und Virulenz des Erregers, prädisponierende Faktoren und Funktionszustand der Milchdrüse bestimmen in komplexer Weise Geschwindigkeit, Charakter und Ausprägung klinischer Symptome sowie Krankheitsdauer und -ausgang von Mastitiden.

Die Interaktion zwischen Mastitiserreger und Epithel, Endothel und dem Immunsystem der Milchdrüse ist komplex. In Abhängigkeit vom

Erreger und deren Toxinproduktion werden verschiedene proinflammatorische Zytokine aktiviert, die unterschiedliche Immunantworten des Euters zur Folge haben.

1. Infektion mit Erreger ohne Toxinproduktion

Die Erreger dringen über den Strichkanal ein und kommen mit den Epithelzellen der Zitzenzisterne in Kontakt. Durch diesen Kontakt kommt es zur Produktion von proinflammatorischen Zytokinen und zur Aktivierung anwesender Makrophagen. Diese Makrophagen beginnen weitere Zytokine (TNF- α , IL-1 β) zu sezernieren. Die Folge ist eine erhöhte Permeabilität der Blut-Euter-Schranke und eine verstärkte Chemotaxis. Neutrophile Granulozyten wandern aus dem Blut in die Milchdrüse ein und übernehmen die Phagozytose der eingedrungenen Bakterien durch Produktion verschiedener Entzündungsmediatoren.

2. Toxische Mastitis

Mastitiden, die durch coliforme Keime verursacht werden, verlaufen meist als perakute bis akute parenchymatöse Mastitiden durch die Wirkung von **Endotoxin**. Sobald gramnegative Keime in das Euter eindringen, kommt es zu einem Abbau der Bakterien, Lipopolysaccharid (LPS) der Zellwand wird frei und löst die Pathogenese des septischen Schocks aus. Grampositive Erreger wie *S. aureus*, *Sc. uberis*, *Arcanobacterium pyogenes* und Clostridien können dies auch durch Produktion von **Exotoxinen** wie Leukotoxine, Hämolsine, Hyaluronidase und Kinase. Die klinische Symptomatik ist zu den Schäden durch Endotoxinen nicht unterschiedlich.

Die Freisetzung der Endo- bzw. Exotoxine resultiert in der Aktivierung der Cyclooxygenase und der Lipooxygenase mit anschließender Produktion von Prostaglandinen, Leukotrienen und Thromboxane - potente Mediatoren der lokalen Entzündung und der systemischen Reaktionen (SIRS = Systemic inflammatory response syndrom). Zusätzlich werden noch durch die aktivierten Makrophagen sämtliche proinflammatorischen Zytokine freigesetzt, die die systemischen

Reaktionen wie Fieber, Leukozytose und Akute Phase Reaktion auslösen.

3. Faktoren, die die Immunantwort beeinträchtigen

Verschiedene Faktoren können eine schlecht ausgeprägte Immunantwort des Euters zur Folge haben, was zur Ausprägung einer chronischen Mastitis führt.

- **Funktionsfähigkeit der Leukozyten:** Zu Beginn der Infektion können sich zu alte Stadien im Euter befinden, die in ihrer Funktion bereits beeinträchtigt sind. Im Zuge der Leukozyteneinwanderung ins Gewebe wandern auch zu junge, unreife Stadien ein, die nicht funktionstüchtig sind. Leukozyten beginnen die Bakterien zwar zu phagozytieren, töten die Bakterien aber nicht vollständig ab. Dadurch können die Bakterien in den Phagozyten überleben und sind vor einer weiteren Zerstörung geschützt (*S. aureus*).

- **Verminderte Aktivität der Leukozyten:** Phagozytierte Milchfettkügelchen machen zudem Leukozyten funktionsuntüchtig. Im peripartalen Zeitraum ist die antimikrobielle Aktivität der neutrophilen Granulozyten vermindert. Dies wird durch verschiedene metabolische Erkrankungen wie Ketose und Gebärparese verstärkt. Bestandteile der Milch können die Effektivität der Oberflächenrezeptoren der Leukozyten beeinträchtigen. Eine Blockade der Rezeptoren kann zu einer Degranulation der Leukozyten und zu einer Freisetzung hydrolytischer Enzyme führen. Eine Verschlimmerung des Verlaufes ist die Folge.

- **Abwehrstoffe nicht ausreichend:** Die Gehalte an Opsonin und Komplement in der Milch sind sehr niedrig.

Literatur beim Verfasser

Praktischer Leitfaden Mastitis, Parey Verlag, 2009

Strategische Mastitisbekämpfung in der Praxis

Nur wer den Erreger kennt, kann richtig behandeln

Marion Tischer

Mastitis – eine Faktorenkrankheit

Wenn Bakterien in die Milchdrüse einwandern, kommt es zur Infektion. Das Eindringen von Erregern ins Euter allein reicht aber nicht aus, um eine Mastitis auszulösen. Entscheidend ist auch, wie viele Keime in der Umgebung der Kuh vorhanden sind und wie gut die Zitzenkondition ist, damit Bakterien gar nicht erst in das Euter vordringen können. Im Melkstand kommt es darauf an, dass die Übertragung von Mastitiseimen verhindert wird (Hygiene). Und zu guter letzt ist das Immunsystem der Kuh gefragt, dass sich gegen Infektionen zu Wehr zu setzt. In den meisten Fällen müssen mehrere Faktoren zusammen-treffen, damit die Kuh eine Euterentzündung bekommt. Für die erfolgreiche Mastitis-bekämpfung ist neben der Therapie das Abstellen von Störfaktoren entscheidend. Hier sind tiermedizinische Kompetenzen gefragt, aber auch berufsübergreifende wie gute Melkarbeit, -hygiene, -technik sowie die Verbesserung von Fütterung und Kuhkomfort.

Viele bestandsbetreuende Tierärzte bieten fächerübergreifende Beratung an oder ziehen andere Spezialisten hinzu. Wenn mehrere Berater an der Lösung des Mastitisproblems beteiligt sind, ist der Austausch von Informationen und die Koordination der Maßnahmen grundlegend für den Erfolg.

Systematische Bekämpfung:

Der 10 Punkte Mastitis-Kontrollplan

Mit der richtigen Therapie des Einzeltieres allein gelingt es nicht, die Mastitisfälle im Bestand zurückzudrängen oder die Zellzahl in der Herdensammelmilch (HSM) zu senken. Meist verbessert sich die Eutergesundheit in der Herde erst dann, wenn Melkarbeit, Melktechnik und Umweltbedingungen der Kuh (Futter, Haltung, Hygiene) überprüft und verbessert wurden. Systematische Mastitis-bekämpfung beinhaltet die Überprüfung verschiedener Kontrollpunkte im Rahmen der tierärztlichen Bestandsbetreuung.

| |
|--|
| 1. Mindeststandard bei der Melkarbeit einhalten: Handschuhe, Einmal-Eutertücher, Zitzendippen nach dem Melken |
| 2. Melktechnik durch unabhängige Fachleute regelmäßig überprüfen und korrigieren lassen (mindestens zweimal jährlich). |
| 3. Zitzenkondition und –hautpflege überprüfen Trockenstellermanagement kontrollieren Schalmtest zum Trockenstellen durchführen und antibiotisch trocken stellen. |
| 4. Haltung und Hygiene im Stall verbessern: Saubere, trockene Liegeflächen (v.a. Trockensteher, Abkalbung), ausreichend, saubere Tränken, Überbelegung vermeiden und Fliegenbekämpfung. |
| 5. Fütterung und Stoffwechselfgesundheit überwachen |
| 6. Viertelgemelksproben auf Zellzahlhöhe und Erregergehalt (zytobakteriologisch) untersuchen lassen |
| 7. Therapie Betriebsspezifischen Behandlungsplan mit dem Tierarzt aufstellen |
| 8. Selektion von chronisch euterkranken Tieren |
| 9. Eutergesundheitskennzahlen, Dokumentation Zieldefinition in der Eutergesundheit, |
| 10. Erfolgskontrolle |

Umwelterreger verursachen zunehmend Probleme

Während in der Vergangenheit hauptsächlich Mastitiden aufgrund ansteckender Keime Probleme bereiteten, stehen heutzutage Infektionen mit „umweltassoziierten“ Keimen im Vordergrund. Besonders viele Umweltkeime findet man in einer unhygienischen Umgebung der Kuh in der Boxeneinstreu (Tiefboxen für Trockensteher) und auf Liegeflächen. Das allein reicht aber nicht, um die Mastitis auszulösen. Mindestens genauso wichtig sind Zitzenkonditionsmängel und eine schlechte Abwehrlage der Kuh. Fütterungsfehler und Stoffwechselstörungen beeinträchtigen diese und führen v. a. in der Trockenstehphase zu Infektionen mit Umwelterregern.

Nach dem Melken ist der Strichkanal noch eine Zeit lang geöffnet. Hier können filmbildende Dippmittel das Euter eine gewisse Zeit vor dem Eindringen von Umwelterregern schützen. Das Einfangen im Fressgitter nach dem Melken ist empfehlenswert und kann helfen, diese Risikoperiode zu überbrücken.

Streptococcus uberis

Infektionen führen zu klinischen und subklinischen Mastitiden. Fast die Hälfte (45 %) der Infektionen mit Umweltstreptokokken heilen spontan wieder ab. Die Heilungsraten sind von der Abwehrlage der Kuh und der Therapiedauer abhängig. Bei Kühen mit schwacher Immunabwehr kommt es häufig zu Rückfällen. Die Eckpunkte der *S. uberis*-Bekämpfung sind in der nachfolgenden Tabelle aufgeführt.

| | |
|-------------------------------------|---|
| Therapie | Nur akute Mastitiden in der Laktation behandeln. Therapiedauer: mindestens fünf Tage. |
| Trockenstellen | Schalmtest vor dem Trockenstellen durchführen. Milch von Tieren mit positiven Ergebnis zytobakteriologisch untersuchen lassen. Beim Nachweis von Umwelterregern zum Ende der Laktation antibiotisch behandeln und in Kombination mit dem internen Zitzenversiegler trocken stellen. |
| Sauberkeit in der Abkalbebox | Optimale Hygiene im Stall und vor allem in den Liegeboxen |
| Stoffwechself-gesundheit | <ul style="list-style-type: none"> • Bedarfsgerechte (Trockensteher) -fütterung • Überkonditionierung vermeiden • Optimale Silagegewinnung • Nacherwärmung des Futters verhindern |

Escherichia coli

Infektionen führen zur subklinischen oder klinischen Mastitis. Aufgrund der Toxinfreisetzung der *E.coli*-Bakterien gehen die klinischen Mastitiden häufig mit schweren

Allgemeinstörungen einher. Bei der Therapie steht die symptomatische Bekämpfung der Toxinwirkung im Vordergrund. Penicillin ist hier nicht wirksam.

| | |
|---------------------------------|---|
| Soforttherapie | Die Soforttherapie erfolgt systemisch mit einem Antibiotikum, ggfs. auch mit Entzündungshemmern und kreislaufstabilisierenden Maßnahmen (Drenchen, Infusionen). |
| Stallhygiene | Siehe <i>S. uberis</i> |
| Stoffwechself-gesundheit | |

Wichtigkeit der Laboruntersuchung

Hat ein Betrieb Probleme mit der Eutergesundheit, ist es als aller erstes wichtig zu wissen, welche Erreger daran ursächlich beteiligt sind, denn danach richtet sich die Behandlungsstrategie. Ist der Erreger mittels Untersuchung von Viertelgemelksproben identifiziert, gibt das Antibiogramm Aufschluss über das auf diesem Betrieb und den spezifischen Keim wirksamen Antibiotikums. In der Praxis ist die bakteriologische Untersuchung und Bestimmung der Zellzahlhöhe von Milchproben nur dann sinnvoll, wenn Sie mit einer Fragestellung verbunden ist.

Mögliche Gründe für die Untersuchung:

- Auswahl des richtigen Antibiotikums zur Therapie von Einzeltieren bei klinischer oder subklinischer Mastitis
- Vorgehen bei Bestandsproblemen (z.B. Gruppeneinteilung in infiziert und gesund)

- Kontrolle der Eutergesundheit vor dem Trockenstellen
- Kontrolle des Behandlungserfolges (z.B. nach Galtsanierung) in der Herde
- Zukaufuntersuchungen (frei von Mastitiskeimen und hohen Zellzahlen)
- Einführung von automatischen Melk-systemen (Eutergesundheitsstatus)

Achtung Fehldiagnosen!

Milchproben zur Laboruntersuchung müssen sauber und frei von Schmutzkeimen entnommen werden. Umweltkeime kommen als Mastitis-Erreger im Euter vor, aber auch auf der Haut und in Kotpartikeln. Deshalb können Fehler bei der Milchprobenentnahme zu einer Verunreinigung der Proben mit Umweltkeimen führen und die Ergebnisinterpretation erschweren, indem sie z.B. eine Infektion mit *E. coli* vortäuschen oder die gesuchten Mastitiskeime von den Schmutz-keimen überwuchert werden.

Wie kommt der Karieserreger in die Milchprobe?

| Die häufigsten Fehler bei der Milchprobenentnahme | Folge |
|---|---|
| Zitzen sind beim Vormelken nass | Hautkeime von der Zitzenhaut werden mit eingemolken |
| Röhrchendeckel wird im Melkstand abgelegt oder bei der Probenentnahme mit den Zähnen festgehalten | Das Labor findet dann unter Umständen den Karieserreger <i>Streptococcus mutans</i> |
| Verzicht auf Einmalhandschuhe | Menschliche Hautkeime oder Eitererreger aus Wunden verunreinigen die Probe |
| Keine haltbare Beschriftung, Begleitschreiben fehlt | Das Labor hat Schwierigkeiten, die Proben zuzuordnen |
| Ungeeignete Probenröhrchen oder Gläser, keine bruch sichere Verpackung | Probenentnahme ggfs. umsonst, weil auf dem Postweg zerbrochen |

Antibiotisch behandeln und trocken stellen ohne böse Überraschungen

Das Einbringen von Euterinjektoren gehört im landwirtschaftlichen Betrieb zu den Routine-tätigkeiten. Euterinjektoren enthalten fast immer Arzneimittel, die trocken, sauber und kühl gelagert werden müssen, ansonsten verlieren sie ihre Wirkung.

Nachlässigkeit bei der hygienischen Anwendung, können dazu führen, dass neben

dem Antibiotikum auch Umweltkeime (z. b. Colibakterien, Hefen) in das Viertel eintragen werden, die dann zu schwer behandelbaren Mastitiden führen. Vor allem dann, wenn man mehr als eine Kuh behandelt, muss auf unbedingte Sauberkeit geachtet werden. Auf keinen Fall sollte man Antibiotika (z. B. Penicillin) aus der Flasche aufziehen und mit der gleichen Injektorspritze eine Kuh nach der anderen behandeln.

Euterinjektoren sachgerecht verabreichen

- Eutergesundheit beurteilen

Anrüsten, vormelken (Vormelkbecher)

- Schalmtest durchführen:

(Nur Kühe mit negativem Ergebnis dürfen trocken gestellt werden).

- Melken

- Neues Paar Einmalhandschuhe anziehen:

(Empfehlenswert ist das Wechseln der Handschuhe nach jeder Kuh.)

- Zitzendesinfektion und Einbringen der Injektoren

Die Verschlusskappe des Euterinjektors abnehmen und die ungeschützte Öffnung des Injektors nicht berühren. Den Euterinjektor nur wenige Millimeter einbringen zuerst in die nahen, dann in die entfernteren Zitzen und das Antibiotikum injizieren.

- Desinfizieren der Zitzen

Zitzen desinfizierend dippen Nach der Behandlung sollen Kühe mindestens 30 Minuten lang stehen bleiben (z.B. im Fressgitter), damit sich der Strichkanal schließen kann.

LKV-Bericht: Werkzeuge für Herden- und Qualitätsmanagement

Karl Zottl

Einleitung

Die Ergebnisse der Leistungsprüfung finden seit jeher Eingang in die betrieblichen Entscheidungen und werden im Herden- und Qualitätsmanagement durch die Mitgliedsbetriebe aktiv genutzt. Im Rahmen des Projektes „Gesundheitsmonitoring Rind“ wurden diese Berichte seit 2006 um die tierärztlichen Diagnosen ergänzt und neu gestaltet.

Als innovatives Instrument findet zudem das Internet immer stärker Eingang in die Betriebsführung – nicht nur als Medium der Informationsbeschaffung und Kommunikation sondern mit der Plattform „RDV4M – Mein Betrieb im Internet“ als interaktives Instrument der Herdenführung.

Damit bietet die LKV Mitgliedschaft die einzigartige Möglichkeit eines einzelkuhbezogenen Managementsystems an, dessen Umsetzung in den Bereichen der Fütterung, Tiergesundheit und der Lebensmittelqualität die Einkommen und damit die Wettbewerbsfähigkeit der bäuerlichen Betriebe nachhaltig absichert.

Aktuelle Rückmeldung am Tagesbericht mit Gesundheitsmonitoring

Nach jeder Probemelkung ergeht das Ergebnis in Form des Tagesberichtes an den Betrieb. Neben den Milchleistungsergebnissen und den Inhaltsstoffen sind seit 2008 auch die Gesundheitsdaten enthalten. Ziel der gewählten Darstellung ist es, Bäuerin und Bauer für das Herdenmanagement relevante Aussagen rasch und übersichtlich zu liefern.

In der Ergebnisdarstellung der einzelnen Kühe werden bereits auf den ersten Blick relevante Hinweise auf Auffälligkeiten bei Milchmenge und Inhaltsstoffen Eiweiß und Harnstoff sowie bei der Zellzahl geliefert.

So werden jene Kühe angemerkt, die seit dem letzten Probemelken einen Leistungsabfall von über 20% zeigen, kann dies doch ein Hinweis auf eingeschränkte Mobilität und damit verbunden geringere Futter- bzw. Wasseraufnahme sein – das Tier braucht einfach eine erhöhte Aufmerksamkeit, damit die Ursache erkannt wird.

Ein Milcheiweißgehalt außerhalb der Bandbreite von 3,2 % bis 3,8 % wird ebenso klar mit „+“ für zu hoch und „-“ für zu niedrig hervorgehoben wie Ausreißer beim Fett/Eiweiß Quotienten und beim Harnstoffgehalt. Alle diese Werte weisen auf Unausgeglichheiten in der Fütterung hin, die einen erhöhten Stoffwechselstress auslösen, der sich in der Folge auf Fruchtbarkeit und Eutergesundheit auswirken kann.

Selbstverständlich werden auch erhöhte Zellgehalte der Milch der Einzelkühe hervorgehoben. Gerade hier ist es besonders wichtig rasch zu reagieren und zum Beispiel mit dem CMT (Schalmtest) abzuklären, ob es sich um eine Stressreaktion wie z.B. in Zuge der Brunst handelt oder ob in einem Euterviertel bereits Prozesse ablaufen, die auf eine möglich bakterielle Infektion hinweisen.

Diese topaktuelle Darstellung der Situation wird durch Auswertungen ergänzt, die für spezifische Fragestellungen des Herden- und Qualitätsmanagements gestaltet wurden.

So sind im Abschnitt „Eutergesundheit“ jene Kühe aufgelistet, deren Zellzahlergebnis beim aktuellen bzw. bei den beiden zurückliegenden Probemelkungen über dem Grenzwert von 200 liegen oder die in diesem Zeitraum eine Mastitis-Diagnose hatten (Abbildung 2).

| Ergebnis der Probemelkung | | | | | | | | | | | | |
|---------------------------|----------|----------------|----|-----|--------|---------|-------|--------|--------|-------|-------|----|
| Nr. | Name | Lebensnummer | L. | Tg. | v_Mkg | M-kg | Fett% | Eiw% | Zellz. | FEQ | Harn. | KI |
| 19 | SELLA | AT 999.225.266 | 10 | 322 | T | trocken | | | | | | |
| 21 | GAMSA | AT 999.900.966 | 10 | 241 | 25,0 | 13,2 | 4,30 | 3,12 - | 148 | 1,38 | 19 | 2 |
| 25 | BLOAMA | AT 999.918.866 | 8 | 479 | T | trocken | | | | | | |
| 31 | BLUETE | AT 999.651.234 | 7 | 294 | 16,4 | 11,4 | 5,50 | 3,94+ | 60 | 1,40 | 15 | 8 |
| 32 | ZOE | AT 999.714.534 | 7 | 321 | T | trocken | | | | | | |
| 35 | GABI | AT 999.461.642 | 7 | 20 | T | 21,4 | 3,99 | 3,24 | 120 | 1,23 | 16 | 5 |
| 37 | ASMIN | AT 999.560.542 | 6 | 194 | 22,6 ! | 17,4 | 5,41 | 3,17 - | 175 | 1,71+ | 25 | 2 |
| 41 | STRAUSSA | AT 999.327.845 | 5 | 28 | T | 27,6 | 4,00 | 2,86 - | 31 | 1,40 | 18 | 2 |
| 42 | LOLITA | AT 999.857.145 | 6 | 11 | T | 28,2 | 4,03 | 3,33 | 16 | 1,21 | 17 | 5 |
| 43 | BIENE | AT 999.326.745 | 5 | 215 | 21,2 | 12,4 | 4,75 | 3,30 | 243! | 1,44 | 23 | 5 |

Abbildung 1: Das Ergebnis der Probemelkung fasst bereits auf der ersten Seite des MLP-Berichtes wesentliche Aussagen wie Leistungsabfall, Auffälligkeiten bei den Inhaltsstoffen und erhöhte Zellgehalte der Milch zusammen.

| Eutergesundheit | | | | | | | |
|--|--------|----------------|----|-----|----------------------|----------------------|----------------------|
| Kühe mit Zellzahl über 200.000 oder mit Euterdiagnosen | | | | | | | |
| Nr. | Name | Lebensnummer | L. | Tg. | 17.10.07 Zellzahl | 04.09.07 Zellzahl | 25.07.07 Zellzahl |
| | GRAZIA | AT 999.561.611 | 8 | 20 | 8240 | Ⓧ | T 341 |
| | GUGGI | AT 999.316.447 | 3 | 184 | 4409 | 19 | 668 |

Abbildung 2: Auswertung Eutergesundheit am Tagesbericht.

Bei der Darstellung der Fütterungs- und Stoffwechsellkennzahlen werden in der gleichen Logik jene Kühe gesondert ausgewiesen, die bei den Milchinhaltstoffen je nach Laktationsabschnitt auffällig sind oder im Beobachtungszeitraum eine einschlägige

Diagnose hatten. Sinngemäß wird auch bei der Darstellung der Fruchtbarkeitssituation vorgegangen, wobei sich hier eine tierindividuelle Zeitachse von Abkalbung über Belegung und Sollkalbedatum ergibt (Abbildung 3).

| Betriebsdatenübersicht und Fruchtbarkeit | | | | | | | | | | |
|--|-------------------|-----------|----------|--------------|----------------|--------|----------|-------------------|-----|--|
| Tier | | Abkalbung | | | Belegung | | | Leistungsdaten | | |
| Nr. | Name | Lakt. | Abk.dat. | Bel.datum | Sollkalb. | Gzw R | M-kg | lfd. Laktation | | |
| R | Lebensnummer | Eka/Zkz | Rast/SP | Stiername | Stiernummer | | Mbk | Standardlaktation | | |
| | DESY | 6 | 10.04.07 | Ⓧ08.11.07(4) | 24.08.08 | HF | 14,8 203 | 5.556 3,87 2,93 | 378 | |
| | FL AT 999.894.142 | 348 | 67/212 | SERAPHIN RED | DE 05 34346761 | | | | | |
| | GITTI | 1 | 02.06.06 | Ⓧ16.03.07(4) | 31.12.07 | 118 FL | T 480 | 7.681 3,87 3,26 | 548 | |
| | FL AT 999.981.972 | 26 Mo. | 109/287 | RANDALF | AT 999.196.645 | | 2,00 305 | 5.921 3,92 3,13 | 417 | |

Abbildung 3: Darstellung der Fruchtbarkeitssituation am Tagesbericht.

Besonderes Augenmerk wurde bei der Gestaltung des Berichtes darauf gelegt, dass in wenigen Augenblicken die wesentlichen Aussagen erfasst werden können. Dazu wurde eine kompakte tabellarische Darstellung für das Ergebnis der Probemelkung auf der ersten

Seite und unter anderem insgesamt vier grafische Auswertungen am Ende des Berichtes gestaltet, die einen raschen Herdenüberblick zur Eutergesundheit und Fütterung erlauben.

Grafische Auswertungen zum raschen Herdenüberblick

Die Grafiken zum Harnstoff- und Eiweißgehalt („9 Felder Diagramm“) und zum Eiweißgehalt nach Milchmenge wurden verbessert und um den Zellzahlverlauf und den Fett-Eiweiß-

Quotienten im Verlauf der Laktation ergänzt. Ziel der Grafiken ist es, die Fütterungssituation abzubilden und rasch und intuitiv verständlich zu sein. Zur besseren Interpretation ist das aktuelle Ergebnis zudem tabellarisch dargestellt.

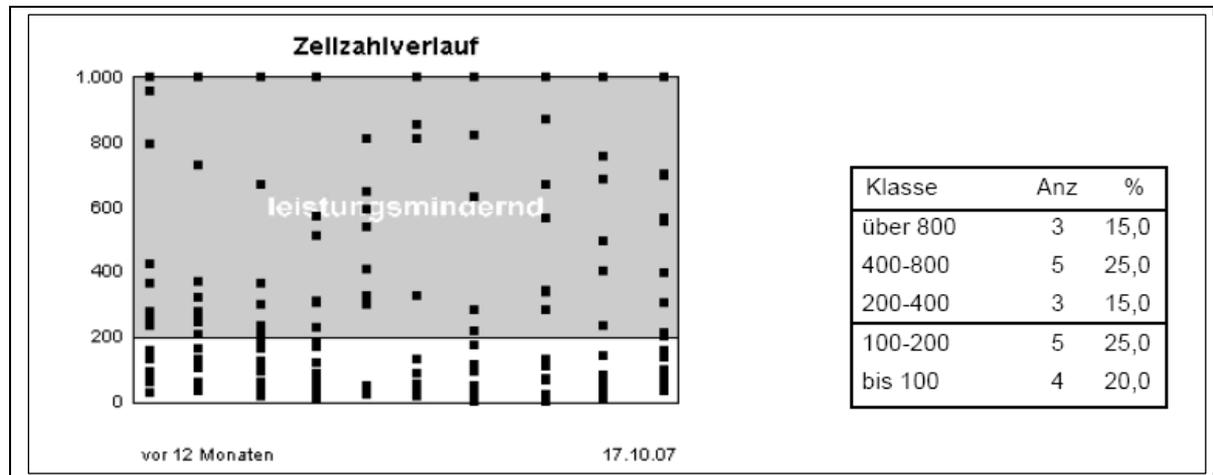


Abbildung 4: Die Zellzahlresultate der Einzelkühe sind zu den jeweiligen Probemelkterminen als Stapeldiagramm dargestellt. Die Tabelle enthält das aktuelle Ergebnis.

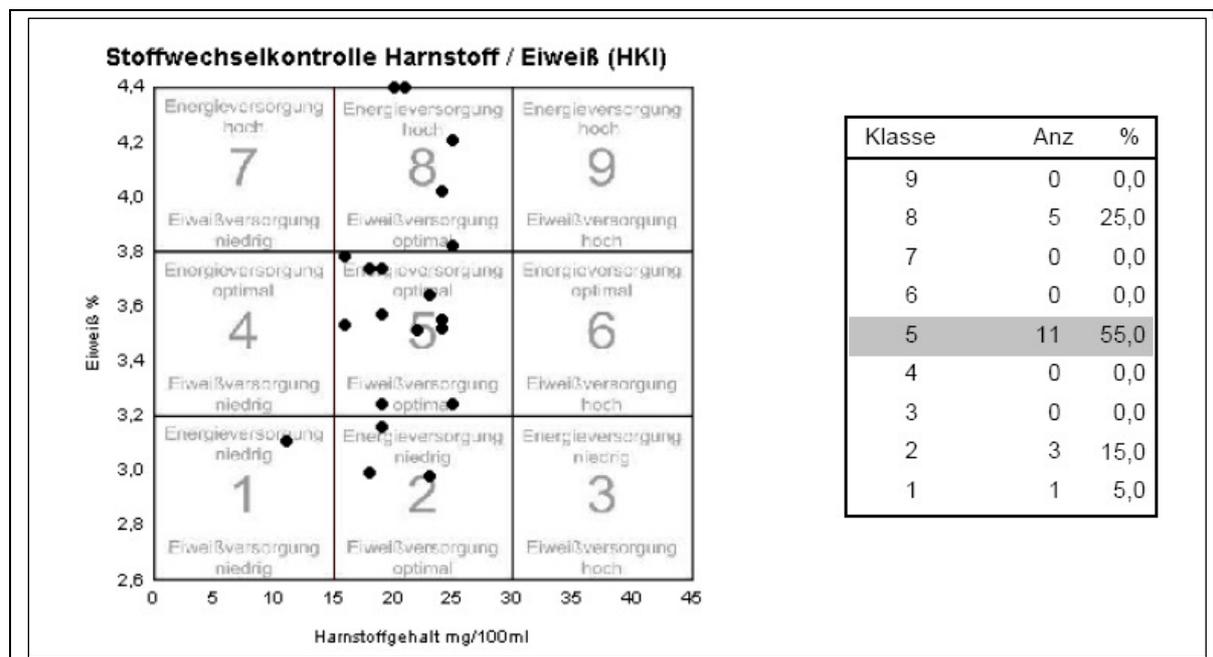


Abbildung 5: Im 9-Felderdiagramm sind die einzelnen Kühe als Punkte eingetragen. Die Nummern der Felder finden sich im „Ergebnis der Probemelkung“ in der Spalte Kl. Die Standardinterpretation ist in das jeweilige Feld eingedruckt.

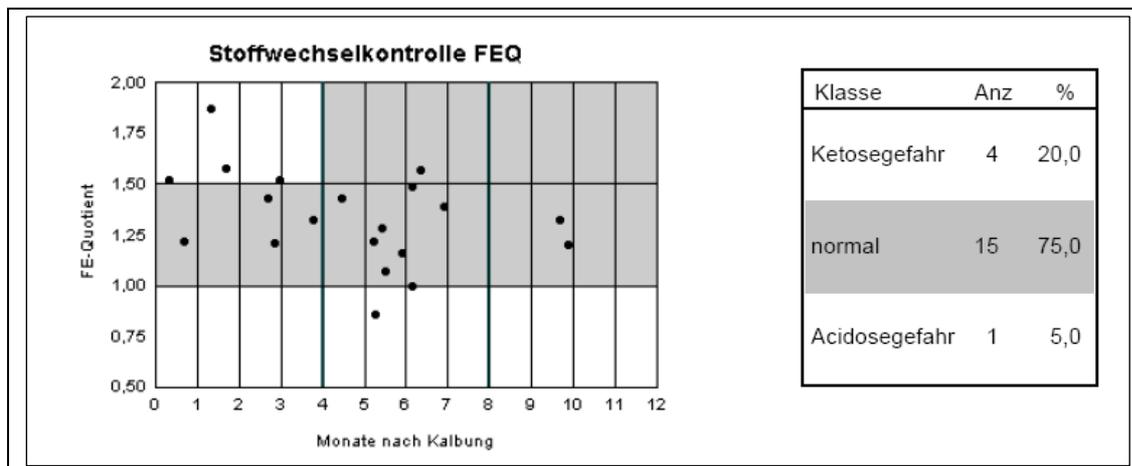


Abbildung 6: Der Fett-Eiweiß-Quotient (FEQ) gibt zur Stoffwechselkontrolle je nach Laktationsstadium unterschiedliche Aussagen, die in dieser Grafik wiedergegeben werden. Der grau hinterlegte Bereich gilt nach Aussagen der Fütterungsexperten der ÖAG als normal und unauffällig. Kühe, die rasche Aufmerksamkeit bedürfen, sind in den weißen Feldern eingezeichnet. Die Laktation selbst wird optisch in drei Abschnitte zu je 4 Monaten (120 Tage) unterteilt, was mit den tabellarischen Darstellungen der Laktationsdrittel im Bereich „Fütterung und Stoffwechsel“ des Tagesberichtes weitgehend übereinstimmt.

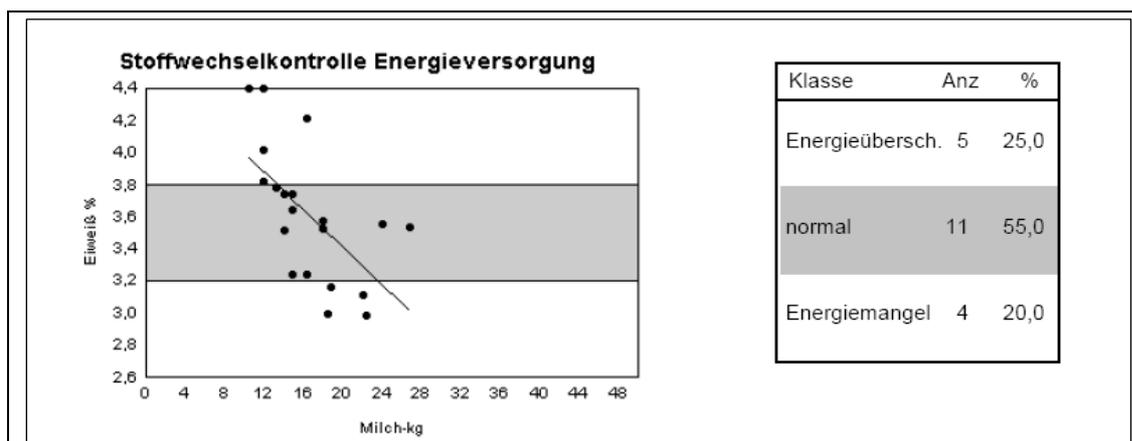


Abbildung 7: Der Eiweißgehalt nach Leistungshöhe gestattet einen Rückschluss auf die Energieversorgung der Kuh.

Resümee

Der Tagesbericht der Milchleistungsprüfung bietet umfassende Ansätze zur betrieblichen Optimierung der Produktion und der produktionsbegleitenden Qualitätssicherung. Hier haben die LKV-Mitglieder die besondere Möglichkeit einzeltierbezogene Parameter zu nutzen und damit die Qualität des Lebensmittels Milch auf höchstem Niveau zu halten. Mit den Auswertungen der Ergebnisse und insbesondere der Fitness- und Gesundheitszuchtwerte haben die Züchter und alle Rinderbauern die Möglichkeit über die richtige Anpaarung die Qualitätsanforderungen der

Konsumenten nachhaltig zu erreichen und abzusichern.

Die notwendige Unterstützung bei der Nutzung der umfassenden Datengrundlage wird den Betrieben über die Kontrollorgane der LKVs, den Beratern der Zuchtorganisationen und in Bildungsveranstaltungen gewährt, die sehr gut angenommen werden.

Danksagung

- dem Bundesministerium für Land-, Forstwirtschaft, Umwelt und Wasserwirtschaft und den Bundesländern für die finanzielle Unterstützung.
- den teilnehmenden Bauern

Genetische Grundlagen und Zuchtwertschätzung für Eutergesundheit

Birgit Fürst-Waltl und Christian Fürst

1. Einleitung

In den vergangenen ein bis zwei Jahrzehnten gab es enorme Entwicklungen in der Tierzucht. Durch rasante Entwicklungen im Bereich der Computertechnologie konnte eine Vielzahl an Daten mit ausgefeilteren Methoden analysiert werden. Gleichzeitig wurde aber auch verstärkt Augenmerk auf lange vernachlässigte Merkmale, v.a. im Fitnessbereich, gelegt und diese ins Zuchtziel miteinbezogen. Auf Grund von negativen genetischen Beziehungen zu Milchleistungsmerkmalen (Heringstad et al., 2000, Fürst und Fürst-Waltl, 2011) spielt dies für Merkmale der Eutergesundheit eine besonders große Rolle. Daher wird seit nunmehr 9 Jahren eine gemeinsame Zuchtwertschätzung für Deutschland und Österreich für das Merkmal Zellzahl durchgeführt. Die Zellzahl fungiert dabei als so genanntes Hilfsmerkmal, da eine enge genetische Beziehung zum Zielmerkmal Mastitis besteht und Mastitisfälle selbst lange Zeit nicht routinemäßig erfasst werden konnten. Im Gesamtzuchtwert wird die Zellzahl derzeit beispielsweise beim Fleckvieh mit einem wirtschaftlichen Gewicht von 9,7% berücksichtigt und zeigt damit die hohe wirtschaftliche Bedeutung der Eutergesundheit. Den Euterkomplex betreffend besteht auch eine Zuchtwertschätzung für Euterexterieurmerkmale, einige dieser Merkmale werden als Hilfsmerkmale für die Nutzungsdauer-ZWS verwendet.

Die genetische Korrelation zwischen der Zellzahl und der Mastitis liegt nicht bei 1 (z.B. Koeck et al., 2010b; Fürst und Fürst-Waltl, 2011), was bedeutet, dass durch die Zellzahl nur ein Teilaspekt der Eutergesundheit abgebildet wird. Hohe gemessene Zellzahlwerte treten eher bei chronischen und subklinischen Fällen auf, während akute klinische Fälle bei der Milchleistungsprüfung häufig unentdeckt bleiben. Da umgekehrt aber

subklinische Fälle häufig nicht diagnostiziert werden, wäre die Kombination beider Merkmale optimal (z.B. Negussie et al., 2008; Fürst-Waltl et al., 2010; siehe auch Fürst und Fürst-Waltl, 2011). Die routinemäßige Erfassung von Gesundheitsdaten in Österreich ermöglichte die Einführung einer Zuchtwertschätzung für das direkte Zielmerkmal Mastitis. Im Folgenden werden neben einigen Grundlagen die aktuellen Zuchtwertschätzungen für den Euterkomplex kurz dargestellt.

2. Grundlagen der Zuchtwertschätzung

In der modernen Tierzucht sind geschätzte Zuchtwerte die wichtigsten Hilfsmittel zur Selektion. In der Zuchtwertschätzung werden Abstammungsinformationen und Leistungsdaten kombiniert und mit Hilfe statistischer Verfahren die genetische Veranlagung eines Tieres bewertet. Ziel der Zuchtwertschätzung ist die Erstellung einer Rangierung der Tiere einer Population gemäß ihrem züchterischen Wert. Die Zuchtwerte sollen eine Hilfe bei der gezielten Auswahl der Tiere für die Weiterzucht sein.

Unter dem **Zuchtwert** versteht man die im Durchschnitt bei den Nachkommen wirksamen Erbanlagen. Mit dem Zuchtwert eines Tieres soll nicht die eigene Leistung beurteilt werden, sondern die Leistung seiner Nachkommen, wenn es an durchschnittliche Paarungspartner angepaart wird. Der wahre Zuchtwert eines Tieres ist nur ein hypothetischer, grundsätzlich unbekannter Wert, weil die für seine Erfassung notwendigen Bedingungen in der Praxis nie zur Gänze erfüllbar sind.

Die **grundsätzlichen Prinzipien** der Zuchtwertschätzung beruhen auf zwei zentralen Annahmen:

1.: Die Leistung wird bei den meisten Merkmalen sowohl durch die genetische Veranlagung als auch durch die Umwelt geprägt. Als Grundgleichung der Tierzucht gilt deshalb:

$$\text{Leistung} = \text{Genetik} + \text{Umwelt}$$

Aufgabe der Zuchtwertschätzung ist die Trennung der genetischen von den umweltbedingten Einflüssen. Einige wichtige Umwelteinflussfaktoren, die in der Zuchtwertschätzung korrigiert werden müssen, sind z.B. das Betriebsmanagement (Fütterung, Haltung, usw.), das Alter oder der Bewerter beim Exterieur.

2.: Über die genetische Veranlagung eines Tieres sagt nicht nur seine eigene Leistung etwas aus, sondern auch die Leistungen verwandter Tiere, weil verwandte Tiere einen bestimmten Anteil gleicher Gene haben.

Bei der Methode des BLUP (**B**est **L**inear **U**nbiased **P**rediction)-Tiermodells werden die Zuchtwerte aller Tiere gleichzeitig unter Einbeziehung aller Verwandtschaftsinformationen geschätzt. Das heißt, dass für den Zuchtwert eines Tieres nicht allein die Leistung seiner Nachkommen ausschlaggebend ist, sondern z.B. auch jene der Nachkommen seines Vaters, seines Muttersvaters oder auch seiner Enkel. Neben der Umweltkorrektur findet gleichzeitig eine bestmögliche Berücksichtigung des Anpaarungsniveaus statt. Bei der Heranziehung der Nachkommenleistung für die Zuchtwertschätzung spielt die genetische Veranlagung der Paarungspartner eine wichtige Rolle, die durch Vorselektion oder Zufall beträchtlich vom Populationsmittel abweichen kann. Es wird versucht, diese verzerrenden Effekte rechnerisch entsprechend zu berücksichtigen.

Die **Sicherheit** ist ein Maß für die Qualität bzw. Zuverlässigkeit eines geschätzten Zuchtwertes. Die Angabe der Sicherheit erfolgt üblicherweise in Prozent, wobei Werte nahe 100% auf einen zuverlässig geschätzten Zuchtwert und damit geringen Schätzfehler hindeuten. Die Sicherheit hängt einerseits von der Anzahl und Qualität der Informationen (Eigenleistung, Leistungen bzw. Exterieur der Nachkommen und sonstiger Verwandter) und

andererseits von der Heritabilität (Erblichkeitsgrad) des Merkmales ab. Generell gilt, dass das züchterische Risiko umso geringer wird, je höher die Sicherheit ist. Generell stellt aber der geschätzte Zuchtwert unabhängig von der Sicherheit den wahrscheinlichsten Wert dar.

Durch die **Standardisierung** auf **Relativzuchtwerte** werden verschiedene Zuchtwerte besser miteinander vergleichbar gemacht. Naturalzuchtwerte sind nur bei Kenntnis der Standardabweichung interpretierbar. Die Standardisierung erfolgt in Österreich für Rinder auf ein Mittel von 100 und eine genetische Standardabweichung von 12 Punkten. Mit Ausnahme einzelner linear beschriebener Exterieurmerkmale gilt die Regel: je höher der Zuchtwert umso besser. Bei Merkmalen, bei denen beim Naturalzuchtwert niedrigere Werte erwünscht sind (z.B. Mastitis, Totgeburtenrate) muss daher das Vorzeichen geändert werden. Unabhängig vom Merkmal bedeutet z.B. ein Zuchtwert von 124 (2 genetische Standardabweichungen über dem Durchschnitt), dass das Tier zu den etwa 2% besten Vererbern für dieses Merkmal zählt.

Die **Basis** stellt in der Zuchtwertschätzung den Bezugspunkt für die geschätzten Zuchtwerte dar. Diese Bezugsbasis wird bei jeder Zuchtwertschätzung aktualisiert, d.h. um 1 Jahr nachgerückt (gleitende Basis). So bilden z.B. bei Fleckvieh und Braunvieh 8 bis 10 Jahre alte Stiere die Basis, d.h. dass diese Stiere im Durchschnitt bei allen Relativzuchtwerten auf 100 gesetzt werden. Die Verwendung einer laufend aktualisierten Bezugsbasis hat den Vorteil, dass sich die Zuchtwerte immer auf die aktuelle Population beziehen. Dies bedeutet gleichzeitig, dass die Zuchtwerte von älteren Tieren (bei positivem Zuchtfortschritt) kontinuierlich „abgeschrieben“ werden. Dieser Umstand kommt dadurch zustande, dass die jüngeren Jahrgänge bei einem positiven Zuchtfortschritt den älteren im Durchschnitt genetisch überlegen sind und damit die Latte von Jahr zu Jahr höher gelegt wird.

3. Allgemeines zur züchterischen Bearbeitung der Eutergesundheit

Die Optimierung von Umweltbedingungen ist zwar ein wesentlicher Bestandteil der Verbesserung der Eutergesundheit, zusätzlich stellt aber die Verbesserung durch züchterische Maßnahmen einen nachhaltig wirkenden Ansatz dar (Kühn, 2007). Um Merkmale züchterisch verbessern zu können, müssen einige grundlegende Bedingungen erfüllt werden. Allem voran muss eine routinemäßige Datenerhebung und elektronische Erfassung möglich sein. Darüber hinaus bestimmen folgende vier Faktoren der Zuchtfortschritt (oder auch Selektionserfolg), die wichtigste züchterische Zielgröße eines Zuchtprogramms (z.B. Fürst et al., 2009):

- **Erblich bedingte Streuung eines Merkmals** (genetische Variabilität)
Diese ist populationsspezifisch und muss daher für jede Zuchtpopulation getrennt geschätzt werden. Je breiter die erblich bedingte Streuung ist, desto rascher kann eine züchterische Verbesserung erzielt werden. Aus dem Verhältnis der erblich bedingten Streuung zur Gesamtstreuung eines Merkmals leitet sich dessen Heritabilität (Erblichkeitsgrad) ab. Sowohl für die Zellzahl als auch für die Mastitis gibt es ausreichende erblich bedingte Streuung, wie in zahlreichen Publikationen gezeigt werden konnte (z.B. Koeck et al., 2010b; Heringstad et al., 2007). Da die Umwelt wie bei den meisten Fitnessmerkmalen einen sehr großen Einfluss hat, ist die Gesamtstreuung hoch und damit die Heritabilität relativ niedrig.
- **Sicherheit der Zuchtwertschätzung**
Je höher die Sicherheit der geschätzten Zuchtwerte ist, desto geringer sind Fehlentscheidungen bei der Selektion der Elterntiere und umso größere Zuchtfortschritte können daher erwartet werden. Da die Sicherheit der Zuchtwerte von der Heritabilität und der Anzahl an Leistungsinformationen abhängt, ist also gerade bei Merkmalen mit niedriger Heritabilität eine entsprechend große Anzahl an Daten nötig

um entsprechenden Zuchtfortschritt zu gewährleisten.

- **Selektionsintensität**
Diese drückt den Anteil der für die Weiterzucht erforderlichen Elterntiere an den für die Selektion verfügbaren Zuchttieren aus. Je geringer dieser Anteil (d.h. je kleiner der Remontierungsanteil ist), umso höher ist die Selektionsintensität und umso größere Zuchtfortschritte können erzielt werden. Wird nach Gesamtzuchtwert selektiert, spielt in diesem Zusammenhang also auch die wirtschaftliche Gewichtung des Einzelmerkmals im Gesamtzuchtwert eine große Rolle. Je höher das Gewicht ist, umso stärkeren Einfluss hat das Merkmal auf die Selektionsentscheidungen und umso höher kann der Zuchtfortschritt ausfallen. Will man also z.B. in bestimmten Merkmalen einen höheren Zuchtfortschritt erzielen, kann das Gewicht im Gesamtzuchtwert erhöht werden (siehe auch Beitrag Egger-Danner und Willam, 2011).
- **Generationsintervall**
Unter Generationsintervall versteht man das durchschnittliche Alter der Eltern bei der Geburt ihrer Nachkommen. In einem praktischen Rinderzuchtprogramm beträgt das durchschnittliche Generationsintervall im Durchschnitt etwa fünf Jahre. Da üblicherweise der Zuchtfortschritt pro Jahr ausgedrückt wird, muss der pro Generation auf den einzelnen Selektionspfaden erreichte Zuchtfortschritt noch durch das jeweilige Generationsintervall geteilt werden. Maßnahmen, die das Generationsintervall verkürzen haben also direkten Einfluss auf den Zuchtfortschritt - aktuell spielt hier die genomische Selektion eine große Rolle.

In einem Zuchtprogramm ist es daher wichtig, die für den Zuchtfortschritt bestimmenden Faktoren Selektionsintensität und Sicherheit der ZWS auf der einen Seite, und als Gegenspieler das Generationsintervall auf der anderen Seite, in ein ausgewogenes Verhältnis zu bringen.

4. Zucht auf Eutergesundheit international

International wird die Eutergesundheit zwar in den meisten Ländern berücksichtigt, aber ähnlich wie bis vor kurzem in Österreich erfolgt dies über das Hilfsmerkmal Zellzahl bzw. Exterieurbewertungen. Die Ausnahme stellen die skandinavischen Länder dar, in denen bereits eine lange Tradition der Erhebung von Gesundheitsdaten besteht. Dadurch gibt es in Norwegen, Finnland, Schweden und Dänemark bereits seit vielen Jahren eine routinemäßige Zuchtwertschätzung für Mastitisresistenz basierend auf tierärztlichen Diagnosen. Als erstes skandinavisches Land berücksichtigte Norwegen bereits im Jahr 1978 das direkte Merkmal Mastitisresistenz im Gesamtzuchtwert, nach Finnland und Schweden 1982 und 1984 folgte Dänemark im Jahr 1990 (Heringstad, 2009).

Am Beispiel Norwegen ist ganz klar ersichtlich, dass Zucht auf Gesundheit möglich ist: seit 1990 wurde ein Zuchtfortschritt von 0,3% weniger Mastitis pro Jahr erzielt. Abgesehen von der guten Datengrundlage ist einer der entscheidenden Erfolgsfaktoren sicherlich die Gewichtung im Gesamt-

zuchtwert: Wurde Mastitis im Jahr 1978 noch mit 3% berücksichtigt, erhöhte sich das Gewicht laufend und betrug schließlich 21% im Jahr 2009 (Heringstad, 2009).

Darüber hinaus wurde in Norwegen ein Selektionsexperiment durchgeführt, in dem eindrucksvoll der mögliche Zuchtfortschritt bei direkter Selektion auf Mastitisresistenz gezeigt werden konnte (Heringstad et al., 2007). Dazu wurde in Testherden einerseits auf hohe Eiweißmenge, andererseits auf Mastitisresistenz selektiert. Im Vergleich zur Selektionsgruppe auf Eiweißmenge führte die direkte Selektion auf Mastitisresistenz nach 5 Kuhgenerationen nicht nur zu einem deutlichen Zuchtfortschritt in der Mastitisresistenz (Abb. 1) sondern auch zu einem korrelierten Zuchtfortschritt in den Merkmalen Ketose und Nachgeburtungsverhalten. Die Autoren schließen daraus, dass Selektion auf Mastitisresistenz indirekt eine Selektion auf robustere Kühe darstellt. Heringstad (2009) folgerte aus den genetischen Trends der Norwegischen Roten außerdem, dass gleichzeitiger Zuchtfortschritt für Milch und Mastitis möglich ist, wenn alle Merkmale im Gesamtzuchtwert berücksichtigt werden, die wirtschaftlichen Gewichte genügend hoch sind und die Merkmale in ausreichend großen Töchtergruppen erfasst werden.

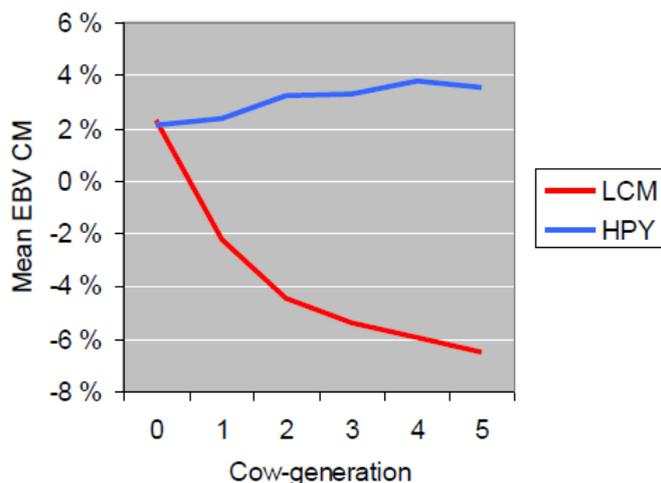


Abb. 1: Genetische Trends für Mastitis (Mean EBV CM) für 2 Selektionsgruppen in einem norwegischen Selektionsexperiment (hohe Eiweißleistung = HPY bzw. hohe Mastitisresistenz = LCM; Heringstad et al., 2007; Quelle der Grafik: Heringstad, 2009)

5. Zuchtwertschätzungen für den Eutergesundheitskomplex

Hinsichtlich des Euters und der Eutergesundheit gab es wie bereits erwähnt bis vor kurzem nur die Zuchtwertschätzungen für Zellzahl und für Merkmale des Euters, die im Rahmen der Exterieurbeurteilung bzw. Beschreibung erhoben werden. Erst durch die Erhebung von Gesundheitsdaten im Rahmen des Projektes Gesundheitsmonitoring Rind wurde eine Zuchtwertschätzung für Mastitis (derzeit nur für Fleckvieh) ermöglicht. Detailliertere Beschreibungen der Zuchtwertschätzungen sind unter www.zar.at zu finden.

5.1 Zuchtwertschätzung für Zellzahl

Eine länderübergreifende Zuchtwertschätzung für die Zellzahl für die Rassen Fleckvieh, Braunvieh, Gelbvieh, Pinzgauer und Grauvieh wurde 2002 eingeführt, mit der Durchführung ist die LfL Grub betraut. Die Holstein-Zuchtwertschätzung wird vom VIT Verden durchgeführt.

In der Zuchtwertschätzung werden die seit 1990 angefallenen Zellzahlergebnisse vom 8. bis zum 312. Laktationstag der Laktationen 1 bis 3 berücksichtigt. Die Verteilung der Zellzahlen in der Praxis - mit den meisten Werten im niedrigen bis mittleren Bereich und relativ wenigen extrem hohen Werten - entspricht nicht einer Normalverteilung wie sie bei der Zuchtwertschätzung angenommen wird. Um die gewünschte Form der Verteilung zumindest näherungsweise zu erreichen, erfolgt vor der Zuchtwertschätzung eine

Tabelle 1: Heritabilitäten (in %) und genetische Korrelationen für die Merkmale der Zellzahl (SCS) in der 1., 2. und 3. Laktation

| | 1. Lakt. | 2. Lakt. | 3. Lakt. |
|----------|----------|----------|----------|
| 1. Lakt. | 10 | 0,88 | 0,83 |
| 2. Lakt. | | 12 | 0,95 |
| 3. Lakt. | | | 13 |

logarithmische Transformation der Zellzahlen zum Somatic Cell Score (SCS): $SCS = \log_2(\text{Zellzahl} / 100.000) + 3$. Eine Zellzahl von 100.000 entspricht z.B. einem SCS von 3.

Die Zuchtwertschätzung wird für die einzelnen Rassen getrennt mit einem Mehrmerkmals-Testtags-Tiermodell (Fixed Regression) durchgeführt. Neben der Zellzahl werden auch Zuchtwerte für die Melkbarkeit geschätzt (außer bei Holstein). Als Effekte werden Herdentesttag, Region*Kalbejahr*Kalbesaison*Kalbealter, Abstand zum Kalben, Kalbealter, Tier und permanenter Umwelteffekt der Kuh in der Zuchtwertschätzung berücksichtigt. Die Schätzung der Zuchtwerte wie auch die Approximation der Sicherheiten der geschätzten Zuchtwerte erfolgt mit dem Programmpaket MiX99 (Lidauer et al., 2008). Die in der Zuchtwertschätzung unterstellten genetischen Parameter gehen aus Tabelle 1 hervor.

Bei dem für SCS veröffentlichten Zuchtwert handelt es sich um den Durchschnittswert der für die drei Laktationen geschätzten Einzelzuchtwerte. Der Zuchtwert für SCS wird ausschließlich als Relativzuchtwert veröffentlicht. Abb. 2 zeigt den Zusammenhang zwischen Zuchtwert des Vaters und durchschnittlicher Zellzahl seiner Töchter. In der 3. Laktation besteht ein Unterschied von mehr als 100.000 Zellen zwischen den besten und schlechtesten Vererbern. Im Gesamtzuchtwert ist die Zellzahl bei Fleckvieh und Braunvieh aktuell mit 9,7% und 10% gewichtet.

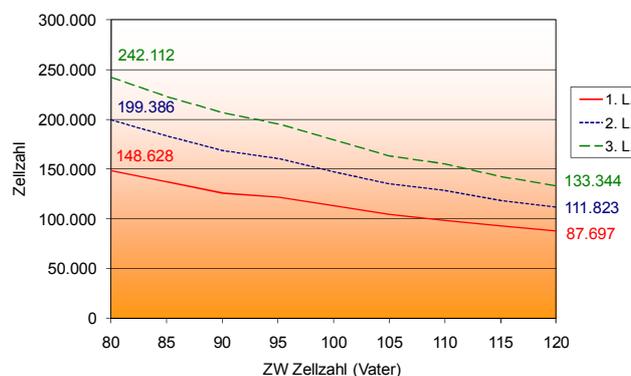


Abb. 2: Zusammenhang zw. ZW Zellzahl des Vaters und Zellzahl der Töchter beim Fleckvieh

5.2 Zuchtwertschätzung für Eutermerkmale

Die Leistungsprüfung im Bereich der Exterieurmerkmale ist die Beschreibung/Bewertung verschiedener Körpermerkmale von Töchtern eines Stieres aus dem Prüfeinsatz. Bei allen Rassen wird für das Euter eine Hauptnote vergeben sowie eine unterschiedlich große Anzahl von Einzel-Eutermerkmalen beschrieben. Die Beschreibung erfolgt von einem Extrem zum anderen auf einer Skala von 1 bis 9. Beim Braunvieh und Holstein werden die Hauptnoten auf einer Skala von 60 bis 99 bewertet. Einige funktional bedeutende Eutermerkmale (Zentralband, Euterboden und Strichstellung (Fleckvieh) bzw. Strichlänge (Braunvieh)) sind Hilfsmerkmale für die Nutzungsdauer-Zuchtwertschätzung.

Die Exterieurzuchtwertschätzung wird gemeinsam mit Deutschland (beim Fleckvieh zusätzlich Italien) durchgeführt. Sie erfolgt mit

einem BLUP-Tiermodell, die Durchführung der Zuchtwertschätzung obliegt der LfL Grub (Krogmeier, 2003) für alle Rassen außer Holstein (VIT Verden) und Grauvieh (ZuchtData). Die Schätzung erfolgt mit dem Programmpaket MiX99 von Lidauer et al. (2008). Als Effekte werden im Modell Beurteiler-Jahr, Jahr-Saison, Abstand zur Kalbung, Region-Herdenklasse-Jahr bzw. Betrieb und Betrieb-Jahr, Erstkalbealter, Abstand vom Melken und Tier berücksichtigt. Trotz regelmäßiger Bewerter Schulungen wird die Bewertungs- bzw. Beschreibungsskala von den einzelnen Bewertern unterschiedlich ausgenutzt. Die sich dadurch ergebenden Unterschiede in der Streuung zwischen den Bewertern (s.g. heterogene Varianzen) werden in der Zuchtwertschätzung zusätzlich korrigiert.

Die Heritabilitäten der Eutermerkmale für Fleckvieh, Pinzgauer, Braunvieh und Grauvieh sind in Tabelle 2 zu finden.

Tabelle 2: Heritabilitäten für Eutermerkmale (h^2 in %) für Fleckvieh, Pinzgauer, Braunvieh und Grauvieh.

| Fleckvieh, Pinzgauer | | Braunvieh | | Grauvieh | |
|----------------------|-------|-------------------|-------|------------------|-------|
| Merkmal | h^2 | Merkmal | h^2 | Merkmal | h^2 |
| Euter | 24 | Euter | 34 | Euter | 43 |
| Voreuterlänge | 23 | Voreuterlänge | 21 | Baucheuter | 28 |
| Schenkeleuterlänge | 26 | Hintereuterbreite | 20 | Schenkeleuter | 33 |
| Voreuteraufhängung | 21 | Hintereuterhöhe | 18 | Eutersitz | 37 |
| Zentralband | 17 | Zentralband | 22 | Strichausbildung | 35 |
| Euterboden | 33 | Eutertiefe | 37 | | |
| Strichlänge | 41 | Strichlänge | 48 | | |
| Strichdicke | 32 | | | | |
| Strichplatzierung | 28 | Strichplatzierung | 35 | | |
| Strichstellung | 31 | Strichstellung | 31 | Strichstellung | 25 |
| Euterreinheit | 28 | Euterreinheit | 22 | Euterreinheit | 7 |

Die geschätzten Zuchtwerte werden ausschließlich als Relativzuchtwerte ausgewiesen und meist in Form eines Balkendiagramms veröffentlicht. Zur leichteren Orientierung wird bei Merkmalen mit intermediärem Optimum der erwünschte Bereich mit einem Rechteck gekennzeichnet. Bei den Rassen Fleckvieh, Braunvieh und Pinzgauer werden die Exterieur-Zuchtwerte nur dann

veröffentlicht, wenn Daten von mindestens 20 Töchtern vorliegen oder eine Sicherheit von mind. 85% erreicht wird, beim Grauvieh sind 10 Töchter ausreichend.

Neben der linearen Beschreibung der Exterieurmerkmale werden zusätzlich je nach Rasse ca. 20 Exterieurmängel erfasst, die eine wirtschaftliche Bedeutung besitzen bzw. diese bei verstärktem Auftreten erlangen können.

Treten diese Mängel in einer bestimmten Häufigkeit in der Nachzucht eines Prüfstieres auf, dann erfolgt beim Fleckvieh und Braunvieh eine Veröffentlichung.

Die Entwicklung der Eutermerkmale war in den letzten Jahren überwiegend positiv. Sowohl beim Fleckvieh als auch beim Braunvieh hat sich die Hauptnote Euter relativ deutlich verbessert.

5.3 Zuchtwertschätzung für Mastitis

Seit April 2009 wurden Zuchtwerte für Gesundheitsmerkmale für Fleckvieh-Stiere geschätzt und von der ZuchtData den österreichischen Zuchtorganisationen und Züchtern zur Verfügung gestellt. Seit Dezember 2010 sind die Gesundheitszuchtwerte der Fleckvieh-Stiere offizielle Zuchtwerte in der gemeinsamen ZWS Österreich/Deutschland.

Datengrundlage für die Mastitis-Zuchtwertschätzung sind tierärztliche Diagnosen von den Arzneimittelabgabe- und Anwendungsbelegen, die im Rahmen des Gesundheitsmonitorings seit 2006 vorerst nur in Österreich erhoben werden. Diese Daten werden entweder elektronisch direkt vom Tierarzt übermittelt oder im Rahmen der Leistungskontrolle von den Kontrollorganen erfasst. Für die Zuchtwertschätzung wird überprüft, ob die Kuh im jeweiligen Zeitraum gesund war oder vom Tierarzt behandelt wurde. Wiederholte tierärztliche Behandlungen werden nicht berücksichtigt.

Mit der Datenvalidierung wird gewährleistet, dass nur Daten von Betrieben in die Zuchtwertschätzung eingehen, die aktiv am Gesundheitsmonitoring teilnehmen und die Diagnosen weitgehend vollständig vorliegen. Bevor die Diagnosedaten im Rinderdatenverbund gespeichert werden, wird eine Plausibilitätsprüfung durchgeführt. Weiters werden verschiedene Datenüberprüfungen durchgeführt, um Betriebe mit unvollständiger Erfassung von Betrieben mit niedriger Frequenz zu unterscheiden. Diese Betriebe werden weitgehend ausgeschlossen bzw. nur der Zeitraum einer validen Datenerfassung für die Zuchtwertschätzung berücksichtigt

In die Zuchtwertschätzung gehen die Merkmale akute und chronische Mastitis -10 bis 150 Tage nach der Abkalbung sowie Abgänge wegen Eutererkrankungen im gleichen Zeitraum ein. Bei den abgegangenen Tieren werden nur Kühe berücksichtigt, die zumindest die Möglichkeit hatten bis zum 100. Tag unter Beobachtung zu sein. D.h. Kühe, die aufgrund anderer Ursachen abgehen (Leistung, Verkauf zur Zucht, usw.), werden nur dann als gesund berücksichtigt, wenn sie nach dem 100. Laktationstag abgegangen sind.

In die Dezember-Zuchtwertschätzung gingen 5.350 validierte Betriebe mit 143.954 Fleckviehkühen ein. Insgesamt lag die Mastitis-Frequenz bei 9,8%, wovon die Abgänge wegen Eutererkrankungen ca. 1,5% ausmachten. Die Zuchtwertschätzung wird mit einem univariaten BLUP-Tiermodell mit dem Programmpaket MiX99 (Lidauer et al., 2008) durchgeführt. Folgende Einflussfaktoren werden in der Zuchtwertschätzung berücksichtigt: Laktation (1-5+)*Kalbealter (6 Klassen in 1. und 2. Laktation), Kalbejahr* Monat, Erfassungsart*Kalbejahr, Betrieb*Kalbejahr (zufällig), permanente Umwelt Tier (zufällig) und genetischer Effekt Tier.

Mit dem Effekt Erfassungsart wird die Art der überwiegenden Erhebungsmethode am Betrieb (elektronisch oder vom Kontrollorgan) berücksichtigt. Werden mehr als die Hälfte der Diagnosen auf einem Betrieb pro Jahr vom Kontrollorgan erfasst, geht das Kontrollorgan direkt in die ZWS ein. Kontrollorgane mit weniger als 5 Betrieben werden zusammengefasst. Kommt der überwiegende Teil der Diagnosen elektronisch vom Tierarzt, so werden diese in eine Klasse zusammengefasst, nur bei Betrieben über 20 Kühen wird noch zwischen 50-75% und über 75% elektronisch unterschieden.

Die Heritabilität für Mastitis wurde mit einem linearen Tiermodell neu geschätzt, sie beträgt 2%. Die Erblichkeitswerte mit einem Schwellenwert-Vatermodell liegen deutlich höher (Koeck et al., 2010a), sind allerdings nicht direkt vergleichbar, da sie auf einer anderen Skala ausgedrückt werden.

Für die meisten anderen Rassen lagen bis vor kurzem noch zu wenige Daten vor, um genetische Analysen durchführen zu können. Im Rahmen einer laufenden Diplomarbeit (Huber, 2011) konnten aber erste Heritabilitäten für Gesundheitsmerkmale beim Braunvieh geschätzt werden. Für die Mastitis lag die Erblichkeit mit einem linearen Tiermodell bei knapp über 3%.

Die Zuchtwerte werden als Relativzuchtwerte (Mittelwert 100, Streuung 12 Punkte) mit der üblichen Basis der 8 bis 10 Jahre alten Stiere veröffentlicht. Zu beachten ist, dass die Skala gedreht wurde, damit höhere Werte züchterisch wünschenswert sind. Die

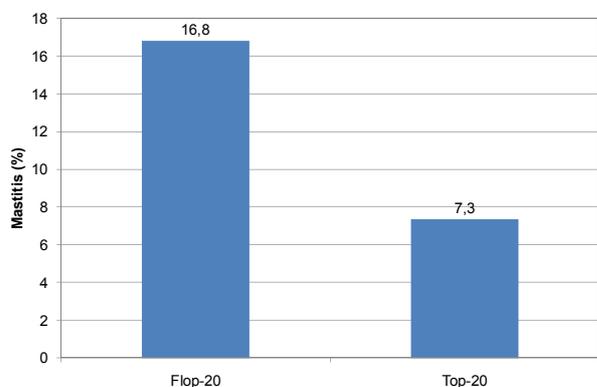


Abb. 3: Durchschnittliche Mastitisfrequenzen der besten und schlechtesten Stiere nach geschätztem ZW (mind. 50% Sicherheit und mind. 10 Datensätze).

6. Schlussbetrachtungen

Die offizielle Veröffentlichung der Gesundheitszuchtwerte stellt einen weiteren Meilenstein in der Zuchtwertschätzung und in der Zucht auf Fitness und Gesundheit dar. Die Daten wurden im Rahmen des Gesundheitsmonitorings Rind in Österreich in den letzten Jahren ausführlich wissenschaftlich analysiert und eine Gesundheits-Zuchtwertschätzung entwickelt. Die Entwicklungen in den skandinavischen Ländern haben klar gezeigt, dass Zucht auf Eutergesundheit mit direkter Einbeziehung der Mastitis Erfolg versprechend ist. Um sicher zu stellen, dass auch

Zuchtwerte werden ab einer Sicherheit von 30% ausschließlich für Stiere veröffentlicht.

Die Bandbreite der den Zuchtwerten zugrunde liegenden Krankheitsdaten ist in Abbildung 3 zu sehen. Daraus ist ersichtlich, dass große genetische Unterschiede zwischen den besten und schlechtesten Stieren bestehen. Die Differenzen liegen bei fast 10% zwischen den besten und schlechtesten 20 Stieren nach geschätztem Zuchtwert.

Der genetische Trend kann sowohl für die Zellzahl als auch für die Mastitis (Abb. 4) als weitgehend stabil angesehen werden, wengleich letzterer aufgrund der sehr kurzen Zeitspanne an vorliegenden Diagnosedaten nur wenig aussagekräftig ist.

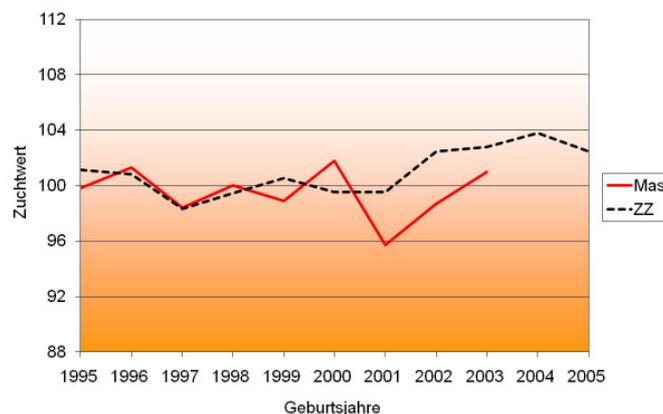


Abb. 4: Genetischer Trend der Fleckvieh-Stiere für Mastitis (Mas) und Zellzahl (ZZ).

entsprechender Zuchtfortschritt für Gesundheitsmerkmale erzielt werden kann, muss ständig an der Verbesserung der Datenqualität und -quantität gearbeitet werden. Dazu zählt insbesondere die zuverlässige Erhebung von Diagnosedaten möglichst aller Kühe. Entscheidend für die längerfristige Qualität der Gesundheitszuchtwerte ist die möglichst flächendeckende, vollständige Erfassung der Diagnosen! Sobald Daten aus Deutschland vorliegen, wird auch eine Überprüfung der Modelle notwendig sein. Weitere notwendige Weiterentwicklungen betreffen vor allem die korrekte Einbeziehung in den Gesamtzuchtwert und die Entwicklung

von Eutergesundheitsindices. Dabei können Mastitis und Zellzahl kombiniert werden und bei entsprechend engen Beziehungen auch ausgewählte Eutermerkmale als Hilfsmerkmale eingehen. Darauf wird im Beitrag von Fürst und Fürst-Waltl (2011) noch detaillierter eingegangen. Eine weitere Entwicklung, die sicherlich auch einen großen Einfluss auf alle funktionalen Merkmale haben wird, ist die genomische Selektion. Die klassische Zuchtwertschätzung ist die Basis

der SNP-Effekt-Schätzung und damit der genomischen Zuchtwertschätzung (Dürr, 2009). Die Herausforderung ist, alle verfügbaren Datenquellen – Pedigree, Leistung und genomische Daten – zu kombinieren. Schlussendlich sind alle Zuchtverantwortlichen gefordert, die zur Verfügung stehenden Eutergesundheitszuchtwerte entsprechend im Zuchtziel zu gewichten und bei ihren Selektionsentscheidungen zu nutzen!

7. Literatur

- Dürr, J.W. (2009) Report on the Interbull technical workshop in Uppsala 2009. Interbull Bull. 39.
- Egger-Danner, C., Willam, A. (2011) Berücksichtigung von Gesundheitsmerkmalen im Zuchtziel und Zuchtprogramm. Seminar des Ausschusses für Genetik, Salzburg, Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter (Hrsg).
- Fürst, C., Fürst-Waltl, B. (2011) Zusammenhänge zwischen Eutergesundheit, Exterieur und Co. Seminar des Ausschusses für Genetik, Salzburg, Zentrale Arbeitsgemeinschaft österr. Rinderzüchter (Hrsg).
- Fürst, C., Gahleitner, M., Lederer, J. (2009) Züchterhandbuch für den erfolgreichen Rinderzüchter. Zentrale Arbeitsgemeinschaft österr. Rinderzüchter (Hrsg).
- Fürst-Waltl, B., Köck, A., Fürst, C., Egger-Danner, C. (2010) Was bringt ein Gesundheitszuchtwert? Seminar des Ausschusses für Genetik, Salzburg, Zentrale Arbeitsgemeinschaft österr. Rinderzüchter (Hrsg).
- Heringstad, B. (2009) Nutzung von Gesundheitsdaten bei Milchkühen – Erfahrungen aus Norwegen. Projekttagung, 1.12.2009, Freistadt. <http://cgi.zar.at/download/Newsletter/Bjorg.pdf>
- Heringstad, B., Klemetsdal, G., Ruane, J. (2000) Selection for mastitis resistance in dairy cattle: a review with focus on the situation in the Nordic countries. *Livest. Prod. Sci.* 64, 95-106.
- Heringstad, B., Klemetsdal, G., Steine, T. (2007) Selection response for disease resistance in two selection experiments with Norwegian Red cows. *J. Dairy Sci.* 90, 2419-2426.
- Huber, E. (2011) Unveröffentlichte Ergebnisse.
- Koeck, A., Heringstad, B., Egger-Danner, C., Fuerst, C., Fuerst-Waltl, B. (2010a) Comparison of different models for genetic analysis of clinical mastitis in Austrian Fleckvieh dual-purpose cows. *Journal of Dairy Science* 93:4351-4358.
- Koeck, A., Heringstad, B., Egger-Danner, C., Fuerst, C., Winter, P., Fuerst-Waltl, B. (2010b) Genetic analysis of clinical mastitis and different somatic cell count traits in Austrian Fleckvieh cows. *Journal of Dairy Science* 93, 5987-5995.
- Krogmeier, D. (2003) Zuchtwertschätzung für Exterieurmerkmale. www.stmelf.bayern.de/rinddb.
- Kühn, C. (2007) Verbesserung der Eutergesundheit durch Zucht? *Züchtungskunde* 80, 43-49.
- Lidauer, M., Strandén, I. und Mäntysaari, E. (2008) MiX99 – Mixed Model Equations Solver. Manual.
- Negussie, E., Strandén, I., Mäntysaari, E.A. (2008) Genetic analysis of liability to clinical mastitis, with somatic cell score and production traits using bivariate threshold-linear and linear-linear models. *Livest. Sci.* 117, 52-59.

Zusammenhänge zwischen Eutergesundheit, Exterieur und Co

Christian Fürst und Birgit Fürst-Waltl

1. Einleitung

Zucht auf Eutergesundheit wird besonders in Anbetracht des extrem gestiegenen Milchleistungsniveaus immer wichtiger. Dies zeigt sich neben Leistungseinbußen durch Mastitis auch darin, dass Euterkrankheiten die nach Unfruchtbarkeit zweithäufigste Abgangsursache (11,9%, ZuchtData, 2011) von Milchkühen sind und somit einen großen wirtschaftlichen Schaden verursachen. Außerdem dürfen bei der Diskussion der Tiergesundheit auch Aspekte des Wohlbefindens der Tiere und Konsumentenwünsche nicht vergessen werden.

Mit dem Gesundheitsmonitoring Rind befindet sich Österreich in der im internationalen Vergleich günstigen Lage, zuverlässige Daten über die Eutergesundheit in Form von tierärztlichen Mastitisiagnosen zur Verfügung zu haben. Diese Daten stellen die Grundlage für die bereits seit Dezember 2010 offiziellen Mastitis-Zuchtwerte von Stieren dar. Darüber hinaus können diese Gesundheitsdaten auch dazu genutzt werden, Zusammenhänge der Eutergesundheit zu anderen Merkmalen herauszufinden.

2. Auswertungen

Für den vorliegenden Beitrag wurden drei verschiedene Auswertungen durchgeführt, um die phänotypischen und genetischen Zusammenhänge der Eutergesundheit zu wichtigen anderen Merkmalen mit Schwerpunkt Exterieur zu analysieren. Die Auswertungen wurden anhand von Fleckviehdaten durchgeführt, da der Umfang bei den Gesundheitsdaten bei den anderen Rassen für derartige Analysen (noch) zu gering ist.

Auswertung 1 - phänotypische Zusammenhänge:

Grundlage für diese Auswertung waren alle Fleckvieh-Kühe, die auf Betrieben mit aktiver Beteiligung am Gesundheitsmonitoring stehen und deren Exterieur als Erstlingskuh beschrieben wurde. Nach strengen Plausibilitätsprüfungen zur Gewährleistung einer einwandfreien Datenqualität standen schließlich 6.878 Fleckviehkühe mit Mastitisinformation, Exterieurbeschreibung, Milchleistungsdaten, Zellzahlergebnissen und Melkbarkeitsprüfung zur Verfügung. Wie in der offiziellen ZWS wurde die Mastitis bis zum 150. Laktationstag berücksichtigt (siehe Beitrag Fürst-Waltl). Die durchschnittliche Mastitisrate bis zum 150. Laktationstag betrug in der 1. Laktation 6,4%. Milchleistung und Zellzahl wurden dabei als Durchschnitt der einzelnen Probemelkergebnisse aus dem gleichen Zeitraum wie für die Mastitis (bis 150. Laktationstag) definiert. Die Zellzahl wurde dabei wie üblich auf eine logarithmische Skala transformiert ($\text{somatic cell score SCS} = \log_2(\text{Zellzahl}/100.000)+3$; das bedeutet: 0=12.500, 1=25.000, 2=50.000, usw.). Bei der Analyse wurden die weitgehend gleichen Einflussfaktoren wie bei der ZWS berücksichtigt und korrigiert.

- Mastitis, Zellzahl, Milch: Kalbejahr-Saison, Kalbealter, Betrieb
- Melkbarkeit: Kalbejahr-Saison, Kalbealter, Abstand von Abkalbung, Betrieb
- Exterieur: Beurteiler*Jahr, Abstand vom Melken, Abstand von Abkalbung, Kalbealter, Betrieb

Dieser Datensatz wurde dazu verwendet, um die phänotypischen Zusammenhänge mithilfe einer Regressionsanalyse (SAS PROC MIXED, SAS, 1990) zu analysieren.

Auswertung 2 - Zuchtwert-Korrelationen:

Mit den offiziellen Stier-Zuchtwerten für die einzelnen Merkmale wurden die Korrelationen zwischen den einzelnen Merkmalen geschätzt. Dabei wurden nur Fleckvieh-Stiere ab dem Geburtsjahrgang 2000 mit Sicherheiten über 70% (bei Gesundheitsmerkmalen 30%) berücksichtigt. Die Anzahl reichte von 610 (Mastitis) bis 3.539 (Milch).

Auswertung 3 - genetische Korrelationen:

Zusätzlich zu den Erstlingskühen mit Exterieurbeschreibung in Auswertung 1 gingen auch alle weiteren Kühe auf diesen Betrieben mit ihrer Mastitisinformation in die Auswertung ein (n=22.613). Die durchschnittliche Mastitisrate bis zum 150. Laktationstag über alle Laktationen betrug 10%. Mit diesem Datensatz wurden basierend auf einem Tiermodell mit den angegebenen Modellen (plus Laktationseffekt) die Heritabilitäten und genetischen Korrelationen geschätzt (VCE6, Groeneveld et al., 2008).

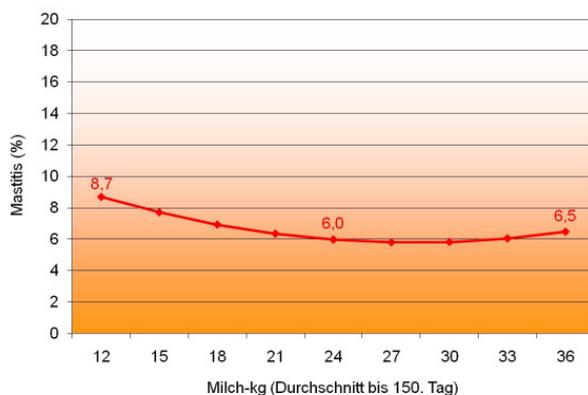


Abb. 1: Zusammenhang zw. Milchleistung und Mastitishäufigkeit.

In Tabelle 1 sind die Zuchtwert-Korrelationen zum Gesamtzuchtwert (GZW) und Leistungsmerkmalen und einige genetische Korrelationen für Mastitis und Zellzahl (SCS) dargestellt. Bei der Interpretation der Korrelationen ist zu beachten, dass bei den Zuchtwerten für Mastitis und Zellzahl die Skala gedreht ist, das heißt, dass höhere Werte züchterisch erwünscht sind. Die genetischen Korrelationen beziehen sich auf die Naturalskala, somit bedeuten positive Werte höhere Mastitisraten und Zellzahlen.

3. Leistungsmerkmale

Der Zusammenhang zwischen der Mastitishäufigkeit und der Milchleistung ist in Abbildung 1 dargestellt. Bei sehr niedriger und bei höherer Milchleistung als Durchschnitt bis zum 150. Laktationstag steigt die Mastitisrate jeweils etwas an. Bei niedriger Milchleistung dürfte hauptsächlich ein schwächeres Management auf diesen Betrieben schuld sein. Allerdings ist die niedrigere Milchleistung in diesem Fall zu einem gewissen Ausmaß sicher auch durch eine Leistungsreduktion in Folge einer akuten oder chronischen Mastitis zu sehen. Bei sehr hohen Milchleistungen steigt die Mastitisanfälligkeit erwartungsgemäß etwas an. Bei den Inhaltsstoffen (Abb. 2, Eiweiß-%) ist die Situation ähnlich; sehr niedrige und sehr hohe Werte führen zu mehr Mastitisfällen.

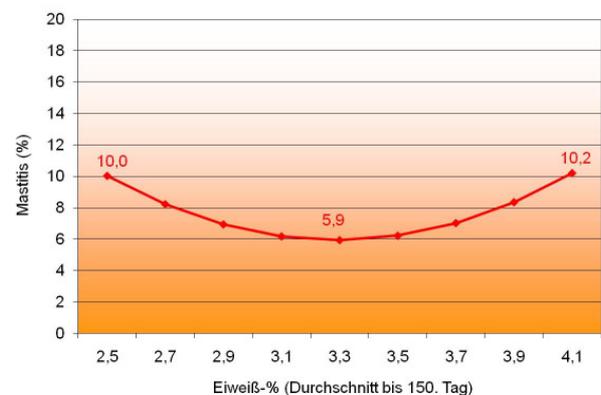


Abb. 2: Zusammenhang zw. Eiweißgehalt und Mastitishäufigkeit.

Die Ergebnisse zeigen, dass höhere Milchleistungen mit einer deutlich schlechteren Eutergesundheit verbunden sind. Vor allem die genetischen Korrelationen sind in dieser Auswertung extrem hoch, in der Literatur sind etwas niedrigere Werte zu finden. Bei den Inhaltsstoffen ist der Zusammenhang wohl durch den negativen genetischen Zusammenhang zur Milchmenge in der erwünschten Richtung.

Tab. 1: Zuchtwert-Korrelationen (Fleckvieh-Stiere) und genetische Korrelationen.

| | Mastitis | | Zellzahl | |
|-----------------|-----------------------|--------------|-----------------------|--------------|
| | ZW-Korr. ¹ | Genet. Korr. | ZW-Korr. ¹ | Genet. Korr. |
| GZW | 0,12 | | 0,31 | |
| MW | -0,10 | | -0,01 | |
| FW | 0,14 | | 0,04 | |
| Milch-kg | -0,15 | 0,74 | -0,03 | 0,55 |
| Fett-% | 0,08 | -0,15 | 0,02 | 0,00 |
| Eiweiß-% | 0,13 | -0,42 | 0,04 | -0,23 |

¹ Achtung: bei den Zuchtwerten ist die Richtung bei Mastitis und Zellzahl gedreht, d.h. höhere Werte sind züchterisch erwünscht

4. Fitnessmerkmale

Verschiedenste Analysen zeigen, dass die Zellzahl zwar ein recht guter Mastitisindikator insbesondere für die subklinische, chronische Mastitis ist, dass aber die klinische (akute) Mastitis damit nur unzureichend erfasst wird. Analysiert man den phänotypischen Zusammenhang so ist die sehr enge Beziehung zwischen Zellzahl und Mastitis zu erkennen (Abb. 3). Liegt die Mastitisrate bei Zellzahlen unter 25.000 noch unter 5%, steigt sie mit höherer Zellzahl erwartungsgemäß sehr schnell an. Der oft vermutete Anstieg der Mastitisrate bei zu niedriger Zellzahl konnte bei dieser Auswertung nicht festgestellt werden.

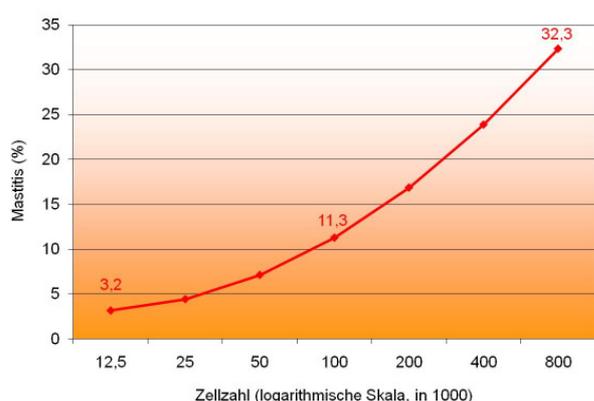


Abb. 3: Zusammenhang zw. Zellzahl und Mastitishäufigkeit.

Die angesprochenen Zusammenhänge zeigen sich auch bei den ZW-Korrelationen und genetischen Korrelationen für Zellzahl und Melkbarkeit (Tab. 2). Der genetische Zusammenhang zwischen Mastitis und Zellzahl ist mit 0,84 zwar sehr hoch, aber doch deutlich von 1 verschieden. Koeck et al. (2010) schätzten eine etwas niedrigere

Bei der Analyse der Melkbarkeit zeigt sich bei sehr schlechtem und sehr hohem Milchfluss jeweils ein leichter Anstieg der Mastitisanfälligkeit, allerdings sind die Unterschiede relativ gering (Abb. 4). Bei einer Analyse des Zusammenhangs der Zuchtwerte der Väter und der Mastitisrate der Töchter zeigt sich zwar eine sehr enge Beziehung zwischen dem Zellzahl-Zuchtwert und der Mastitisrate, aber eine leicht gegensätzliche Entwicklung beim Zuchtwert für Melkbarkeit. Töchter von Stieren mit hohen Melkbarkeitszuchtwerten (hohes DMG) haben etwas mehr Euterentzündungen (Abb. 5).

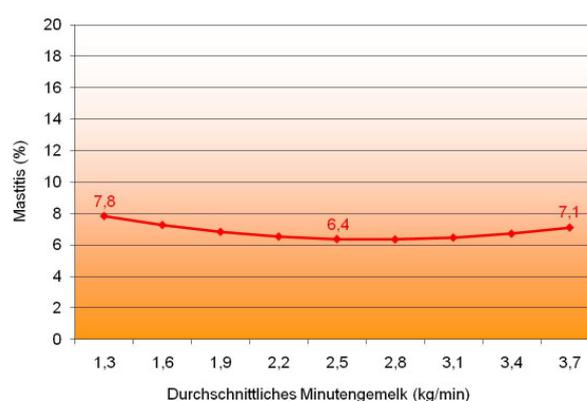


Abb. 4: Zusammenhang zw. Melkbarkeit (DMG) und Mastitishäufigkeit.

genetische Korrelation von 0,64. Das zeigt, dass die Zellzahl allein nicht genügt, um das Merkmal Eutergesundheit ausreichend abzudecken. Erfreulicherweise leicht positive Korrelationen sind zu Nutzungsdauer und Persistenz festzustellen, ebenso wie zum Fitnesswert (FIT).

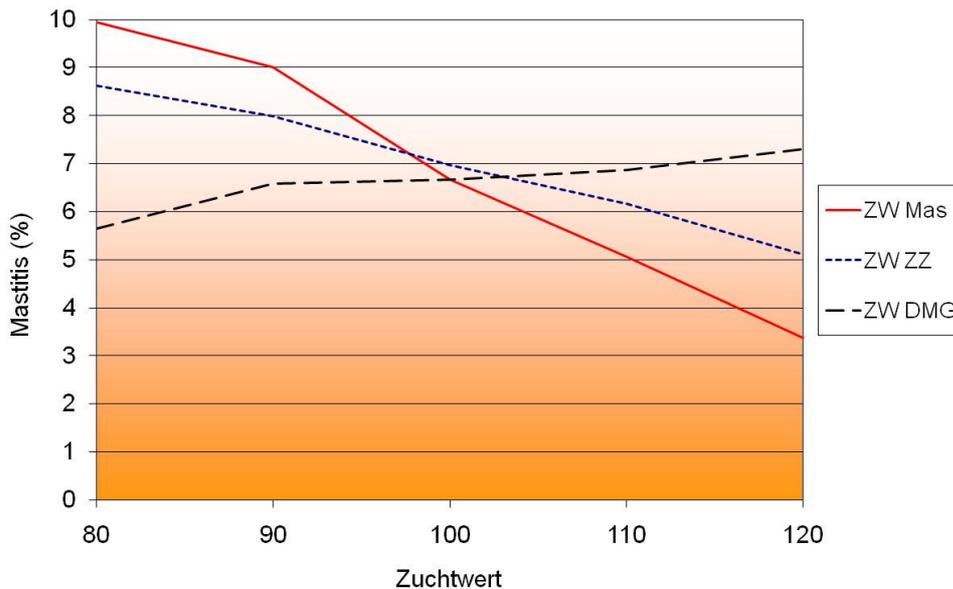


Abb. 5: Zusammenhang zw. den Vater-Zuchtwerten für Mastitis, Zellzahl bzw. Melkbarkeit und Mastitishäufigkeit.

Tab. 2: Zuchtwert-Korrelationen (Fleckvieh-Stiere) und genetische Korrelationen.

| | Mastitis | | Zellzahl | |
|----------------------|-----------------------|--------------|-----------------------|--------------|
| | ZW-Korr. ¹ | Genet. Korr. | ZW-Korr. ¹ | Genet. Korr. |
| FIT | 0,26 | | 0,63 | |
| Nutzungsdauer | 0,10 | | 0,29 | |
| Persistenz | 0,16 | | 0,21 | |
| Zellzahl | 0,42 | 0,84 | | |
| Melkbarkeit | -0,07 | 0,39 | -0,33 | 0,24 |

¹ Achtung: bei den Zuchtwerten ist die Richtung bei Mastitis und Zellzahl gedreht, d.h. höhere Werte sind züchterisch erwünscht

5. Exterieurmerkmale

In den Abbildungen 6 bis 13 sind die wichtigsten Zusammenhänge der Mastitisrate zu den Euter-Exterieurmerkmalen grafisch dargestellt. Aus Abbildung 6 ist ersichtlich, dass Kühe mit höheren Euternoten deutlich seltener an Mastitis erkranken. Offensichtlich gelingt es den Nachzuchtbewertern, die funktionalen, gesunden Euter auch am besten zu bewerten. Dieser nennenswerte Zusammenhang der Euternote zur Mastitis ist auch sehr stark in den Einzelmerkmalen begründet. So weisen fest aufgehängte Voreuter (Abb. 7), Euter mit deutlich ausgeprägtem Zentralband (Abb. 8) und vor allem hoch sitzende Euter (Abb. 9) weniger Eutergesundheitsprobleme auf.

Bei der Strichlänge (Abb. 10) und besonders bei der Strichdicke (Abb. 11) konnten Vorteile der mittleren Ausprägungen festgestellt werden. Bei zu kurzen Strichen im Vergleich zum offiziellen Optimum (Ziffer 5 = 5 cm) zeigten sich zumindest hinsichtlich der Mastitis keine Nachteile, nur bei längeren Strichen konnten merkbare Nachteile festgestellt werden. Bei der Strichdicke zeigt sich, dass Kühe mit durchschnittlich dicken oder etwas dünneren Strichen (Ziffer 5 = 2,5 cm) die wenigsten Mastitiserkrankungen aufweisen. Bei zu dünnen und vor allem zu dicken Strichen sind wesentlich mehr Euterentzündungen zu verzeichnen. Möglicherweise könnte das daher kommen, dass zu dünne Strichen auch mit einer schlechteren Melkbarkeit verbunden sind und es daher

durch die längere Melkdauer zu einer stärkeren mechanischen Belastung kommt. Bei sehr dicken Strichen können hingegen vermutlich Krankheitserreger leichter ins Euter eindringen. Tendenziell war dieser

Zusammenhang auch bei der Melkbarkeit (Abb. 4) zu erkennen. Eher weiter innen platzierte Vorderstrichen (Abb. 12) und leicht nach innen geneigte Hinterstrichen (Abb. 13) zeigen ebenfalls eine positive Wirkung auf die Mastitisresistenz.

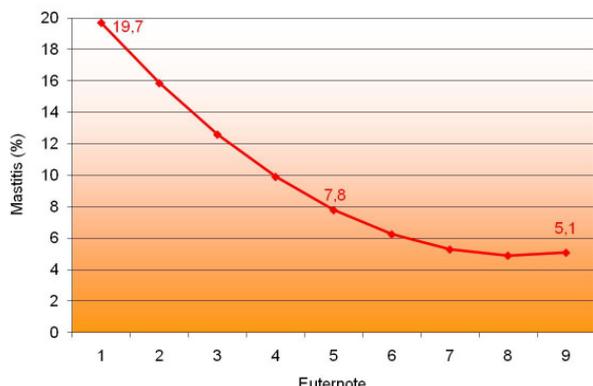


Abb. 6: Zusammenhang zw. Euternote und Mastitishäufigkeit.

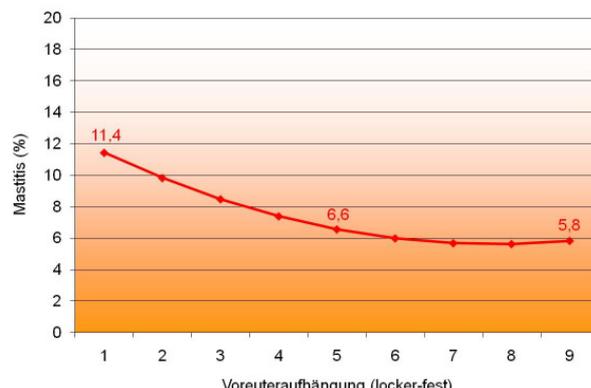


Abb. 7: Zusammenhang zw. Voreuteraufhängung und Mastitishäufigkeit.

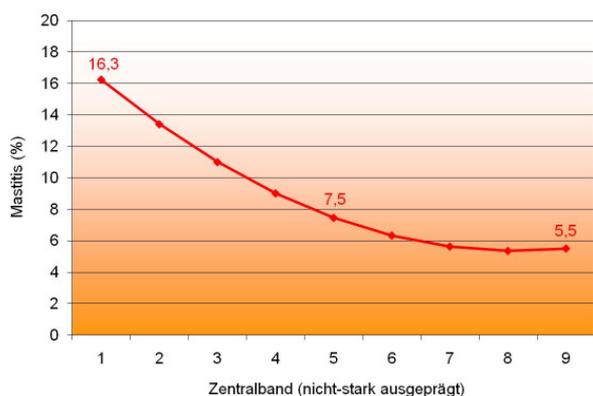


Abb. 8: Zusammenhang zw. Zentralband und Mastitishäufigkeit.

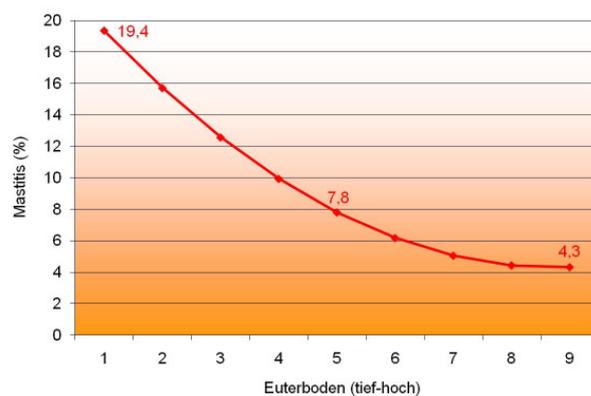


Abb. 9: Zusammenhang zw. Euterboden und Mastitishäufigkeit.

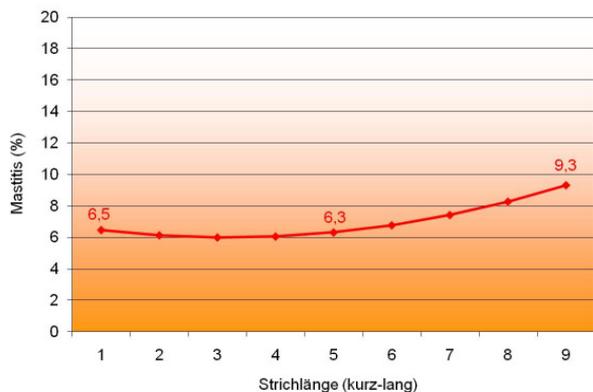


Abb. 10: Zusammenhang zw. Strichlänge und Mastitishäufigkeit.

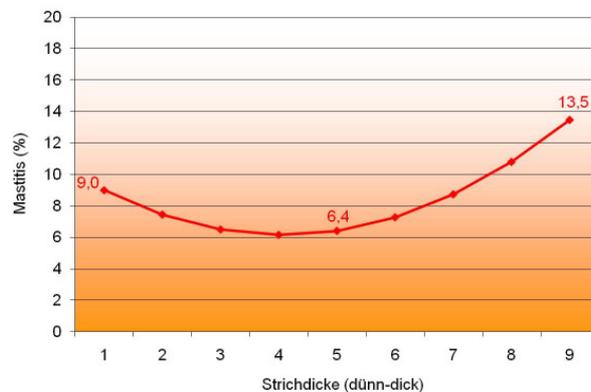


Abb. 11: Zusammenhang zw. Strichdicke und Mastitishäufigkeit.

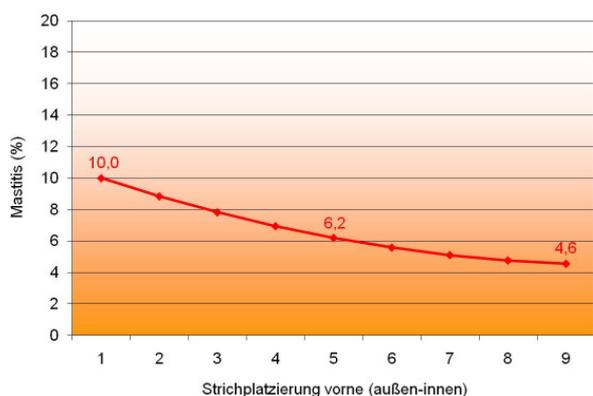


Abb. 12: Zusammenhang zw. Strichplatzierung und Mastitishäufigkeit.

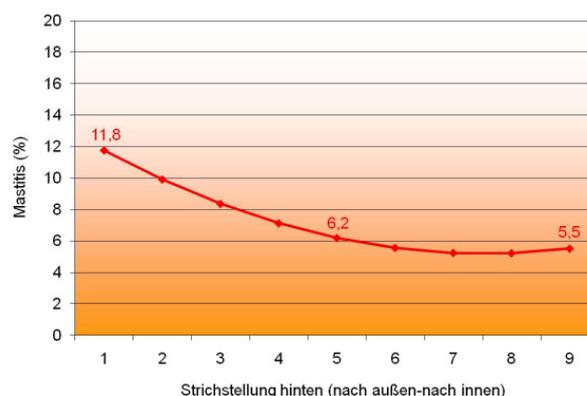


Abb. 13: Zusammenhang zw. Strichstellung und Mastitishäufigkeit.

Tab. 3: Zuchtwert-Korrelationen (Fleckvieh-Stiere) und genetische Korrelationen.

| | Mastitis | | Zellzahl | |
|---------------------------|-----------------------|--------------|-----------------------|--------------|
| | ZW-Korr. ¹ | Genet. Korr. | ZW-Korr. ¹ | Genet. Korr. |
| Euter | 0,12 | -0,38 | 0,19 | 0,00 |
| Voreuterlänge | -0,19 | 0,38 | -0,15 | 0,55 |
| Schenkeleuterlänge | -0,20 | 0,57 | -0,16 | 0,34 |
| Voreuteraufhängung | 0,01 | -0,14 | 0,14 | 0,21 |
| Zentralband | -0,01 | -0,42 | 0,10 | -0,21 |
| Euterboden | 0,31 | -0,74 | 0,30 | -0,26 |
| Strichlänge | -0,13 | 0,24 | -0,16 | 0,04 |
| Strichdicke | -0,18 | 0,51 | -0,20 | 0,05 |
| Strichplatzierung | 0,13 | -0,32 | 0,11 | 0,12 |
| Strichstellung | 0,00 | -0,22 | 0,11 | -0,01 |
| Euterreinheit | 0,04 | -0,28 | 0,04 | 0,03 |

¹ Achtung: bei den Zuchtwerten ist die Richtung bei Mastitis und Zellzahl gedreht, d.h. höhere Werte sind züchterisch erwünscht

Bei der Analyse der genetischen Beziehungen zwischen den einzelnen Eutermerkmalen und Mastitis konnten die gezeigten Zusammenhänge weitgehend bestätigt werden (Tabelle 3). Hohe genetische Korrelationen konnten vor allem für den Euterboden (-0,74) gefunden werden, die die Bedeutung eines hoch sitzenden Euters unterstreichen. Der offensichtliche (nicht-lineare) Zusammenhang bei der Strichdicke und einigen anderen Merkmalen kann mithilfe einer (linearen) genetischen Korrelation nicht sinnvoll dargestellt werden. Aus diesem Grund sind die Korrelationen auch mit Vorsicht zu interpretieren.

Eine ähnliche Aussage in Form einer anderen Darstellung ist in Abbildung 14 zu finden. In

dieser Abbildung sind die durchschnittlichen Exterieur-Zuchtwerte für Fleckvieh-Stiere mit sehr schlechten (links) und sehr guten (rechts) Zellzahl-Zuchtwerten als Balkendiagramm dargestellt. Auch hier sticht wieder der Euterboden hervor, aber auch Voreuteraufhängung oder die Euternote zeigen markante Unterschiede. Auffällig ist auch, dass die Töchter von Stieren mit den besten Zellzahl-Zuchtwerten im Schnitt besser bemuskelt sind. Das dürfte in erster Linie am negativen genetischen Zusammenhang zur Milch liegen, könnte aber auch darauf hinweisen, dass Kühe mit mehr Substanz stabiler und weniger krankheitsanfällig sind.

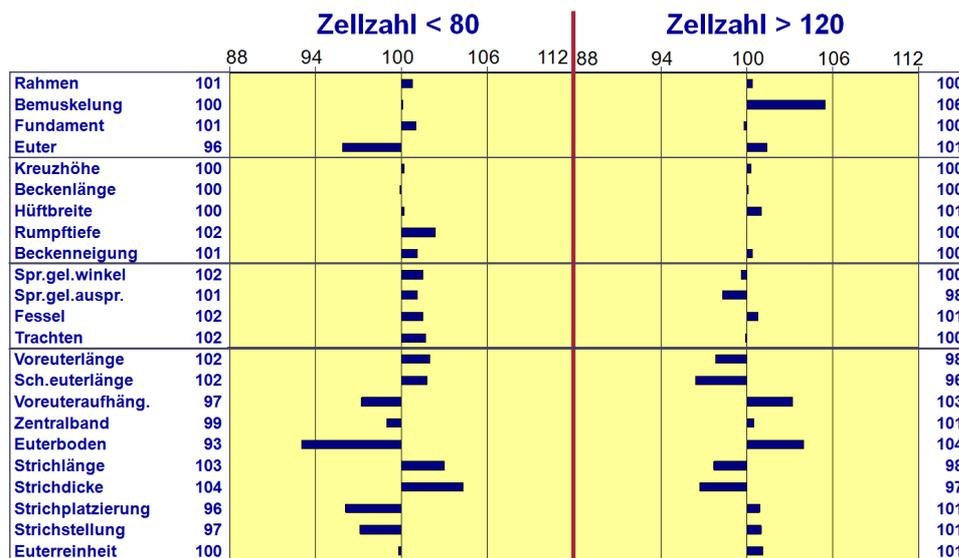


Abb. 14: Zusammenhang zwischen den Zellzahl- und Exterieur-Zuchtwerten (Fleckvieh-Stiere).

6. Resümee

Bei einer Analyse der Beziehungen der Mastitisresistenz zu anderen Merkmalen konnten deutliche Zusammenhänge festgestellt werden. Der enge genetische Zusammenhang zur Zellzahl konnte bestätigt werden, allerdings auch, dass die Zellzahl allein nicht ausreicht, um die Eutergesundheit ausreichend zu beschreiben. Eine zusätzliche ZWS für Mastitis und letztlich auch eine Einbeziehung ins Zuchtziel bzw. in den Gesamtzuchtwert ist notwendig. Die Berücksichtigung im GZW könnte in Form eines Eutergesundheitsindex passieren. Aufgrund der gefundenen Ergebnisse wäre es möglich, neben den Zuchtwerten für Mastitis und Zellzahl auch einzelne Euter-Exterieurmerkmale wie z.B. den Euterboden als Hilfsmerkmale mit einzubeziehen.

Hoch sitzende, fest aufgehängte Euter mit deutlichem Zentralband und leicht nach innen geneigten, durchschnittlich langen und dicken Strichen zeigen eindeutig weniger Krankheitsprobleme. Die Exterieurmerkmale können allerdings nur einen kleinen Beitrag zur Steigerung der Mastitisresistenz leisten. Grundvoraussetzung für eine züchterische Verbesserung der Eutergesundheit sind selbstverständlich möglichst sicher geschätzte Mastitis-Zuchtwerte basierend auf einer weitgehend vollständigen Erfassung der tierärztlichen Diagnosen!

7. Literatur

- Groeneveld, E., M. Kovac, N. Mielenz, 2008. VCE - User's Guide and Reference Manual, Version 6.0.
- Koeck, A., Heringstad, B., Egger-Danner, C., Fuerst, C., Winter, P., Fuerst-Waltl, B., 2010. Genetic analysis of clinical mastitis and different somatic cell count traits in Austrian Fleckvieh cows. *Journal of Dairy Science* 93, 5987-5995.
- SAS, 1990. Statistical Analysis Software. SAS Inst. Inc., Cary, NC. User's Guide.
- ZuchtData, 2011. Jahresbericht 2010. <http://www.zuchtdata.at/article/archive/25>

Genomische Selektion auf Eutergesundheit

Hermann Schwarzenbacher

Einleitung

Der in einer selektierten Population erzielbare Zuchtfortschritt pro Generation wird von drei Einflussgrößen bestimmt. Es sind dies die genetisch bedingte Variation, die Schärfe der Selektion, sowie die Genauigkeit der Zielgröße (z.B. Zuchtwert) anhand der selektiert wird. Der pro Jahr erzielbare Zuchtfortschritt wird schließlich von der Länge des Generationsintervalls bestimmt. Neue Selektionsverfahren wie die Genomische Selektion zielen im Prinzip darauf ab, die Genauigkeit der Zuchtwerte bei Jungtieren ohne Nachkommeninformation zu erhöhen. Dies bewirkt eine Erhöhung des Zuchtfortschritts hauptsächlich über die Verkürzung des Generationsintervalls. Daneben steht aber bei allen Zuchtwertschätzverfahren die Leistungsprüfung im Vordergrund. Je direkter das erhobene Leistungsmerkmal (z.B. Milchzellzahlgehalt) mit dem Zielmerkmal (z.B. Verbesserung der Eutergesundheit) zusammenhängt und umso höher die Qualität der Leistungsdaten ist, umso höhere ist die erzielbare Genauigkeit von konventionell-, wie auch genomisch geschätzten Zuchtwerten. In diesem Zusammenhang ist die Einführung der Zuchtwertschätzung (ZWS) auf Mastitisresistenz als wichtige Weiterentwicklung zu sehen.

In diesem Artikel sollen nach einer kurzen Einführung in die Methodik das Potential der genomischen Selektion zur Verbesserung der Eutergesundheit bewertet werden. Weiters werden mögliche Weiterentwicklungen von genombasierten Selektionsverfahren diskutiert.

Markergestützte und Genomische Selektion

Anfang der neunziger Jahre versprach die markergestützte Selektion (MAS) eine Zeitenwende in der Tierzucht. Über die

Genotypisierung von Mikrosatellitenmarkern wurde in Kartierungsstudien nach Hauptgenen, sogenannten QTL gesucht. In der Selektion wurde die Vererbung an den QTL verfolgt um beispielsweise aus Vollgeschwistern mit identischen vorgeschätzten Zuchtwerten jene auszuwählen, die günstigere Varianten (Allele) an den QTL aufwiesen. Eine Vielzahl von QTL-Kartierungsstudien wurde in der Folge durchgeführt mit unzähligen Publikationen von signifikanten Hauptgenen (www.genome.iastate.edu/cgi-bin/QTLdb).

Die bisherige Modellannahme der quantitativen Genetik, wonach typische Leistungsmerkmale von einer Vielzahl von Genorten mit unbedeutenden Einzelbeiträgen determiniert würden, wurde vom Hauptgenmodell abgelöst. Dieses Modell geht davon aus, dass wenige Hauptgene einen bedeutenden Teil der genetischen Variation erklären. Während MAS heute erfolgreich zur Selektion gegen Erbfehler angewandt wird, wurden die hoch gesteckten Erwartungen der Anwendung bei Leistungsmerkmalen mit komplexem, genetischen Hintergrund bei weitem nicht erfüllt. Als Ursache wird häufig angeführt, dass nicht genügend genetische Variation über markierte Hauptgene erklärt werden konnte.

Die Arbeiten zur Sequenzierung des menschlichen Genoms (abgeschlossen 2003) sowie des Rindergenoms (2007, 2009) und die daraus abgeleiteten SNP Marker (Single Nucleotide Polymorphism) legten die Grundlage einer visionären wissenschaftlichen Arbeit: Meuwissen et al. (2001) stellten 2001 methodischen Ansätze zur genomweiten Selektion anhand einer großen Anzahl von SNP Markern vor. Das wirklich neue an diesem Verfahren war, dass im Gegensatz zur MAS nicht ausschließlich signifikante Marker, sondern sämtliche verfügbare Marker in die Schätzung einbezogen wurden. Dadurch war es erstmals möglich, 80 bis 90% der genetischen Variation über Marker zu erklären.

Die daraus erzielbare Steigerung in der Genauigkeit der Zuchtwerte bei Jungtieren war daher wesentlich höher als bei MAS. Zum Zeitpunkt der Veröffentlichung der Arbeit wurden SNP Chips für Nutztierarten von der Industrie noch nicht angeboten. Deren Verfügbarkeit ab dem Jahr 2006 setzte jedoch eine weltweite Umbruchphase in der Rinderzucht in Bewegung die gegenwärtig andauert. Während aus heutiger Sicht längst nicht alle Konsequenzen dieses Umbruchs abschätzbar sind, machen technologische Innovationen schon wieder Weiterentwicklungen genombasierter Selektionsverfahren absehbar.

Genomische Zuchtwertschätzung beim Fleckvieh

Im Jahr 2007 wurde von der ZuchtData und der Gruppe um Prof. Sölkner von der BOKU Wien ein Projekt etabliert, welches die Entwicklung eines Verfahrens zur genomischen ZWS beim Fleckvieh zum Ziel hatte. Ab Mitte 2009 wurde mit der Vereinbarung zur Schaffung eines Genotypenpools zwischen den Partnern der gemeinsamen ZWS die Entwicklung gemeinsam mit dem ITZ Grub und Baden-Württemberg vorangetrieben. Am 24. September 2010 wurden schließlich Ergebnisse des ersten inoffiziellen Testlaufs an Leiter österreichischer Besamungsstationen und Zuchtverbände verschickt. Seit Februar 2011 werden genomische Zuchtwerte monatlich geschätzt.

Beschreibung des Verfahrens

Grundlage jeder aussagekräftigen ZWS ist eine solide Datenqualität. Die Genotypendaten sämtlicher in die Schätzung eingehenden Stiere werden daher umfangreichen Überprüfungen unterzogen. Im Zuge dieses Verfahrens werden beispielsweise unzuverlässige Marker verworfen bzw. Tiere ausgeschlossen, deren genomisch bestimmte Verwandtschaft einen Konflikt zur abstammungsbasierten Verwandtschaft aufweist. Ein derartiger Konflikt kann auf

Verwechslungen bei der Probensammlung oder im Labor zurückzuführen sein, oder auf Fehler in der Abstammungssicherung.

Die genomische ZWS wird derzeit parallel zur herkömmlichen ZWS durchgeführt. Zur Kalibrierung ist eine große Anzahl von konventionell und sicher geprüften Altstieren notwendig. Bei Fleckvieh tragen aktuell je nach Merkmal zwischen 5.000 und 6.000 Stiere zur Ableitung der Schätzformel bei. Daher ist klar, dass sichere Zuchtwerte aus der Nachkommenprüfung sowie eine umfangreiche und breite Leistungsprüfung auch weiterhin die Grundlage für konventionelle und genomische Zuchtwerte sind. SNP Chips erlauben es, in einem Analyseschritt über 54.000 ‚Einzelbausteine‘ im Genom (SNP Marker), bei denen sich Tiere unterscheiden können, zu bestimmen. Über diese SNP Marker kann nun die exakte Verwandtschaft zwischen Tieren bestimmt werden. Beispielsweise weisen Enkel mit Großvätern in der konventionellen ZWS immer eine Verwandtschaft von genau 0,25 auf, während über genetische Marker tatsächliche Verwandtschaften zwischen 0,15 und 0,35 beobachtet werden können. Diese Berücksichtigung der exakten Verwandtschaft zwischen Tieren führt in der genomischen ZWS daher zu wesentlich genaueren Zuchtwerten, vor allem bei Tieren ohne Nachkommeninformation.

Die Zuchtwerte welche über diese Verfahren geschätzt werden, werden als **genomisch direkte Zuchtwerte (gdZW)** bezeichnet. Da derzeit ausschließlich Stiere in der genomischen ZWS erfasst werden, finden insbesondere Leistungen von Müttern dieser Stiere derzeit keine Berücksichtigung in der Schätzung von gdZW. Daher werden in einem nachgelagerten Verfahren über statistisch abgeleitete Gewichtungsfaktoren gdZW mit konventionellen vorgeschätzten Zuchtwerten kombiniert. Diese Zuchtwerte werden als **genomisch optimierte Zuchtwerte (goZW)** bezeichnet. Da der goZW wesentlich höhere Sicherheiten aufweist als der gdZW, werden ausschließlich goZW sowie deren Sicherheiten veröffentlicht.

Genomische Zuchtwertschätzung für Milchzellzahlgehalt

In den bisherigen Testläufen wurden Zellzahl Zuchtwerte für insgesamt 9.398 Tiere geschätzt, wobei 5.546 Tiere in die Kalibrierung zur Ableitung der Schätzformel eingingen. Für 3.852 Jungtiere ohne konventionelle Zuchtwerte bzw. Wartestiere mit ungenügender Zuchtwertgenauigkeit wurden genomische Zuchtwerte geschätzt.

Abbildung 1 stellt den Sicherheitszugewinn von Stieren in der Kalibrierung und bei

Jungtieren dar. Während der Sicherheitsgewinn in der Kalibrierung mit durchschnittlich 1,5 Punkten aufgrund des bereits hohen Niveaus bei konventionellen Zuchtwerten moderat ausfällt, ist bei Jungtieren eine durchschnittliche Sicherheit von genomischen Zuchtwerten von 61 gegenüber 36 Punkten bei vorgeschätzten Zuchtwerten zu beobachten. Der Sicherheitszuwachs beträgt somit 24,5 Punkte (68%) was äquivalent zu 32 Töchterleistungen ist.

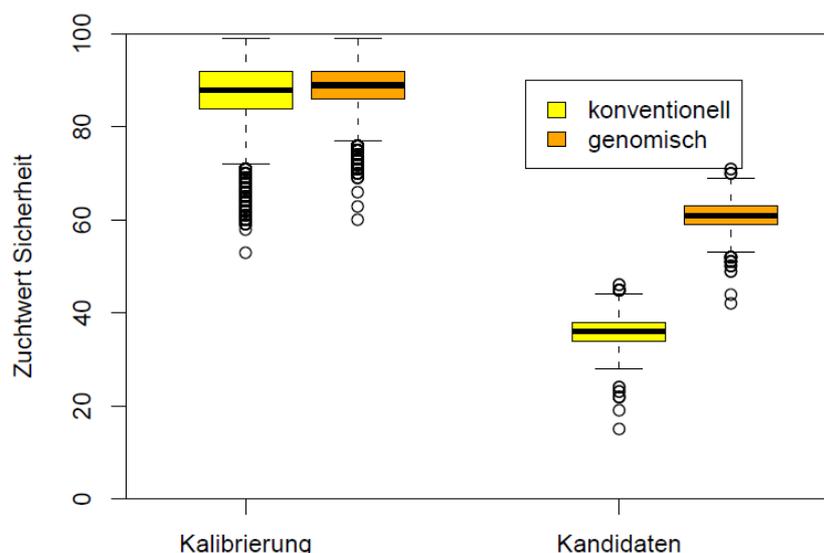


Abbildung 1: Sicherheitszuwachs im Merkmal Milchzellzahlgehalt in der Kalibrierung und Jungtieren ohne Nachkommeninformation (Kandidaten). Genomische ZWS 12-10 bis 03-11, Edel, ITZ Grub.

Abbildung 2 stellt für Stiere der Kalibrierung die Abweichung zwischen genomischen und konventionellen Zuchtwerten in Abhängigkeit von der Sicherheit der konventionellen Zuchtwerte dar. Da die Stiere in der Kalibrierung bei der genomischen ZWS mit ihrer Zuchtwertsicherheit gewichtet werden, kommt es bei Sicherheiten von mehr als 90 nur mehr zu moderaten Abweichungen zum konventionellen Zuchtwert von 2 bis 3 Punkten. An diesen sicher geschätzten Stieren wird also primär die Schätzformel der

Markereffekte abgeleitet. Bei Stieren mit niedrigeren Zuchtwertsicherheiten kommen Abweichungen von mehr als 10 Punkten zwischen goZW und ZW vor. Abbildung 3 stellt die Abweichungen zwischen vorgeschätzten und genomischen Zuchtwerten bei jungen Tieren ohne Nachkommeninformation dar. Es werden Abweichungen bis ungefähr 10 Zuchtwertpunkten beobachtet. Auffällig ist auch die deutlich höhere Streuung der goZW was sich durch die bedeutend höheren Sicherheiten begründen lässt.

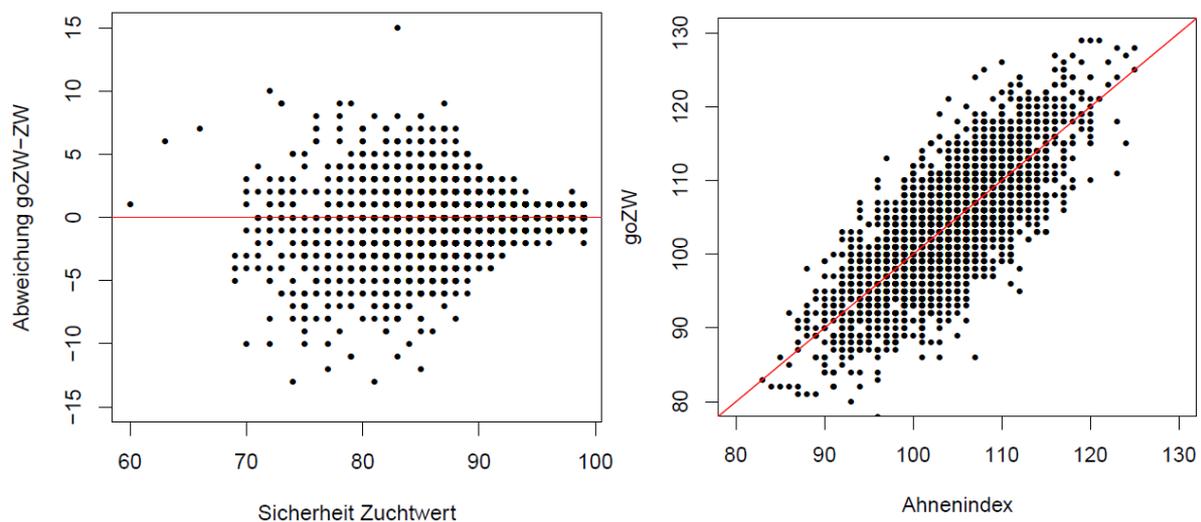


Abbildung 2-3: Abweichung genomisch optimierter (goZW) von konventionellen Zuchtwerten (ZW) bei Stieren der Kalibrierung in Abhängigkeit von der Sicherheit konventioneller Zuchtwerte (links). Verteilung genomisch optimierter Zuchtwerte (goZWS) gegenüber vorgeschätzten Zuchtwerten bei Kandidaten (rechts). Genomische ZWS 12-10 bis 03-11, Edel, ITZ Grub.

Genomische Zuchtwerte für Einzelchromosomen

Über die genomische ZWS können nun auch erstmals goZW auf die Beiträge einzelner Chromosomen aufgeteilt werden. Dies erlaubt ansatzweise die Abschätzungen von Selektionspotentialen in unseren Rassen. Würde man für das Merkmal Zellzahlgehalt den goZW eines hypothetischen Tieres berechnen, dass an sämtlichen Chromosomenpaaren die günstigste Variante in der Kalibrierungsgruppe aufweist, so würde dieses Tier 133 Punkte oder 11 Standardabweichungen über dem derzeitigen Populationsmittel liegen. Würde man dieselbe Untersuchung für Milchmenge anstellen, so kommt man auf beachtliche 6.000 kg oder 10.5 Standardabweichungen über dem Populationsmittel. Diese stark vereinfachten Analysen zeigen ganz klar, dass auch in intensiv selektierten Populationen noch immer eine große, züchterisch nutzbare genetische Variation vorliegt.

Chromosomenzuchtwerte können aber auch dazu verwendet werden, genetische bedingte Zusammenhänge zwischen Merkmalen näher

zu untersuchen. Bei der Interpretation der Ergebnisse ist zu beachten, dass Zuchtwertkorrelationen nicht direkt mit genetischen Korrelationen vergleichbar sind. *Abbildung 4* zeigt chromosomenbezogene Korrelationen zwischen Zellzahl (ZZ) und Eiweißmenge (EKG) bzw. zwischen Zellzahl und Melkbarkeit (DMG). Während die Korrelationen zwischen Zellzahl und Eiweißmenge im neutralen bis leicht positiven Bereich liegen (Mittelwert 0,04; Spannweite -0,25 bis 0,36), sind die Korrelationen zwischen Zellzahl und Melkbarkeit deutlich negativ (Mittelwert -0,37; Spannweite -0,15 bis -0,61). Die leicht positiven Zuchtwertkorrelationen zwischen ZZ und EKG sind überraschend, da aus der Literatur leicht negative genetische Korrelationen bekannt sind. Bemerkenswert sind aber in beiden Blöcken die beachtlichen Unterschiede zwischen Chromosomen. Dieser Befund ist interessant, da er möglicher Weise Potentiale für neue Strategien zur genom-basierten Selektion anzeigen könnte, die darauf abzielen Produktions- und Fitnessmerkmale zu verbessern.

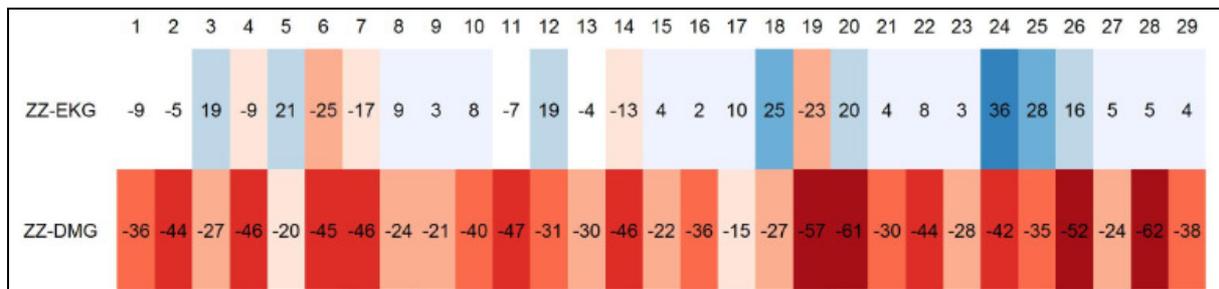


Abbildung 4: Korrelation der Chromosomenzuchtwerte zwischen den Merkmalen Zellzahl und Eiweißmenge (oben) bzw. Zellzahl und Melkbarkeit (unten). Die Werte stellen die mit dem Faktor 100 multiplizierten Pearson-Korrelationskoeffizienten dar.

Genomische Zuchtwertschätzung für Mastitisresistenz

Da nur 345 Stiere Sicherheiten bei konventionellen Zuchtwerten aufwiesen, die eine Aufnahme in die Kalibrierung ermöglichte, erschien eine genomische ZWS für Mastitisresistenz leider nicht sinnvoll. Kurzfristig bestehen leider keine Aussichten, dass sich diese unbefriedigende Situation ändern wird. Allenfalls könnte versucht werden, über umfangreiche Genotypisierungen von Kühen, die unter Leistungskontrolle für Gesundheitsmerkmale stehen, die Kalibrierung zu vergrößern. Da Kühe jedoch wesentlich weniger informativ sind als Stiere mit hunderten von Töchterleistungen, müssten tausende von Kühen untersucht werden, was mit großen finanziellen Aufwendungen verbunden wäre.

Die tatsächliche Effektivität der genomischen ZWS lässt sich letztlich nur durch den Vergleich der goZW bei Jungtieren zu später realisierten Zuchtwerten aus der Nachkommenprüfung überprüfen. Dennoch lassen die erzielten Sicherheitsanstiege der goZW im Vergleich zu vorgeschätzten Zuchtwerten, sowie Ergebnisse von Validierungsstudien erwarten, dass die Genauigkeit der Selektion bei Jungtieren deutlich ansteigen wird. Wie bereits eingangs erwähnt, ist der wichtigste Faktor zur Steigerung des jährlichen Zuchtfortschritts jedoch das Generationsintervall.

Kritische Stimmen zur Genomischen Selektion merken oft an, dass der beträchtliche Aufwand an Genotypisierungen nicht dazu geführt hat, dass wir die genetischen Grundlagen der Merkmalsbeeinflussung wesentlich besser

verstehen. Tatsächlich werden bei den meisten Implementierungen der genomischen Selektion Beiträge von Hauptgenen (QTL) außer Acht gelassen. Im Fokus steht vielmehr die Gesamtheit aller Markereffekte. Mit der weltweiten Zunahme der Datenmengen und der Verfügbarkeit von neuen SNP Chip Generationen mit knapp 800.000 Markern wird aber in jüngster Zeit dem Auffinden von Hauptgenen wieder mehr Beachtung geschenkt.

Hauptgene für Zellzahl und Mastitisresistenz

Studien die auf der Suche nach Hauptgenen, Marker testen, die über das gesamte Erbgut verteilt sind werden als genomweite Assoziationsstudien bezeichnet. Vom Prinzip her sind sie sehr einfach aufgebaut: Man untersucht Marker für Marker auf einen signifikanten Zusammenhang mit einem Leistungsmerkmal (Zuchtwerte oder deregressierter Zuchtwert). Wenn also an einem Marker die zwei Allele **A** und **B** vorkommen, dann wird untersucht ob Stiere, die an dem Marker **AA** tragen, höhere oder niedrigere Zuchtwerte aufweisen als **BB** Stiere. Die Herausforderung besteht allerdings darin, tatsächliche Markereffekte von scheinbaren Effekten, welche durch zugrundeliegende Verwandtschaftsstrukturen verursacht sind, zu unterscheiden. In *Abbildung 5* ist dies schematisch dargestellt: Ein Stier mit hohem Zuchtwert für Zellzahl weist an einem Marker ohne Merkmalseinfluss einen „AA“-Genotyp auf, während ein zweiter mit niedrigem Zuchtwert den Genotyp „BB“ trägt. Untersuchen wir nun jeweils 10 Söhne dieser

beiden Vererber, so ist einerseits zu erwarten, dass sich die beiden Gruppen in ihren Zellzahlzuchtwerten unterscheiden, andererseits kommt das Allel *A* in der Gruppe mit hohen Zuchtwerten wesentlich häufiger vor, da der Vater ja immer *A* an seine Söhne weitergibt. Gleiches gilt für das Allel *B* in der

Gruppe mit niedrigeren Zuchtwerten. Der vermeintlich steigende Effekt von ‚*A*‘ Allelen auf das Merkmal Zellzahl ist hier also eine Folge der zugrundeliegenden Verwandtschaftsverhältnisse und tritt auch dann auf, wenn der Marker das Merkmal nicht beeinflusst.

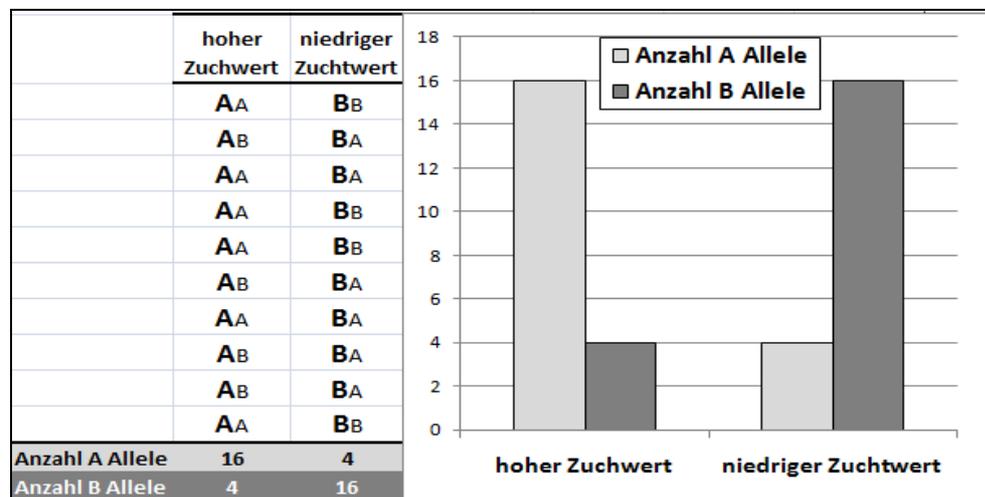


Abbildung 5: Ursache von scheinbar signifikanten SNP Effekten bei genomweiten Hauptgensuchen als Folge von nicht berücksichtigter Verwandtschaft.

Die Herausforderung für den Statistiker besteht also darin, Markereffekte unter Berücksichtigung der Verwandtschaftsverhältnisse zu testen. Dafür wurden eine Reihe von statistischen Verfahren entwickelt die vom Prinzip her darauf abzielen, die Verwandtschaftsstrukturen zu erfassen und in den statistischen Tests zu berücksichtigen (Price et al., 2006; Ziegler et al., 2008). In der vorliegenden Analyse wurde Methoden aus den R Paketen (www.r-project.org) ‚spikelslab‘ (Ishwaran et al., 2011) bzw. ‚snpMatrix‘ (Clayton et al., 2011) angewendet, wobei über das gleichzeitige Modellieren aller Marker bzw. über die Kontrolle der Verwandtschaft durch sogenannte Prinzipalkomponenten auf

die zugrundeliegende Verwandtschaft kontrolliert wurde.

Abbildung 6 zeigt einen sogenannten ‚Manhattan Plot‘ für Zellzahl und sämtliche 41.078 getestete SNP Marker aus der Analyse ohne Berücksichtigung der Verwandtschaftsstruktur. Jeder Punkt entspricht einem individuellen Markertest, wobei P Werte aus graphischen Gründen logarithmiert und mit -1 multipliziert wurden. Das heißt ein Wert von 6 entspricht einer Irrtumswahrscheinlichkeit von 0.000001 oder einem Millionstel. Die große Anzahl von 1.556 (3.8% aller getesteten) signifikanten Markern zeigt an, dass nicht berücksichtigte Verwandtschaft zu vielen fälschlichen Ergebnissen geführt hat.

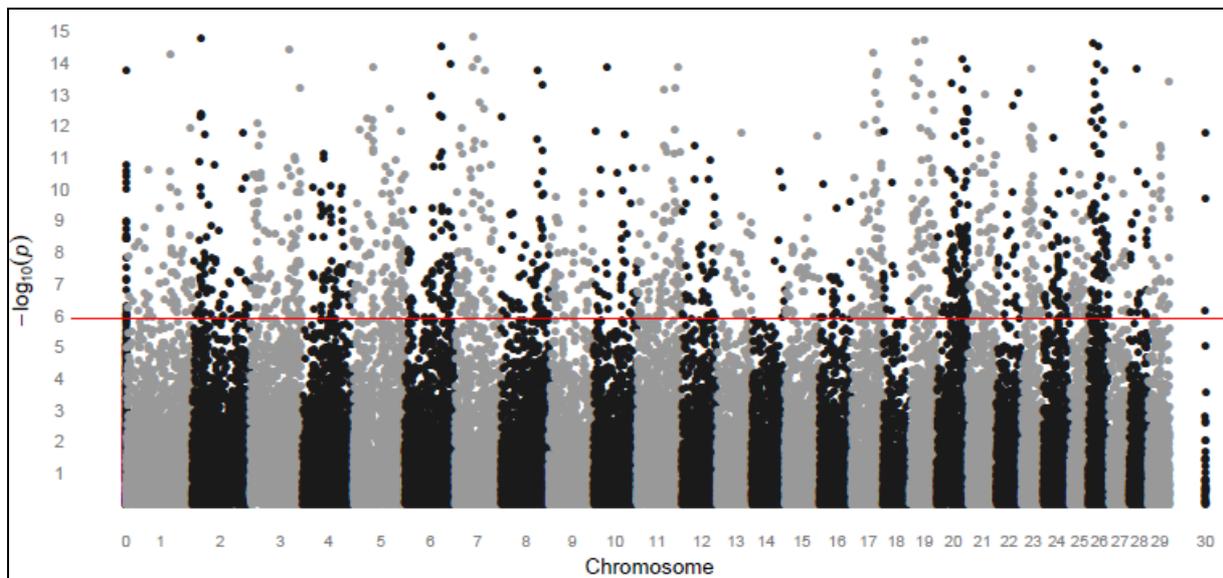


Abbildung 6: Manhattan Plot zur genomweiten Hauptgensuche für Zellzahl ohne Korrektur auf Verwandtschaft. Die Irrtumswahrscheinlichkeiten ist im Maßstab $-\log_{10}(P \text{ Wert})$ dargestellt. Die horizontale Linie stellt die Grenze der genomweiten Signifikanz dar ($P=1,217 \times 10^{-6}$), welche einer testweisen Irrtumswahrscheinlichkeit von 5% entspricht. Chromosom 0 steht für nicht annotierte Marker. Auf Chromosom 30 wurden nur SNP aus der pseudoautosomale Region untersucht.

Abbildung 7 zeigt dieselbe Darstellung für Zellzahl aus der Analyse mit Berücksichtigung der Verwandtschaftsstruktur. Deutlich erkennbar ist das Verschwinden der allermeisten vorher signifikanten Marker,

wenn in der Analyse auf den Einfluss der Verwandtschaft korrigiert wird. Insgesamt zehn SNP Marker aus sieben Genomregionen bleiben allerdings genomweit signifikant.

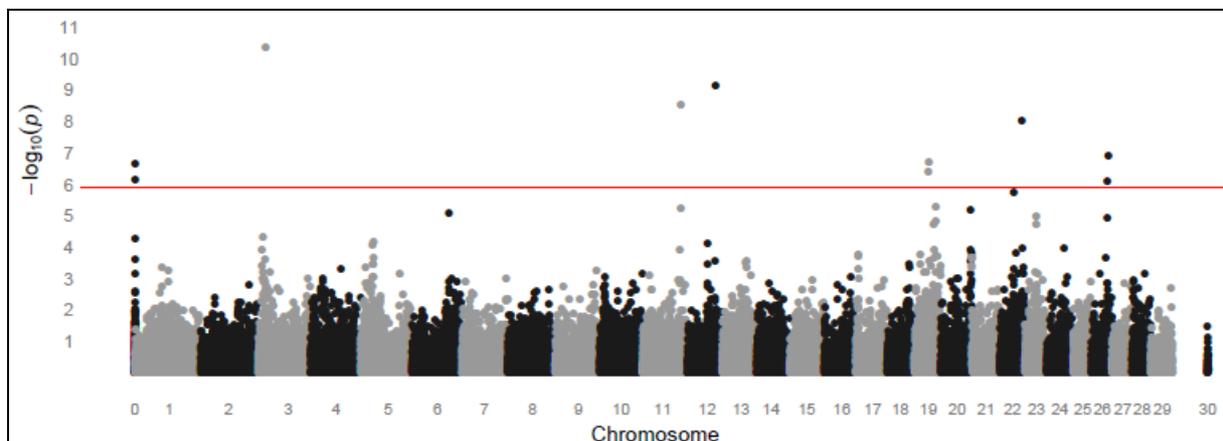


Abbildung 7: Manhattan Plot zur genomweiten Hauptgensuche für Zellzahl mit Korrektur auf Verwandtschaft. Die Irrtumswahrscheinlichkeiten ist im Maßstab $-\log_{10}(P \text{ Wert})$ dargestellt, d.h. $3=-\log_{10}(0,001)$. Die horizontale Linie stellt die Grenze der genomweiten Signifikanz dar ($P=1,217 \times 10^{-6}$), welche einer testweisen Irrtumswahrscheinlichkeit von 5% entspricht. Chromosom 0 steht für nicht annotierte Marker. Auf Chromosom 30 wurden nur SNP aus der pseudoautosomale Region untersucht.

Abbildungen 8 bis 10 zeigen die Verteilung der Zuchtwerte für drei Marker mit Signifikanz für Zellzahl. Für jedes der drei Merkmale

Melkbarkeit (DMG), Mastitisresistenz (MASTITIS) und Zellzahl (ZZ) ist die Verteilung innerhalb der drei Genotypen AA,

AB und BB dargestellt. Bei allen drei Markern unterscheiden sich reinerbige *AA*- von *BB* Genotypen um 4 bis 5 Zuchtwertpunkte. Diese Effektgrößen liegen damit im moderaten Bereich, erscheinen aber züchterisch als

durchaus interessant. Die mangelhafte Übereinstimmung zwischen *ZZ* und *MASTITIS* könnte durch die kleine Stichprobengröße von nur 345 Stieren bei Mastitis verursacht sein.

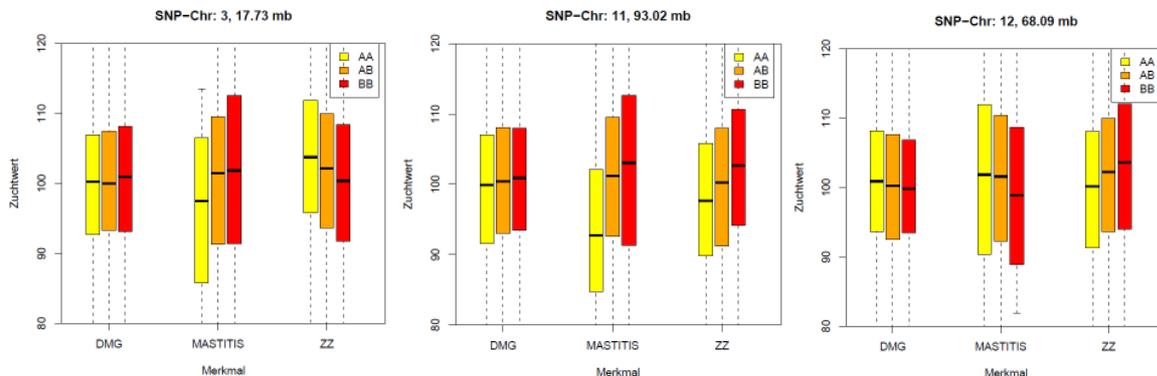


Abbildung 8-10: Boxplotverteilung der deregressierten Zuchtwerte in den Merkmalen Melkbarkeit (DMG), Mastitisresistenz (MASTITIS) bzw. Milchzellzahlgehalt (ZZ) für drei Marker mit genomweiter Signifikanz im Merkmal Milchzellzahlgehalt. Relativzuchtwerte mit Mittelwert von 100 und Standardabweichung von 12.

Die Verteilung der Allelsubstitutionseffekte aus der genomweiten Hauptgenusuche für Zellzahl ist in Abbildung 11 dargestellt. Aus dieser Darstellung wird klar ersichtlich, dass nur ein sehr kleiner Anteil der Marker

Effektgrößen von mehr als einem Zuchtwertpunkt aufweist. Effektgrößen von mehr als 2,5 Punkten konnten nicht identifiziert werden.

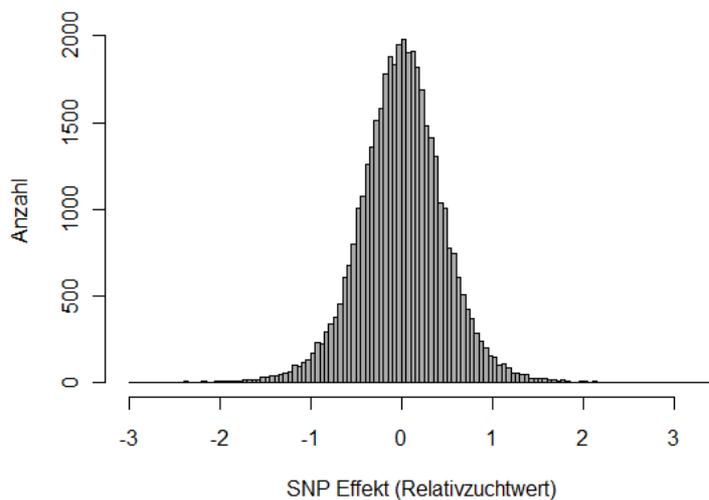


Abbildung 11: Verteilung der Markereffekte aus der Hauptgenusuche für Zellzahl. Effekte stellen die halbe Differenz zwischen reinerbigen Genotypen dar (Mittelwert=100, Standardabweichung=12).

Trotz des unzureichenden Datenumfanges von nur 345 Stieren mit ausreichender Zuchtwertgenauigkeit im Merkmal Mastitisresistenz wurde nach der oben beschriebenen Vorgangsweise eine genomweite Studie zum Auffinden

von Hauptgenen durchgeführt. Leider konnten keine signifikanten Marker identifiziert werden, was sich aus der niedrigen Teststärke erklären lässt.

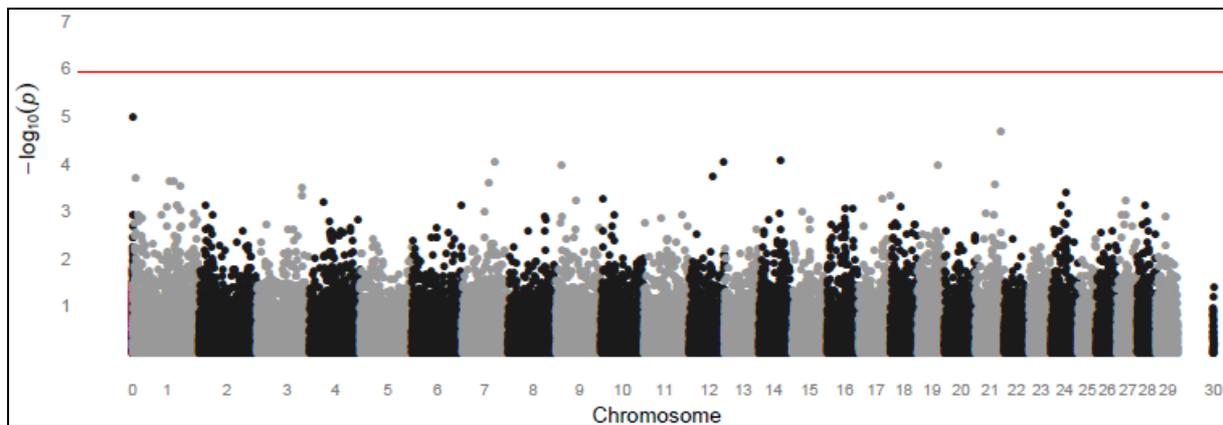


Abbildung 12: Manhattan Plot zur genomweiten Hauptgenusuche für Mastitisresistenz mit Korrektur auf Verwandtschaft. Die Irrtumswahrscheinlichkeiten ist im Maßstab $-\log_{10}(P \text{ Wert})$ dargestellt, d.h. $3 = -\log_{10}(0,001)$. Die horizontale Linie stellt die Grenze der genomweiten Signifikanz dar ($P = 1,217 \times 10^{-6}$), welche einer testweisen Irrtumswahrscheinlichkeit von 5% entspricht. Chromosom 0 steht für nicht annotierte Marker. Auf Chromosom 30 wurden nur SNP aus der pseudoautosomale Region untersucht.

Zusammenfassung

Die Genomische Selektion ist eine vielversprechende neue Technologie. Wie immer wenn neue Verfahren eingeführt werden, gibt es unter den Nutzern ein breites Spektrum von Erwartungen, die von großer Skepsis bis zu uneingeschränkter Euphorie getragen werden.

Ohne Zweifel wird es durch die Einführung der Genomischen Selektion zu großen Änderungen in den Zuchtprogrammen kommen, da Zuchtwerte von Jungtieren nun erstmals mit akzeptablen Genauigkeiten vorhergesagt werden können. Diese Änderungen werden vor allem auf die Verkürzung der Generationenabfolge abzielen. Da Fitnessmerkmale relativ gesehen meist höhere Anstiege der Zuchtwertsicherheiten als Produktionsmerkmale aufweisen, gibt es berechnete Hoffnungen, dass die genomische Selektion auch für diese Merkmale zu positiven genetischen Trends führen könnte. Der Verfügbarkeit von genauen Leistungsdaten wird zukünftig eine noch entscheidendere Rolle zukommen. Daher ist die Einführung der ZWS für Mastitisresistenz als wichtiger Schritt zu sehen und der flächendeckenden Leistungsprüfung für Gesundheitsmerkmale höchste Priorität zu geben. Nur so können zukünftig auch genomische Zuchtwerte für dieses Merkmal geschätzt werden.

Technologische Weiterentwicklungen und sinkende Kosten für die Genotypisierung werden weiter zu rasanten Änderungen in genom-basierten Zuchtwertschätzverfahren führen. Diese Entwicklung wird dazu führen, dass wir die genetischen Grundlagen der Merkmalsausprägung besser verstehen werden. Den Anwendern dieser Verfahren obliegt es, diese Werkzeuge verantwortungsvoll zur züchterischen Verbesserung unserer Rinderrassen einzusetzen.

Literatur

- Clayton D. and H.T. Leung (2011). snpMatrix: The snp.matrix and X.snp.matrix classes. R package version 1.14.6. <http://www-gene.cimr.cam.ac.uk/clayton/software/>
- Ishwaran H., Rao J.S. and Kogalur U.B. (2011). spikeslab: Prediction and variable selection using spike and slab regression, R package version 1.1.3.1.
- Meuwissen T.H.E., Hayes B.J. and M.E. Goddard (2001): Prediction of total genetic value using genome –wide dense marker maps. Genetics 157: 1819-1829.
- Price A.L., Patterson N.J., Plenge R.M., Weinblatt M.E., Shadick N.A. and D. Reich (2006): Principal components analysis corrects for stratification in genome-wide association studies. Nat. Genet 38 : 904-909.
- R Development Core Team (2009). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, <http://www.R-project.org>.
- Ziegler A, König I.R., and J.R. Thompson (2008): Biostatistical aspects of genome-wide association studies. Biom J. 50(1): 8-28.

Berücksichtigung von Gesundheitsmerkmalen im Zuchtziel und Zuchtprogramm

Christa Egger-Danner und Alfons Willam

1. Einleitung

In vielen europäischen Ländern hat sich die Milchleistung in den letzten 40 Jahren mehr als verdoppelt. Der Anstieg der Milchleistung war begleitet von einer schlechteren Reproduktionsfähigkeit und der Zunahme von Gesundheitsproblemen (Oltenacu und Algers, 2005).

Ergebnisse aus der Leistungsprüfung und die genetischen Trends (ZuchtData, 2011) zeigen, dass in Österreich in den letzten 10 Jahren bei der Milchmenge bei Fleckvieh ein Zuchtfortschritt pro Jahr von ca. 90 kg (Holstein 75 kg, Braunvieh 60 kg) erzielt worden ist. Im Vergleich dazu konnte bei den Fitnessmerkmalen kein bis kaum Zuchtfortschritt erzielt werden (Tabelle 1 und 2). Verschiedene Publikationen zeigen einen ungünstigen genetischen Zusammenhang von Milchleistung und Fitness bzw. Gesundheit (Fürst, 2010; Veerkamp et al. 2003). Nach Philipsson und Linde (2003) ist bei einer stark auf Milchleistung ausgerichteten Selektion mit einem Rückgang der Fruchtbarkeit und Gesundheit zu rechnen.

Aktuelle Umfragen unter Züchtern in Österreich (Miesenberger, 2009; Straif, 2010; Winkler, 2010) zeigen, dass sich die Züchter im Durchschnitt in den nächsten Jahren bei der Milch nur moderate Zuchtfortschritte, hingegen in den Komplexen Fruchtbarkeit, Eutergesundheit und Fundament deutliche Verbesserungen erwarten.

Beispiele aus Skandinavien (Heringstad et al. 2007; Heringstad, 2009) belegen, dass durch eine stärkere wirtschaftliche Gewichtung der Eutergesundheit im Gesamtzuchtwert, ein positiver Zuchtfortschritt von 0,3% weniger Mastitiserkrankungen pro Jahr erzielt werden konnte. Hierfür war aber wesentlich, dass das Gewicht im Gesamtzuchtwert von früher 3% auf 21% erhöht worden ist.

Im vorliegenden Artikel soll analysiert werden, welche Auswirkungen die Berücksichtigung von direkten Gesundheitsmerkmalen im Zuchtziel und im Zuchtprogramm auf den Zuchtfortschritt bei diesen Merkmalen hat und welche Auswirkungen durch die genomische Selektion auf den Bereich Fitness und Gesundheit zu erwarten sind. Von Interesse ist weiters, mit welchen Maßnahmen konkret der Eutergesundheitsbereich gestärkt werden kann. Die Berechnungen wurden für die Rasse Fleckvieh durchgeführt, weil für diese Rasse bereits Parameter zu den Gesundheitsmerkmalen als auch zur Genomischen Selektion (GS) vorliegen.

2. Aktueller Stand

Zuchtziel

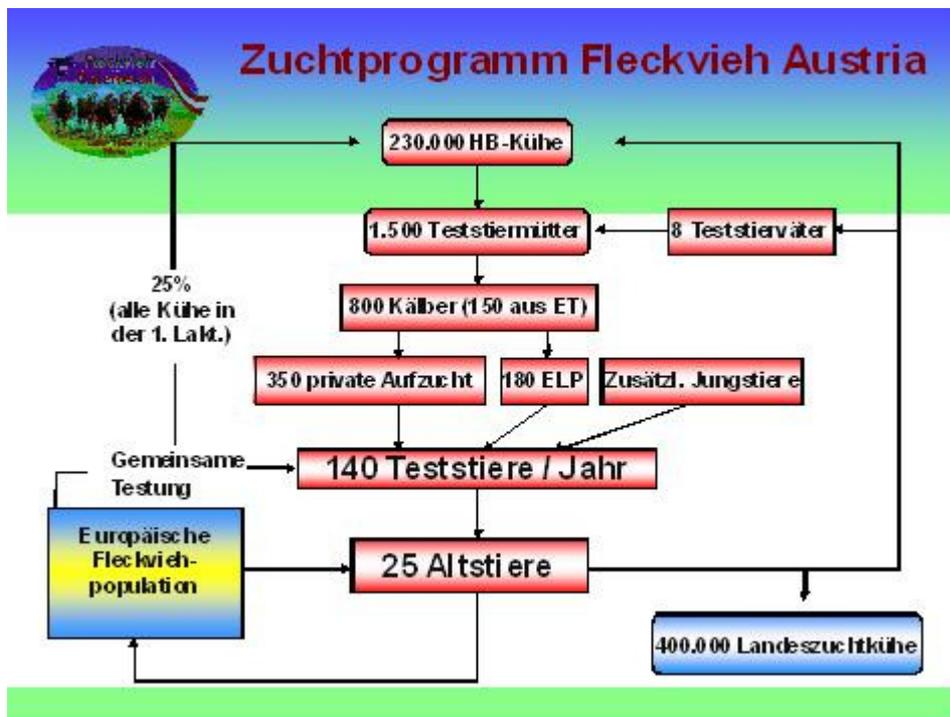
Das Zuchtziel wird in Österreich durch den Gesamtzuchtwert beschrieben. Die relative Gewichtung im Gesamtzuchtwert beträgt bei Fleckvieh derzeit 38% für Fett- und Eiweiß kg, 16% für die Fleischleistungsmerkmale, 44 % für die Fitnessmerkmale und 2% für die Melkbarkeit. Trotz des relativen hohen Gewichtes für den Fitnessblock werden beim Zuchtfortschritt nur 4,4% aus diesem Bereich realisiert. Die Milchmerkmale realisieren 83,4%, Fleisch 10,1% und Melkbarkeit 0,7%.

Zuchtprogramm

Im Zuchtprogramm sind die verschiedenen Selektionsschritte (Teststiere, Teststiermütter, Teststierväter und Altstiere) so konzipiert, dass das Zuchtziel bestmöglich erreicht wird. Die Basis ist derzeit ein System mit Nachkommenprüfung. Bei der Rasse Fleckvieh werden aktuell aus 1.500 Teststiermüttern ca. 140 Teststiere ausgewählt und getestet. Diese Stiere werden als Wartestiere bis zum Vorliegen ihres Zuchtwertes (basierend auf den Töchter-

leistungen) gehalten. Die besten 25 Stiere sollen dann selektiert und breit eingesetzt werden. Aus diesen Altstieren werden wiederum die besten für die gezielte Paarung

ausgewählt (Grafik 1). Im Durchschnitt werden ca. 60 Töchter pro Teststier geprüft.

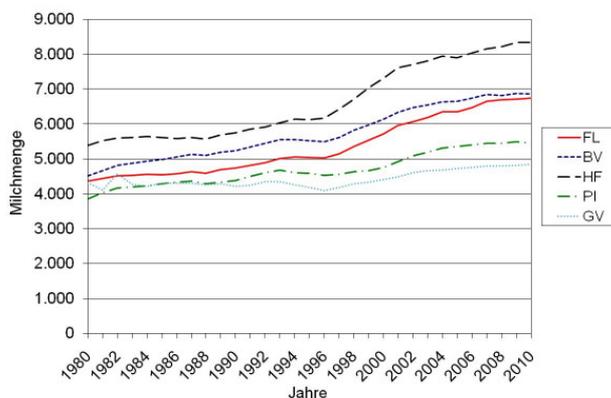


Grafik 1: Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA – konventionelles Zuchtprogramm konzipiert im Jahr 2000

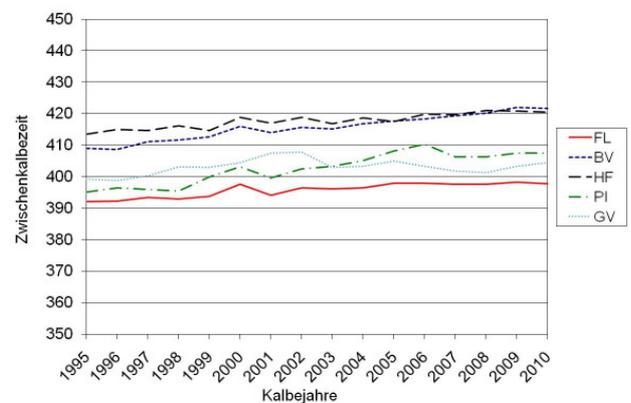
Phänotypische Trends

Bei Betrachtung der Entwicklung der Milchleistung und verschiedener anderer Merkmale aus der Leistungsprüfung (Grafik 2 bis 5 und Tabelle 1) fällt auf, dass die Milchleistung enorm gesteigert werden konnte. Deutliche Verbesserungen gibt es auch bei der

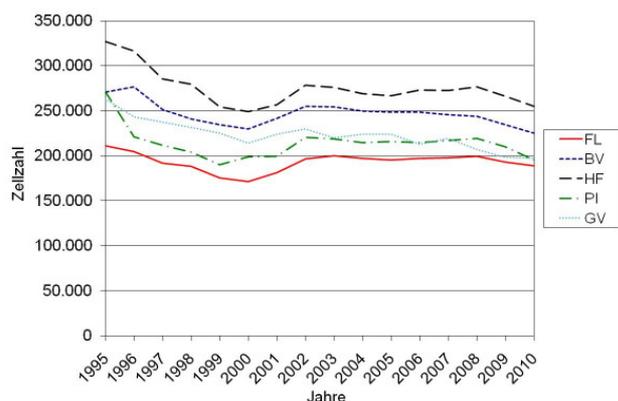
Effizienz gemessen an der Milchmenge pro Lebensjahr. Die Melkbarkeit konnte in den letzten 10 Jahren ebenso deutlich verbessert werden. Keine bis kaum Verbesserungen konnten bei der Fruchtbarkeit und der Eutergesundheit erzielt werden.



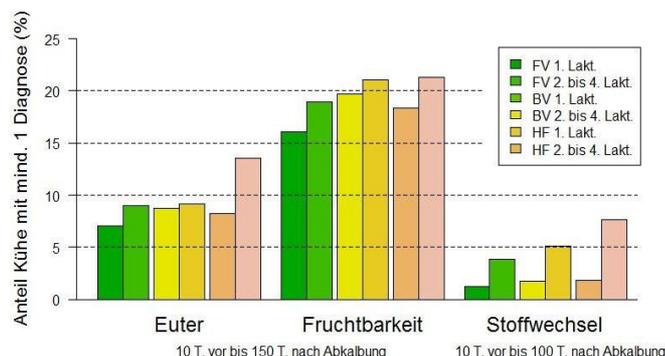
Grafik 2: Entwicklung der Milchmenge bei Kontrollkühen (alle Laktationen) von 1980 bis 2010 (ZuchtData)



Grafik 3: Entwicklung der Zwischenkalbezeit bei Herdebuchkühen (alle Laktationen) von 1995 bis 2009 (Fürst, 2011)



Grafik 4: Entwicklung der durchschnittlichen Zellzahl bei Kühen von 1995 bis 2010 (Fürst, 2011)



Grafik 5: Anteil Kühe mit mindestens einer Diagnose im Jahr 2009 (Schwarzenbacher, 2010)

Tabelle 1: Entwicklung verschiedener Merkmale in der Leistungsprüfung bei Fleckvieh, Braunvieh und Holstein von 2000 bis 2010 (ZuchtData, 2002 und 2010; Fürst, 2011)

| | FL | | BV | | HF | |
|---------------------------|--------|--------------|--------|--------------|--------|--------------|
| | 2010 | Diff zu 2000 | 2010 | Diff zu 2000 | 2010 | Diff zu 2000 |
| Milch kg - HB alle Lakt. | 6.736 | 1,020 | 6.866 | 731 | 8.335 | 1.019 |
| Fett % | 4,13 | -0,02 | 4,12 | 0,01 | 4,09 | -0,08 |
| Eiweiß % | 3,4 | -0,02 | 3,42 | 0,07 | 3,25 | -0,01 |
| HKL (E=5, P=1) | 3,6 | 0,10 | 2,46 | -0,04 | 1,72 | -0,58 |
| Nutzungsdauer (Jahre) | 3,73 | -0,29 | 3,82 | -0,26 | 3,57 | -0,11 |
| Anzahl Abkalbungen | 3,89 | -0,20 | 3,68 | -0,25 | 3,52 | -0,07 |
| Lebensleistung (kg) | 25.567 | 3.050 | 26.438 | 2.674 | 30.568 | 4.979 |
| Milch-kg pro Lebenstag | 11,2 | 1,91 | 11,2 | 1,67 | 14,0 | 2,71 |
| Zwischenkalbezeit (Tage)* | 398,4 | 5,40 | 422,1 | 10,10 | 421,1 | 6,40 |
| Totgeburten (%) | 4,0 | 1,87 | 4,0 | 1,64 | 5,9 | 2,44 |
| Zellzahl (in 1000)* | 189 | 18 | 225 | -5 | 255 | 6 |
| Melkbarkeit (kg/min) | 2,23 | 0,19 | 2,17 | 0,22 | 2,34 | 0,09 |

Aus Grafik 5 ist ersichtlich, dass jede 5. Kuh bei den Rassen Fleckvieh, Braunvieh und Holstein in Österreich mindestens eine Fruchtbarkeitsbehandlung aufweist. Im Mastitisbereich sind es zwischen 7 bis 10 Prozent der Kühe. Für die Auswertung wurden validierte Daten herangezogen. Es ist aber anzunehmen, dass der Prozentsatz eher unterschätzt ist.

Genetische Trends

Die genetischen Trends geben Aufschluss über die Zuchtfortschritte in den einzelnen

Merkmale. Diese sind auf die Umwelteinflüsse (Fütterung, Haltung, ...) korrigiert. Tabelle 2 zeigt, dass bei Fleckvieh in den letzten 10 Jahren beim Zielmerkmal Gesamtzuchtwert eine sehr große Steigerung erzielt werden konnte, die sich auch im Zuchtfortschritt der Milchmenge widerspiegelt. Die genetischen Trends für die maternale Fruchtbarkeit sind durchwegs negativ. Der Trend bei der Zellzahl ist leicht positiv.

Tabelle 2: Genetische Trends bei Kühen (FW und FIT: Stiere) im Durchschnitt der letzten 10 Jahre bei den Rassen Fleckvieh, Braunvieh, Holstein, Pinzgauer und Grauvieh (ZuchtData, 2010)

| | FL | BV | HF | PI | GV |
|-----------------|--------|--------|--------|--------|--------|
| GZW/RZG | 2,5 | 1,8 | 1,5 | 1,2 | 1,2 |
| MW/RZM | 2,6 | 1,8 | 1,7 | 1,3 | 1,5 |
| Milch kg | 92 | 60 | 75 | 50 | 38 |
| Fett % | -0,009 | -0,004 | -0,010 | -0,007 | 0,006 |
| Eiweiß % | -0,003 | 0,000 | -0,002 | -0,005 | -0,002 |
| FW | -0,10 | 0,00 | | 0,40 | 0,60 |
| FIT | 0,60 | 0,80 | 0,70 | 0,20 | 0,90 |
| ND/RZN | 0,70 | 0,60 | 0,70 | -0,20 | 1,00 |
| FRUm/RZR | -0,40 | 0,00 | -0,70 | -0,30 | 0,00 |
| ZZ | 0,10 | 0,50 | 0,50 | 0,60 | 0,60 |

3. Daten und Methode

Um die Auswirkungen der Berücksichtigung der Gesundheitsmerkmale im Zuchtprogramm als auch der Genomischen Selektion zu analysieren, wurden am Beispiel des Zuchtprogrammes „Fleckvieh AUSTRIA“ Modellrechnungen durchgeführt.

Die Modellrechnungen wurden mit dem Computerprogramm ZPLAN (Willam et al. 2008) durchgeführt.

Fragestellungen:

1. Welche Auswirkungen sind durch die Berücksichtigung von direkten Gesundheitsmerkmalen im Zuchtziel (GZW) zu erwarten?
2. Wie kann der Zuchtfortschritt für die Fitness und Gesundheit erhöht werden?
3. Welche Auswirkungen auf Zuchtfortschritt und im speziellen auf Fitness und Gesundheit sind durch die Genomische Selektion zu erwarten?

Für Frage 1 wurde der bestehende Gesamtzuchtwert (GZW) um die direkten Gesundheitszuchtwerte aus der Routine-Zuchtwertschätzung erweitert (GZW-GMON) und mit dem bestehenden GZW (GZW) verglichen. Für die Analysen zur Genomischen Selektion wurde der GZW-GMON herangezogen.

Merkmale:

Fruchtbarkeits-Index (FRU-I):

Im Fruchtbarkeits-Index wurden hier zusätzlich zu den bestehenden Merkmalen der

Fruchtbarkeit maternal (NR56 Kalbin und Kuh, Verzögerungszeit Kalbin und Kuh) die Merkmale frühe Fruchtbarkeitsstörungen und Zysten integriert.

Die wirtschaftlichen Gewichte für Fruchtbarkeitsstörungen betragen 9,34 Euro pro genetischer Standardabweichung, bei den Zysten 4,09 Euro (Fürst-Waltl et al., 2010).

Eutergesundheits-Index (EUG-I):

Der in den Modellrechnungen berücksichtigte Eutergesundheits-Index besteht aus der Mastitis, Zellzahl und den Merkmalen Euternote, Euterboden, Voreuteraufhängung und Strichstellung.

Für den Eutergesundheits-Index wurde das wirtschaftliche Gewicht in Summe nicht verändert, da bereits beim wirtschaftlichen Gewicht für die Zellzahl die Mastitis mitberücksichtigt wurde.

Genetische Parameter

Die unterstellten Heritabilitäten für den Fruchtbarkeits-Index liegen bei 2% und für den Eutergesundheits-Index bei 12%. Die genetische Korrelation zwischen Fett und Eiweiß kg und Fruchtbarkeits-Index beträgt -0,20. Die genetische Korrelation zwischen Fett und Eiweiß kg zum Eutergesundheitsindex beträgt -0,25.

Die unterstellten genetischen Korrelationen zwischen den Merkmalen und die Heritabilitäten (Diagonale) der Merkmale sind in Tabelle 3 und Tabelle 4 dargestellt (Koeck et al. 2010a, b; Fürst, 2011; Fürst und Fürst-Waltl, 2011).

Tabelle 3: Heritabilitäten und genetische Korrelationen zwischen den Merkmalen im Fruchtbarkeitsindex

| | NR-Ka | NR-Ku | VZ-Ka | VZ-Ku | fFrSt | Zyst |
|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|
| NR-Ka | 0,014 | | | | | |
| NR-Ku | 0,52 | 0,012 | | | | |
| VZ-Ka | 0,44 | 0,36 | 0,012 | | | |
| VZ-Ku | 0,4 | 0,46 | 0,43 | 0,012 | | |
| fFrSt | 0,3 | 0,3 | 0,63 | 0,63 | 0,023 | |
| Zyst | 0,44 | 0,44 | 0,59 | 0,59 | 0,22 | 0,041 |

NR-Ka: Non-Return-Rate, NR-Ku: Non-Return-Rate Kuh, VZ-Ka: Verzögerungszeit Kalbin, VZ-Ku: Verzögerungszeit Kuh, fFrSt: frühe Fruchtbarkeitsstörung, Zyst: Zysten

Tabelle 4: Heritabilitäten und genetische Korrelationen zwischen den Merkmalen im Eutergesundheitsindex

| | ZZ | Ma | Eu-No | Eu-Bo | vEuAh | StrSt |
|--------------|-------------|--------------|-------------|-------------|-------------|-------------|
| ZZ | 0,12 | | | | | |
| Ma | 0,47 | 0,019 | | | | |
| Eu-No | 0,37 | 0,31 | 0,24 | | | |
| Eu-Bo | 0,3 | 0,33 | 0,52 | 0,33 | | |
| vEuAh | 0,37 | 0,48 | 0,52 | 0,52 | 0,21 | |
| StrSt | 0,3 | 0,33 | 0,44 | 0,15 | 0,04 | 0,31 |

ZZ: Zellzahl, Ma=Mastitis, Eu-No: Euter, Eu-Bo: Euterboden, vEuAh: Voreuteraufhängung, StrSt: Strichstellung

Zuchtprogramme und Genomische Selektion (GS):

Es wurden verschiedene Varianten eines Zuchtprogrammes mit Berücksichtigung der Genomischen Selektion hinsichtlich der Auswirkungen auf den Zuchtfortschritt, die Kosten und die Auswirkungen auf den Fitness- und Gesundheitsblock untersucht. In dieser Analyse liegt das Hauptaugenmerk auf den zu erwartenden Auswirkungen auf Fitness und Gesundheit.

GS-Zuchtprogramm - Varianten:

Aus dem aktuellen Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA (Grafik 1) wurde eine Basis-Variante eines GS-Zuchtprogrammes konzipiert. Dabei wurde von moderaten mittelfristigen Veränderungen in den nächsten Jahren ausgegangen. Eine Variante ohne Berücksichtigung von nachkommen-geprüften Stieren wurde nicht untersucht. Es wurde angenommen, dass sich die Anzahl der Teststiere von 140 auf 100 Teststiere reduziert und diese 100 Teststiere aus 1.000 Kandidaten mit genomischen Zuchtwerten selektiert werden. Der Anteil der Besamungen mit Teststieren (Jungstieren) liegt bei 40%. Aus diesen 100 Teststieren werden jährlich 15

geprüfte Stiere für den Zweiteinsatz selektiert und durchschnittlich 2 Jahre genutzt bzw. eingesetzt. In der Basisvariante wurde angenommen, dass für die Gezielte Paarung der Stiermütter nur geprüfte Vererber eingesetzt werden. In Variante 1 wurden 50% der Teststiermütter mit Jungstieren angepaart. In Variante 2 wurde der Anteil Besamungen mit Jungstieren auf 70% erhöht. In Variante 3 beträgt der Anteil Jungstierbesamungen in der gezielten Paarung 50%.

Sicherheitsgewinn durch Genomische Selektion:

Im Computerprogramm ZPLAN wird die Sicherheit der Zuchtwerte durch die Berücksichtigung der verschiedenen Informationsquellen (Eigenleistungen, Halbgeschwister, Nachkommen, ...) berücksichtigt. Der Informationsgewinn durch die genomisch direkten Zuchtwerte (gdZW) wird als zusätzliche Nachkommenäquivalente berücksichtigt. Die Sicherheit des genomisch optimierten Gesamtzuchtwerts beträgt in diesen Modellrechnungen 0,62. Die Sicherheit des Pedigree-Indexes ohne genomische Information 0,36.

4. Ergebnisse und Diskussion

4.1 Berücksichtigung von Gesundheitsmerkmalen im Gesamtzuchtwert

Analysiert wurde die Auswirkung der Berücksichtigung der neuen direkten Gesundheitsmerkmale im Gesamtzuchtwert

(GZW-GMON) im Vergleich zum aktuellen Gesamtzuchtwert (GZW) (Steininger, 2010). Die Analysen beziehen sich auf das aktuelle Zuchtprogramm bei Fleckvieh (Grafik 1) ohne Berücksichtigung der genomischen Selektion. Genauere Informationen sind bei Fuerst-Waltl et al. (2010) zu finden.

Tabelle 5: Genetische Standardeinheiten (s(a)) und wirtschaftliche Gewichte (wG) pro s(a) in EUR, relative Gewichtung der Merkmale und naturale und monetäre Zuchtfortschritte pro Jahr im Gesamtzuchtwert bei der Variante GZW

| Merkmal | GZW | | | | GZW | | | | | |
|----------------|-------|---------|---------------|-------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|-------------|
| | s(a) | wG*s(a) | % | % | natZF/J | monZF/J | % | % | | |
| Milch | Fkg | kg | 21,9 | 9,86 | 4,5 | 37,9 | 18,66 | 1,84 | 8,9 | 84,3 |
| | Ekg | kg | 16,4 | 73,80 | 33,4 | | 21,08 | 15,56 | 75,4 | |
| Fleisch | NTZ | g | 26,5 | 16,08 | 7,3 | 16,5 | 9,49 | 1,53 | 7,4 | 10,1 |
| | AUS | % | 1,15 | 10,20 | 4,6 | | 1,60 | 0,16 | 0,8 | |
| | HKL | Klasse | 0,25 | 10,20 | 4,6 | | 3,82 | 0,39 | 1,9 | |
| Fitness | ND | Tag | 180 | 29,64 | 13,4 | 43,7 | 2,92 | 0,87 | 4,2 | 4,4 |
| | PERS | Pkte | 12 | 4,32 | 2,0 | | 3,17 | 0,14 | 0,7 | |
| | FRU-I | Pkte | 12 | 15,00 | 6,8 | | -0,99 | -0,15 | -0,7 | |
| | KVLp | Klasse | 0,22 | 4,08 | 1,8 | | -3,14 | -0,13 | -0,6 | |
| | KVLm | Klasse | 0,22 | 4,08 | 1,8 | | 5,32 | 0,22 | 1,1 | |
| | TOTp | % | 4 | 9,00 | 4,1 | | -0,55 | -0,05 | -0,2 | |
| | TOTm | % | 4 | 9,00 | 4,1 | | 2,51 | 0,23 | 1,1 | |
| | ZZ | Pkte | 12 | 21,36 | 9,7 | | -0,98 | -0,21 | -1,0 | |
| MBK | DMG | Pkte | 12 | 4,32 | 2,0 | 2,0 | 5,53 | 0,24 | 1,2 | 1,2 |
| | | | 220,94 | | 100,0 | GZW = | 20,62 | 100,0 | 100,0 | |

Tabelle 6: Genetische Standardeinheiten (s(a)) und wirtschaftliche Gewichte (wG) pro s(a) in EUR, relative Gewichtung der Merkmale und naturale und monetäre Zuchtfortschritte pro Jahr im Gesamtzuchtwert bei der Variante GZW-GMON

| Merkmal | EH | GZW-GMON | | | | GZW-GMON | | | | |
|----------------|-------|----------|---------------|-------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|-------------|
| | | s(a) | wG*s(a) | % | % | natZF/J | monZF/J | % | % | |
| Milch | Fkg | kg | 21,9 | 9,86 | 4,2 | 35,7 | 17,75 | 1,75 | 8,5 | 80,6 |
| | Ekg | kg | 16,4 | 73,80 | 31,5 | | 20,17 | 14,89 | 72,2 | |
| Fleisch | NTZ | g | 26,5 | 16,08 | 6,9 | 15,6 | 9,43 | 1,52 | 7,4 | 9,9 |
| | AUS | % | 1,15 | 10,20 | 4,4 | | 1,64 | 0,17 | 0,8 | |
| | HKL | Klasse | 0,25 | 10,20 | 4,4 | | 3,53 | 0,36 | 1,7 | |
| Fitness | ND | Tag | 180 | 29,64 | 12,6 | 46,9 | 3,26 | 0,97 | 4,7 | 8,3 |
| | PERS | Pkte | 12 | 4,32 | 1,8 | | 3,89 | 0,17 | 0,8 | |
| | FRU-I | Pkte | 12 | 28,43 | 12,1 | | 1,03 | 0,29 | 1,4 | |
| | KVLp | Klasse | 0,22 | 4,08 | 1,7 | | -3,09 | -0,13 | -0,6 | |
| | KVLm | Klasse | 0,22 | 4,08 | 1,7 | | 5,28 | 0,22 | 1,0 | |
| | TOTp | % | 4 | 9,00 | 3,8 | | -0,56 | -0,05 | -0,2 | |
| | TOTm | % | 4 | 9,00 | 3,8 | | 2,53 | 0,23 | 1,1 | |
| | EUG-I | Pkte | 12 | 21,36 | 9,1 | | 0,09 | 0,02 | 0,1 | |
| MBK | DMG | Pkte | 12 | 4,32 | 1,8 | 1,8 | 5,45 | 0,24 | 1,1 | 1,1 |
| | | | 234,37 | | 100,0 | GZW = | 20,63 | 100,0 | 100,0 | |

Die Berücksichtigung der direkten Fruchtbarkeitsstörungen im Fruchtbarkeits-Index (FRU-I) sowie der Mastitis, Eutermerkmale und der Zusammenhänge zur Zellzahl in einem Eutergesundheits-Index (EUG-I) führt zu einem vergleichbaren monetären Zuchtfortschritt pro Jahr für die Varianten GZW und GZW-GMON. In der GZW-Variante beträgt der monetäre Zuchtfortschritt 20,62 Euro pro Kuh und Jahr. In der Variante GZW-GMON beträgt der monetäre Zuchtfortschritt 20,63 Euro pro Kuh und Jahr. Zu beobachten ist eine Verlagerung des realisierten Zuchtfortschrittes für die Fitnessmerkmale von 4,4 auf 8,3%. Durch die

Berücksichtigung der Fruchtbarkeits- und Eutergesundheits-Indices ist ein leicht positiver Zuchtfortschritt für diese beiden Merkmale zu erzielen.

Auswirkungen höherer wirtschaftlicher Gewichte

Analysiert wurden weiters die Auswirkungen der Erhöhung der wirtschaftlichen Gewichte für Fruchtbarkeits- und Eutergesundheits-Index. In Variante 1 wurde das wirtschaftliche Gewicht um jeweils 50% erhöht, in Variante 2 um 100%. Ausgangsvariante für diese Varianten ist GZW-GMON.

Tabelle 7: Relative Gewichtung der Merkmale (%Index) und der realisierten Zuchtfortschritte (%ZF) pro Jahr im Gesamtzuchtwert bei den Varianten GZW-, GZW-GMON, GZW-GMON+50% und GZW-GMON+100%.

| | GZW-FRU | | GZW-GMON | | GZW-GMON +50% | | GZW-GMON+100% | |
|----------------|-------------|------------|-------------|------------|---------------|-----------|---------------|-------------|
| | %Index | %ZF | %Index | %ZF | %Index | %ZF | %Index | %ZF |
| Milch | 37,9 | 84,3 | 37,9 | 80,6 | 32,3 | 69,8 | 29,4 | 56,2 |
| Fleisch | 16,5 | 10,1 | 15,6 | 9,9 | 14,1 | 9,3 | 12,8 | 8,2 |
| Fitness | 43,7 | 4,4 | 46,9 | 8,3 | 52 | 20 | 56,2 | 34,9 |
| MBK | 2 | 1,2 | 1,8 | 1,1 | 1,7 | 0,9 | 1,5 | 0,7 |

Die Erhöhung der wirtschaftlichen Gewichte für Fruchtbarkeits- und Eutergesundheits-Index (FRU-I bzw. EUG-I) um 50% bzw. 100% bewirkt eine Verschiebung des Gewichtes von Milch und Fleisch zu Fitness. Die relative Gewichtung der Fitness beträgt bei einer Erhöhung um 50% 52%, bei den realisierten Zuchtfortschritten ist ein Anstieg von 8,8% auf 20% zu beobachten. Bei einer Erhöhung des wirtschaftlichen Gewichtes um 100% werden 35% des Zuchtfortschritts im Fitnessbereich realisiert. Aus Tabelle 8 ist ersichtlich, dass bei diesen Annahmen für den aktuellen GZW und das Zuchtprogramm Fleckvieh AUSTRIA ca. 3,46 kg Zuchtfortschritt bei Eiweiß kg realisiert werden. Der Zuchtfortschritt für den aktuellen Fruchtbarkeits-Index ohne die direkten Gesundheitsmerkmale und die Zellzahl ist

leicht negativ. Bei Berücksichtigung der direkten Gesundheitsmerkmale mit ihrem abgeleiteten wirtschaftlichen Gewicht reduziert sich der Zuchtfortschritt bei der Eiweißmenge auf 3,3 kg. Beim Fruchtbarkeits- und Eutergesundheits-Index ist eine Trendwende zu leicht positiver Entwicklung zu beobachten. Eine tatsächliche Verbesserung der Fruchtbarkeit- und Eutergesundheit ist durch eine höhere Gewichtung im Index zu erreichen. Wenn der Anteil Fruchtbarkeit statt aktuell von 6,8% auf 16,4% erhöht wird, so ist eine Verbesserung im Fruchtbarkeits-Index um 0,45 Punkte pro Jahr zu erreichen, beim Eutergesundheits-Index durch die Erhöhung von 9,7 auf 12,4% eine Verbesserung von 0,38 Punkten pro Jahr.

Tabelle 8: Auswirkung auf die naturalen Zuchtfortschritte bei Fruchtbarkeit (FRU-I) und Eutergesundheit (EUG-I) und Eiweiß kg

| | GZW-FRU | | GZW-GMON | | GZW-GMON +50% | | GZW-GMON+100% | |
|--------------------|----------|----------|----------|----------|---------------|----------|---------------|----------|
| | wG*s(a)% | Nat.ZF/J | wG*s(a)% | Nat.ZF/J | wG*s(a)% | Nat.ZF/J | wG*s(a)% | Nat.ZF/J |
| FRU-I (Pkt) | 6,8 | -0,12 | 12,1 | 0,12 | 16,4 | 0,45 | 20,0 | 0,74 |
| EUG-I (Pkt) | 9,7 | -0,12 | 9,1 | 0,01 | 12,4 | 0,38 | 15,0 | 0,71 |
| Ekg (kg) | 33,4 | 3,46 | 31,5 | 3,31 | 28,5 | 2,93 | 26,0 | 2,50 |

Bei der Interpretation ist aber zu beachten, dass hier angenommen wurde, dass diese direkten Gesundheitsinformation vollständig vorliegen und von allen Kühen erfasst werden. Wenn für den Eutergesundheits-Index nur die Zellzahl als Hilfsmerkmal für die Mastiits vorliegt, ist mit einem langsameren Zuchtfortschritt zu rechnen.

4.2 Genomische Selektion und Auswirkungen auf Fitness und Gesundheit

Varianten der Genomischen Selektion

GS-Basis:

GZW-GMON mit 100 Teststieren (Jungstieren), **40%** Testanteil, 15 Altstieren, Remontierung Teststier 1:10 und **0%** Besamungen der Teststiermütter mit Jungstieren

GS 1:

GZW-GMON mit 100 Teststieren (Jungstieren), **40%** Testanteil, 15 Altstieren, Remontierung Teststier 1:10 und **50%** Besamungen der Teststiermütter mit Jungstieren

GS 2:

GZW-GMON mit 100 Teststieren (Jungstieren), **70%** Testanteil, 15 Altstieren, Remontierung Teststier 1:10 und **0%** Besamungen der Teststiermütter mit Jungstieren

GS 3:

GZW-GMON mit 100 Teststieren (Jungstieren), **70%** Testanteil (Jungstierbesamungen), 15 Altstieren, Remontierung Teststier 1:10 und **50 %** Besamungen der Teststiermütter mit Jungstieren

Auswirkungen auf den monetären Zuchtfortschritt pro Jahr

Bei der Interpretation der Ergebnisse ist zu beachten, dass die Variante GZW-GMON in den Analysen zur Auswirkung der Genomischen Selektion leicht von der Variante GZW-GMON, die zur Analyse der Berücksichtigung von Gesundheitsmerkmalen im Gesamtzuchtwert herangezogen wurde, abweicht. Es wurden einige Eingangsparameter im Zuchtprogramm aktualisiert.

Tabelle 9: Monetäre Zuchtfortschritte und Generationsintervalle verschiedener GS-Varianten bezogen auf GZW-GMON (ohne GS, d.h. aktuelles ZP)

| | ohne GS | GS-Basis | GS1 | GS2 | GS3 |
|------------------------|---------|-----------------|------------------|------------------|------------------|
| | akt. ZP | 40%TA, 0%JS-TSV | 40%TA, 50%JS-TSV | 70%TA, 0 %JS-TSV | 70%TA, 50%JS-TSV |
| monZF/J in % | 100 | 119,1 | 124,5 | 123,4 | 129,4 |
| monZF/J(€) | 21,05 | 25,07 | 26,22 | 25,97 | 27,24 |
| GenInterval (J) | 5,52 | 5,36 | 4,80 | 5,03 | 4,43 |

Aus Tabelle 9 ist ersichtlich, dass durch die Umstrukturierung des Zuchtprogrammes mit einer Verringerung der Anzahl Teststiere von 140 auf 100, einer Erhöhung des Anteils Jungstiere von 25% auf 40% bei einer Verringerung der Anzahl selektierter Altstiere von 25 auf 15 und eine Vorselektion der

Teststiere aus Kandidaten mit genomischen Zuchtwerten im Verhältnis 10:1 der monetäre Zuchtfortschritt um 19,1% pro Jahr gesteigert werden kann. Weitere Steigerungen sind durch den Einsatz von Jungstieren in der gezielten Paarung zu erreichen (GS1 und GS3). Alle Maßnahmen, die zu einer Verkürzung des

Generationsintervalls führen, steigern den Zuchtfortschritt. Unterschiedliche Remontierungsraten bei den Teststieren von 0,4, 0,2, 0,1, 0,075 bis 0,05 steigern den Zuchtfortschritt zwischen 2 und 11 Prozent. Bei Neuner und Götz (2009) sind diese Auswirkungen geringer. In der Praxis wird bei den Altstieren mit einer geringeren Selektionsintensität zu rechnen sein, da um die Linienvielfalt zu erhalten, nicht nur die Top15

für den Zweiteinsatz selektiert werden. Werden 20 Altstiere selektiert, so verringert sich der Zuchtfortschritt um 3,4%, bei 25 Stieren sind es 6,3%.

Auswirkungen auf Fitness und Gesundheit
Von Interesse ist, mit welchen Auswirkungen auf die Fitness- und Gesundheitsmerkmale zu rechnen ist.

Tabelle 10: Relative Gewichtung der Merkmale (%Index) und realisierbare Zuchtfortschritte (%ZF) pro Jahr im Gesamtzuchtwert bei den verschiedenen GS-Varianten

| | GZW-GMON % Index | ohne GS akt. ZP | realisierbarer Zuchtfortschritt nach Merkmalsblöcken | | | |
|----------------|---------------------|--------------------|--|-------------------------|-------------------------|-------------------------|
| | | | GS-Basis 40%TA, 0%JS-TSV | GS1 40%TA, 50%JS-TSV | GS2 70%TA, 0 %JS-TSV | GS3 70%TA, 50%JS-TSV |
| Milch | 35,7 | 78 | 75,1 | 74,8 | 74,4 | 74,4 |
| Fleisch | 15,6 | 11 | 11,2 | 10,8 | 10,8 | 10,3 |
| Fitness | 46,9 | 9,7 | 12,5 | 13,1 | 13,5 | 13,9 |
| MBK | 1,8 | 1,3 | 1,3 | 1,3 | 1,2 | 1,2 |

Tabelle 11: Auswirkungen auf die naturalen Zuchtfortschritte bei Fruchtbarkeit (FRU-I) und Eutergesundheit (EUG-I) und Eiweiß kg

| | GZW-GMON % Index | ohne GS akt. ZP | Naturale ZF/J und s(a) | | | |
|--------------------|---------------------|--------------------|-----------------------------|-------------------------|-------------------------|-------------------------|
| | | | GS-Basis 40%TA, 0%JS-TSV | GS1 40%TA, 50%JS-TSV | GS2 70%TA, 0 %JS-TSV | GS3 70%TA, 50%JS-TSV |
| FRU-I (Pkt) | 12,1 | 0,14 | 0,27 | 0,30 | 0,31 | 0,35 |
| EUG-I (Pkt) | 9,1 | 0,03 | 0,08 | 0,08 | 0,09 | 0,09 |
| Ekg (kg) | 31,5 | 3,27 | 3,74 | 3,90 | 3,85 | 4,03 |

Aus Tabelle 10 ist zu erkennen, dass bei den analysierten Modellen eines Zuchtprogrammes mit Genomischer Selektion eine leichte Stärkung des Fitnesskomplexes zu beobachten ist. Die Erhöhung des Testanteils bei gleichbleibender Anzahl Teststiere (Jungstiere) führt zu einer höheren Töchteranzahl pro Teststier und daher zu genaueren Zuchtwerten für die Fitnessmerkmale von Altstieren, die bei diesen Varianten immer noch 30 bzw. 60% der Besamungen abdecken. Diese Ergebnisse decken sich mit Untersuchungen von Willam et al. (2002) und Egger-Danner et al. (2000). Die Steigerung des Zuchtfortschrittes insgesamt erhöht bei allen Merkmalen den naturalen Zuchtfortschritt (Tabelle 11). Im aktuellen Zuchtprogramm mit Berücksichtigung der Gesundheitsmerkmale im GZW ist beim Fruchtbarkeits-Index ohne GS mit 0,14 Punkten Zuchtfortschritt pro Jahr zu

rechnen, beim Eutergesundheits-Index sind es nur 0,03 Punkte pro Jahr. Die verschiedenen GS-Varianten steigern den naturalen Zuchtfortschritt. Beim Fruchtbarkeits-Index bringt die GS-Basisvariante eine Steigerung von 0,27 Punkten, bei der Eutergesundheit jedoch mit 0,08 Punkten kaum eine Verbesserung. Die höheren Zuchtfortschritte bei der Fruchtbarkeit sind auch durch das höhere wirtschaftliche Gewicht bedingt. Durch die Berücksichtigung der Gesundheitsmerkmale wurde das Gewicht bei der Fruchtbarkeit von 6,8 auf 12,1% erhöht. Bei der Eiweißmenge ist mit diesen Varianten eine Steigerung von 3,27 auf 4,03 kg pro Jahr zu erreichen. Zu beachten ist, dass die hier analysierten GS-Varianten beim aktuellen GZW (ohne GMON) trotz der leichten Stärkung der Fitness weiterhin zu leicht

negativen Zuchtfortschritten bei Fruchtbarkeit und Zellzahl führen würden.

Wenn die Eutergesundheit effektiv gesteigert werden soll, so wird zu überlegen sein, ob zusätzlich zur Nutzung der Diagnosedaten nicht mit weniger Zuchtfortschritt bei der Eiweißmenge vorlieb genommen wird und im Gesamtzuchtwert wirtschaftliches Gewicht zur Eutergesundheit verschoben wird.

5. Zusammenfassung

Verschiedene Züchterumfragen weisen auf die steigende Bedeutung der Fitness- und Gesundheitsmerkmale hin. Neben den Kosten senkenden Effekten reagieren auch die Konsumenten sensibel auf Lebensmittelsicherheit und Wohlbefinden der Tiere. Weniger Eutererkrankungen verringern auch den Antibiotikaeinsatz.

Um die Tiergesundheit effektiv zu verbessern und Zuchtfortschritte für diese Merkmale zu erzielen, ist eine ganzheitliche Betrachtung mit Berücksichtigung im Zuchtziel, Leistungsprüfung, Zuchtwertschätzung und Zuchtprogramm notwendig. Die Analysen zur Berücksichtigung der Gesundheitsmerkmale im Gesamtzuchtwert und Zuchtprogramm haben gezeigt, dass durch die Berücksichtigung im Gesamtzuchtwert der aktuell errechnete negative genetische Trend für Fruchtbarkeit und Eutergesundheit in eine positive Richtung gelenkt werden kann. Für die effektive Verbesserung dieser Merkmale ist eine höhere Gewichtung im Gesamtzuchtwert zielführend. Durch die Maßnahmen der Genomischen Selektion ist generell mit einer deutlichen Steigerung des Zuchtfortschrittes zu rechnen. Dieser Zuchtfortschritt wird für alle Merkmalskomplexe inklusive Fitness erzielt. Bei den hier analysierten Varianten, wo eine flächendeckende Leistungsprüfung für alle Merkmale (inklusive Gesundheitsdaten-Erfassung) unterstellt wurde und zudem noch geprüfte Vererber im Einsatz sind, führen die höheren Nachkommenszahlen der Teststiere zu einer leichten Stärkung der Fitnessmerkmale. Voraussetzung ist jedoch, dass auch die entsprechenden Informationen aus der

Leistungsprüfung oder die Möglichkeiten der genomischen Zuchtwertschätzung vorliegen. Die Voraussetzung für zuverlässige genomische Zuchtwerte sind jedoch auch wieder konventionell geschätzte Zuchtwerte basierend auf einer zuverlässigen Leistungsprüfung. Dies trifft natürlich auch für die Gesundheitsmerkmale zu.

Bei der Neukonzeption der Zuchtprogrammes unter den neuen Rahmenbedingungen der Genomischen Selektion und dem Vorliegen von direkten Gesundheitsmerkmalen ist zu überlegen, ob nicht auch die Gewichtung im Gesamtzuchtwert überdacht wird. Der relative Zuchtfortschritt zwischen den Merkmalen kann deutlich verändert werden, wenn im Gesamtzuchtwert das wirtschaftliche Gewicht zur Fitness und Gesundheit verschoben wird. Vielleicht kann ein Teil des durch die Genomische Selektion zu erzielenden zusätzlichen Zuchtfortschrittes bei den Milchleistungsmerkmalen in Richtung Fitness und Gesundheit verschoben werden.

6. Literatur

- Egger-Danner, C., Gierzinger, E., Willam, A., Sölkner, J. (2000). Zuchtplanung und Optimierung der Zuchtprogramme für die Rassen Fleckvieh und Braunvieh. Forschungsbericht im Auftrag des BMLFUW, Arbeitsgemeinschaft österreichischer Fleckviehzuchtverbände; Arbeitsgemeinschaft österreichischer Braunviehzüchter.
- Fürst, C. (2011). Persönliche Mitteilungen.
- Fürst C. und Fürst-Waltl, B. (2011): Zusammenhänge zwischen Eutergesundheit, Exterieur und Co. Seminar des genetischen Ausschusses der ZAR, Salzburg, März 2011.
- Fuerst, C., Koeck, A., Egger-Danner, C., Fuerst-Waltl, B. (2010). Phenotypic and genetic relationships between clinical mastitis and udder conformation traits in Austrian Fleckvieh cattle. Proc. 9th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Leipzig, Germany, 1. - 6.8.2010
- Fürst-Waltl, B., Baumung, B., Fuerst, C., Köck, A., Obritzhauser, W. Schwarzen-

- bacher, H., Sölkner, J., Willam, A., Winter, P., Egger-Danner, Ch. (2010). Gesundheitsmonitoring Rind: Entwicklung einer Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale. Abschlussbericht zum Forschungsprojekt 100250 BMLFUW-LE.1.3.2/0043-II/1/2007.
- Heringstad, B., Klemetsdal, G., Steine, T. (2007). Selection responses for disease resistance in two selection experiments with Norwegian red cows. *J. Dairy Sci.* 90, 2419-2426.
- Heringstad, B. (2009). Nutzung von Gesundheitsdaten bei Milchkühen – Erfahrungen aus Norwegen. Projekttagung, 1.12.2009, Freistadt. <http://cgi.zar.at/download/Newsletter/Bjorg.pdf>.
- Philipsson, J., Lindhé, B. (2003). Experiences of including reproduction and health traits in Scandinavian dairy cattle breeding programmes. In: *Livestock Production Science* 83.2-3, 99–112.
- Koeck, A., Egger-Danner, C., Fuerst, C., Obritzhauser, W., Fuerst-Waltl, B. (2010). Genetic analysis of reproductive disorders and their relationship to fertility and milk yield in Austrian Fleckvieh dual-purpose cows. *Journal of Dairy Science* 93:2185-2194.
- Koeck, A., Egger-Danner, C., Fuerst, C., Obritzhauser, W., Fuerst-Waltl, B. (2010). Development of a genetic evaluation for fertility disorders in Austrian Fleckvieh cows. *Interbull Bull.* (in press).
- Koeck, A., Heringstad, B., Egger-Danner, C., Fuerst, C., Fuerst-Waltl, B. (2010). Comparison of different models for genetic analysis of clinical mastitis in Austrian Fleckvieh dual-purpose cows. *Journal of Dairy Science* 93:4351-4358.
- Koeck, A., Heringstad, B., Egger-Danner, C., Fuerst, C., Winter, P., Fuerst-Waltl, B. (2010). Genetic analysis of clinical mastitis and different somatic cell count traits in Austrian Fleckvieh cows. *Journal of Dairy Science* 93, 5987-5995.
- Lind, B. (2007). Ableitung der Wirtschaftlichkeitskoeffizienten und optimalen Indexgewichte des Gesamtzuchtwertes für die deutschen Milch- und Zweinutzungsrasen unter Berücksichtigung aktueller und erwarteter zukünftiger Rahmenbedingungen. Dissertation, Georg-August-Universität Göttingen, Deutschland.
- Miesenberger, J. (2009). Züchterbefragung des Fleckviehzuchtverbandes Inn- und Hausruckviertel. Persönliche Mitteilung.
- Neuner, S. and Götz, K.-U. (2009). Strategien für die Integration von genomischer Selektion in das Rinderzuchtprogramm für Fleckvieh. *Züchtungskunde*, 81, 312-327.
- Oltenu, P.A. and Algers, B. (2005). Selection for Increased Production and the Welfare of Dairy Cows: Are new Breeding Goals Needed?. *Ambio* Vol.34, No.4-5, June 2005. Royal Swedish Academy of Sciences 2005. <http://www.ambio.kva.se>
- Steininger, F., 2010. Persönliche Mitteilungen. Diplomarbeit in Arbeit.
- Straif, C. (2010). Züchterbefragung der Rinderzucht Tirol. Persönliche Mitteilung.
- Veerkamp, R.F., Beerda, B. and von der Lende, T. 2003. Effects of genetic selection for milk yield on energy balance, levels of hormones and metabolites in lactating cattle, and possible links to reduced fertility. *Livestock Production Science* 83:257-265.
- Willam, A., Egger-Danner, C., Sölkner, J., Gierzinger, E. (2002). Optimization of progeny testing schemes when functional traits play an important role in the total merit index. *Livestock Production Science* 77: 217-225.
- Willam, A., Nitter, G., Bartenschlager, H., Karras, K., Niebel, E., Graser, H.-U. (2008). ZPLAN - Manual for a PC-Program to Optimize Livestock Selection Schemes. Manual Version 2008 for Source Code “z10.for”.
- Winkler, R. (2010). Züchterbefragung beim Tiroler Braunviehzuchtverband. Persönliche Mitteilung.
- ZuchtData, 2002: Jahresbericht 2002.
- ZuchtData, 2011: Jahresbericht 2010. <http://www.zuchtdata.at/article/archive/25>.

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

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

Quellenhinweis-Titelseite:

Foto: DI Lukas Kalcher

Layout-Umschlag:

DI Lukas Kalcher, ZAR

Redaktion:

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

Druck: digitaldruck.at



Zentrale Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter

A- 1200 Wien, Dresdner Straße 89/19
Tel.: +43 (0) 1-334 17 21-0, Fax: +43 (0) 1-334 17 13

E-mail: info@zar.at

www.zar.at

Fotodatenbank auf <http://bilder.zar.at>