

Effiziente Kühe züchten – (wie) geht das?

Breeding efficient cows – is it possible (and how)?

Sarah-Joe Burn^{1*}, Birgit Fürst-Waltl¹, Veronika Huber², Thomas Ettle², Elisabeth Gerster³, Georg Terler⁴, Thomas Guggenberger⁴, Andreas Steinwidder⁵, Kristina Linke⁶, Christa Egger-Danner⁶ und Werner Zollitsch¹

Zusammenfassung

Eine verbesserte Futtereffizienz bietet sowohl finanzielle als auch ökologische Vorteile, da die Futterkosten gesenkt werden können und weniger Ressourcen benötigt werden. Eine Möglichkeit, die Effizienz zu steigern, ist die genetische Selektion. Eine zentrale Herausforderung dabei ist jedoch die routinemäßige Erhebung der Futtermittelaufnahme, die in der Praxis kosten- und arbeitsintensiv ist. Als Alternative können indirekte Merkmale herangezogen werden, die genetisch mit dem Zielmerkmal zusammenhängen. Im Projekt „breed4green“ werden in diesem Zusammenhang unter anderem die geschätzte Futtermittelaufnahme und das residuale CO₂ untersucht. Erste genetische Analysen beim Fleckvieh zeigen für beide Merkmale eine moderate Heritabilität (Erblichkeit) von 0,19 bzw. 0,24. Die geschätzte Futtermittelaufnahme weist zudem eine starke genetische Korrelation mit der tatsächlichen Futtermittelaufnahme auf ($r_g = 0,80$). Das residuale CO₂ korreliert stark mit dem Vergleichsmerkmal residuale Futtermittelaufnahme ($r_g = 0,68$). Diese Ergebnisse deuten darauf hin, dass beide Merkmale aus genetischer Sicht als indirekte Merkmale in Frage kommen könnten. Dies muss jedoch durch weitere Analysen und eine größere Datengrundlage abgesichert werden.

Schlagwörter: Futtereffizienz, Genetische Selektion, Indirekte Effizienzmerkmale, Residuale Futtermittelaufnahme, Residuales CO₂

Summary

Improved feed efficiency offers both economic and environmental benefits by reducing feed costs and lowering resource use. One approach to improve efficiency is genetic selection. A key challenge is the routine recording of individual feed intake, which is expensive and labor-intensive. As an alternative, indirect traits that are genetically correlated with the target trait can be used. Within the “breed4green” project, indirect traits such as estimated feed intake and residual CO₂ are being investigated. First genetic analyses of Fleckvieh cattle indicate a moderate heritability of 0.19 and 0.24 for these traits, respectively. Estimated feed intake shows a strong genetic correlation with actual feed intake ($r_g = 0.80$), while residual CO₂ is strongly correlated with residual feed intake ($r_g = 0.68$). These results suggest that, from a genetic perspective, both traits

¹ Universität für Bodenkultur Wien, Institut für Nutztierwissenschaften, Gregor-Mendel-Straße 33, A-1180 Wien

² Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Tierhaltung, Tierernährung und Futterwirtschaft, Prof.-Dürrwächter-Platz 3, D-85586 Poing

³ Landwirtschaftliches Zentrum Baden-Württemberg, Atzenberger Weg 99, D-88326 Aulendorf

⁴ HBLFA Raumberg-Gumpenstein, Institut für Nutztierforschung, Raumberg 38, A-8952 Irdning-Donnersbachtal

⁵ HBLFA Raumberg-Gumpenstein, Institut für Biologische Landwirtschaft und Biodiversität der Nutztiere, Trautenfels 15, A-8951 Stainach-Pürgg

⁶ ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH, Dresdner Straße 89, A-1200 Wien

* Ansprechpartner: DI.ⁱⁿ Sarah-Joe Burn, email: sarah.burn@boku.ac.at

could be suitable indirect efficiency traits. However, further analyses based on larger datasets are required to confirm these findings.

Keywords: Feed efficiency, Genetic selection, Indirect efficiency traits, Residual feed intake, Residual CO₂

Futtereffizienz im Fokus

In den vergangenen zehn Jahren hat international das Interesse an der Verbesserung der Futtereffizienz durch züchterische Maßnahmen zugenommen. In der Rinderzucht lag der Fokus dabei bislang vor allem auf der Rasse Holstein. Für diese wurde die Futtereffizienz bereits in mehreren Ländern in die Zuchtwertschätzung integriert (JAMROZIK et al. 2021, STEPHANSEN et al. 2025). Auch für Fleckvieh wird derzeit untersucht, ob und wie Futtereffizienz in das Zuchtziel aufgenommen werden kann und wie eine praktische Umsetzung aussehen könnte. In diesem Zusammenhang stellen sich verschiedene grundlegende Fragen: Was ist unter Effizienz überhaupt zu verstehen? Warum sollte Futtereffizienz in das Zuchtziel aufgenommen werden? Verhält sich Futtereffizienz bei Fleckvieh ähnlich wie bei Holstein? Und welche Herausforderungen ergeben sich bei der praktischen Umsetzung? All diese Fragestellungen lassen sich in einer zentralen Frage zusammenfassen: *Ist es möglich, auch beim Fleckvieh effizientere Kühe zu züchten, und wie kann dies konkret umgesetzt werden?*

Nachfolgend wird deswegen auf folgende Punkte eingegangen: (1) die Definition von Effizienz, (2) die Gründe für die Zucht von effizienten Kühen, (3) die Grundsätze eines Zuchtmerkmals, (4) die Herausforderung in der Umsetzung und (5) die möglichen Lösungsansätze.

Was ist Effizienz?

Der Begriff „Effizienz“ leitet sich vom lateinischen Begriff *efficere* („bewirken“) ab (DUDEN-REDAKTION 2025) und beschreibt allgemein das Verhältnis von Output zu Input. In der Milchproduktion bedeutet dies beispielsweise die produzierte Milchmenge pro Kilogramm aufgenommenes Futter. Je höher dieses Verhältnis, desto effizienter erscheint das Tier. Doch lässt sich Effizienz im Zusammenhang mit der Milchproduktion nicht immer so vereinfachen. Zu Beginn der Laktation mobilisieren Kühe Körperreserven, da die Futteraufnahme langsamer ansteigt als die Milchleistung. In dieser Phase wirkt eine Kuh besonders effizient, da ein Teil der Energie für die Milchbildung nicht unmittelbar aus dem Futter stammt. Gegen Ende der Laktation hingegen wird Energie aus dem Futter in den Wiederaufbau der Körperreserven investiert, wodurch die Effizienz scheinbar sinkt. Diese Beispiele zeigen, dass Futter nicht die einzige unmittelbare Energiequelle ist und Energie nicht ausschließlich in Milch umgesetzt wird. Um solche Verzerrungen zu berücksichtigen, wird zur Beschreibung der Effizienz seit mehreren Jahrzehnten auch die residuale Futteraufnahme verwendet (KOCH et al. 1963). Sie beschreibt die Differenz zwischen der tatsächlich aufgenommenen und dem anhand von Milchleistung, Erhaltungsbedarf und Körpermasseänderung geschätzten Futterbedarf. Ein Tier gilt dann als effizient, wenn es weniger frisst, als aufgrund dieser Faktoren erwartet würde. Dieser Ansatz berücksichtigt wichtige Einflussgrößen, bildet jedoch auch nicht alle Aspekte der biologischen Effizienz vollständig ab, wie etwa den zusätzlichen Energiebedarf trächtiger Kühe.

Effizienz hat zudem eine zeitliche Dimension. Sie kann punktuell, etwa von Tag zu Tag betrachtet werden, was jedoch stark vom Laktationsstadium abhängt. Alternativ lässt sich Effizienz über die gesamte Laktation berechnen (VALLIMONT et al. 2011). Eine zu-

sätzliche Erweiterung des Ansatzes ist die Betrachtung über die gesamte Lebensdauer eines Tieres („Lebenseffizienz“), bei der auch nicht produktive Phasen wie Aufzucht oder Trockenstehzeit einbezogen werden (PHUONG et al. 2016).

In der Zucht wird international meist eine Form der residualen Futteraufnahme als Standarddefinition verwendet. Aus diesem Grund dient dieses Merkmal im Folgenden als Referenz für den Vergleich mit alternativen Effizienzmerkmalen.

Warum überhaupt effiziente Kühe?

Ein zentraler Grund für den Wunsch nach effizienten Kühen liegt vor allem im Zusammenhang mit den Futterkosten. Der Anteil der Futterkosten an den gesamten variablen Kosten beläuft sich auf bis zu 60 % (CONNOR 2015). Eine verbesserte Futtereffizienz hat somit das Potential, die Produktionskosten zu senken und die Profitabilität zu steigern. Darüber hinaus hat eine erhöhte Futtereffizienz auch ökologische Vorteile. Effizientere Kühe benötigen weniger Futter für die gleiche Milchmenge, was zu einer Reduktion der Treibhausgasemissionen führt – sowohl pro Kilogramm Milch als auch auf Betriebsebene (CONNOR 2015, MANZANILLA-PECH et al. 2021). Eine Möglichkeit, die Futtereffizienz nachhaltig zu verbessern, ist die gezielte züchterische Selektion bzw. Berücksichtigung der Effizienz im Zuchtziel.

Was wird benötigt, um effiziente Kühe zu züchten?

Damit ein Merkmal züchterisch verbessert werden kann, müssen einige grundlegende Voraussetzungen erfüllt sein (WILLAM und SIMIANER 2011):

- 1. Variabilität:** Zwischen den Tieren muss eine ausreichende Variabilität in diesem Merkmal bestehen. Nur wenn sich Tiere in ihrer Effizienz unterscheiden, ist es möglich, gezielt mit effizienteren Tieren weiter zu züchten.
- 2. Heritabilität (Erblichkeit):** Die Unterschiede zwischen den Tieren müssen zumindest teilweise genetisch bedingt sein. Je höher dieser genetisch bedingte Anteil (Heritabilität) ist, umso leichter ist es, ein Merkmal züchterisch zu bearbeiten. Auch bei Merkmalen mit niedriger Heritabilität kann Zuchtfortschritt erreicht werden, allerdings ist dieser bei vergleichbaren Informationen (Tiere mit Leistungen) pro Generation entsprechend niedriger. Heritabilitäten können Werte zwischen 0 und 1 annehmen. Je höher der Wert, desto stärker sind Leistungsunterschiede genetisch bedingt. Zusätzlich wird auch jeweils der Standardfehler angegeben, der Auskunft über die Zuverlässigkeit der Schätzung gibt.
- 3. Bekannte genetische Korrelationen:** Von Vorteil ist, wenn die genetischen Zusammenhänge mit anderen Merkmalen bekannt sind. Idealerweise wirken sich Verbesserungen in der Effizienz nicht negativ auf andere wichtige Merkmale wie Fruchtbarkeit oder Gesundheit aus. Auch ungünstige Korrelationen schließen die gleichzeitige Berücksichtigung von Merkmalen im Zuchtziel jedoch nicht aus. Je ungünstiger diese aber sind, umso stärker bremsen sich die Merkmale gegenseitig im Zuchtfortschritt, wobei höher erbliche Merkmale weniger betroffen sind. Im Extremfall ist trotz Berücksichtigung im Zuchtziel kein Zuchtfortschritt in einem Merkmal erzielbar. Dem kann aber in der Regel durch eine geeignete Gewichtung im Gesamtzuchtwert entgegengewirkt werden. Genetische Korrelationen liegen zwischen -1 und +1. Je näher der Wert bei -1 oder +1 liegt, desto stärker hängen die beiden Merkmale genetisch zusammen. Ein negatives Vorzeichen weist auf einen entgegengesetzten genetischen Zusammenhang hin.
- 4. Routinemäßige Erhebung:** Das Merkmal sollte möglichst regelmäßig und standardisiert erfasst werden, damit verlässliche Zuchtwerte für eine gesamte Population geschätzt werden können. Nur so wird eine praktische Umsetzung in der Zucht möglich.

Die Herausforderung

Aus der Literatur ist bekannt, dass zwischen den Tieren eine ausreichende Variabilität besteht (VEERKAMP und EMMANS 1995) und Futteraufnahme und Effizienzmerkmale eine genetische Komponente aufweisen (VALLIMONT et al. 2011). Auch genetische Korrelationen zu anderen Merkmalen wurden bereits beschrieben (MANZANILLA-PECH et al. 2016, BECKER et al. 2022). Die größte Herausforderung liegt daher weniger im genetischen Potential, sondern in der routinemäßigen Erhebung der Futteraufnahme, die für die Berechnung der Effizienz zwingend erforderlich ist. Die individuelle Erfassung der Futteraufnahme ist in der Praxis jedoch mit hohen Kosten und großem Arbeitsaufwand verbunden. Zu den derzeit etabliertesten Systemen zählen sogenannte Wiegetröge (Abbildung 1),

Abbildung 1: Wiegetröge zur Erhebung der täglichen Futteraufnahme



die mit integrierten Waagen ausgestattet sind und die aufgenommene Futtermenge pro Tier erfassen. Aufgrund der hohen Kosten werden diese Systeme international jedoch überwiegend auf Forschungsbetrieben eingesetzt. Eine alternative Methode ist das in Dänemark entwickelte CFIT-System, bei dem ein Kamerasystem über dem Futtertisch installiert ist. Mithilfe von 3D-Bildern wird das Futtervolumen vor und nach einem Fressvorgang erfasst und daraus die aufgenommene Futtermenge berechnet. Dieses System kommt bereits auf über 30 Praxisbetrieben zum Einsatz. Zurzeit kommt jedoch keines dieser beiden Systeme für die routinemäßige Erhebung der Futteraufnahme in Österreich in Frage.

Mögliche Lösungsansätze

Wenn das direkte Merkmal nicht verfügbar ist, wie in diesem Fall die Futteraufnahme und die daraus abgeleitete Effizienz, können sogenannte indirekte Merkmale herangezogen werden. Dabei handelt es sich um Hilfsmerkmale, die mit dem Zielmerkmal genetisch korrelieren, jedoch deutlich einfacher und/oder kostengünstiger zu erfassen sind. Voraussetzung für ihren Einsatz ist, dass diese genetischen Zusammenhänge bekannt sind. Im Folgenden werden zwei potenzielle indirekte Merkmale vorgestellt, die im Projekt „breed4green“ untersucht werden: die geschätzte Futteraufnahme und das residuale CO₂.

Geschätzte Futteraufnahme

Zur Schätzung der Futteraufnahme wurden bereits zahlreiche Gleichungen entwickelt. Eine davon ist die sogenannte „Gruber-Schätzgleichung“, welche Rasse, Laktation,

Laktationstag, Milchleistung, Lebendmasse, Konzentratfuttermenge oder -anteil in der Ration und die durchschnittliche Energiekonzentration des Grobfutters berücksichtigt (GRUBER et al. 2004). In einem internationalen Vergleich verschiedener Schätzgleichungen schnitt diese Gleichung am besten ab (JENSEN et al. 2015). Aus diesem Grund wurde sie für die weiteren Analysen ausgewählt.

Datengrundlage

Für die Analysen waren Daten von insgesamt 272 Fleckviehkühen vom Zeitraum Juli 2013 bis April 2024 verfügbar. Die Daten wurden während verschiedener Versuche auf drei Forschungsbetrieben in Raumberg-Gumpenstein, Aulendorf (Baden-Württemberg) und Achselschwang (Bayern) erhoben. Der gesamte Datensatz umfasste 85.010 tägliche Beobachtungen für die Futteraufnahme und 84.314 tägliche Beobachtungen für die Milchmenge. Milchproben wurden je nach Versuch und Forschungsstation täglich oder wöchentlich genommen, was in insgesamt 24.240 Proben mit Werten für Fett, Protein und Laktose resultierte. Die Tiere wurden in unterschiedlichen Intervallen gewogen, entweder täglich, wöchentlich oder dreimal pro Versuch. Insgesamt umfasste der Datensatz 33.515 Wiegungen. Futteranalysen zur Bestimmung der Trockenmasse, des Nährstoffgehalts und der Energiekonzentration einzelner Futtermittel und der Gesamtration wurden ebenfalls in unterschiedlicher Frequenz durchgeführt. Die Daten wurden auf Plausibilität und Ausreißer überprüft. Fehlende tägliche Werte für Lebendmasse und Milchinhaltsstoffe wurden mit Hilfe einer linearen Regression aufgefüllt. Danach wurden für Wochen mit mindestens vier Beobachtungen Wochenmittelwerte berechnet. Insgesamt umfasste der Datensatz 11.675 Wochenmittelwerte von 268 Kühen. Für die genetischen Analysen wurde ein Fünf-Generationen-Pedigree verwendet, welcher insgesamt 4.781 Tiere umfasste.

Schätzung der Futteraufnahme

Die tägliche Futteraufnahme wurde nach GRUBER et al. (2004) geschätzt und im Anschluss ebenfalls pro Woche gemittelt. Das Bestimmtheitsmaß (R^2) des Modells betrug 0,69.

Berechnung der residualen Futteraufnahme

Da die residuale Futteraufnahme oder kurz RFI (Englisch: residual feed intake) eines der gängigsten Effizienzmerkmale ist, wurde diese ebenfalls berechnet. Die Berechnung erfolgte auf zwei Arten: Einerseits wurde die residuale Futteraufnahme als Abweichung der tatsächlichen Futteraufnahme vom erwarteten Wert definiert, nachdem der Einfluss der energiekorrigierten Milchmenge, der metabolischen Lebendmasse und der Testwoche berücksichtigt wurde (RFI1). Andererseits wurde sie als Differenz zwischen der tatsächlichen und der nach GRUBER et al. (2004) geschätzten Trockenmasseaufnahme berechnet (RFI2).

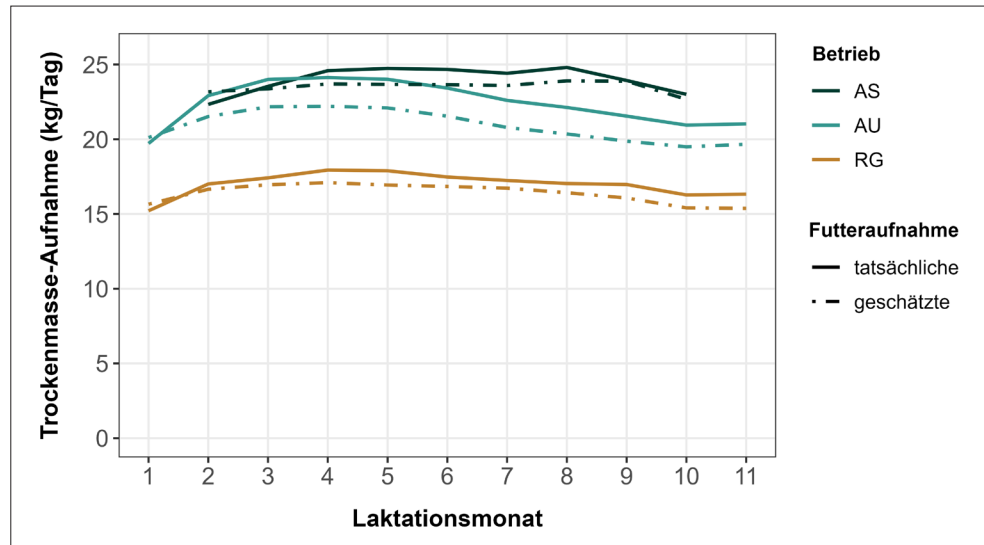
Statistische Auswertung

Die genetische Analyse erfolgte mit VCE6 (GROENEVELD et al. 2010) mittels eines multivariaten Tiermodells. Varianzkomponenten wurden für Trockenmasseaufnahme, die geschätzte Trockenmasseaufnahme, die residuale Futteraufnahme (RFI1, RFI2), die Milchmenge und die Lebendmasse geschätzt. Als fixe Effekte wurden Betrieb, Laktationszahl (1, 2, 3+) und Laktationstag (6 - 305) und als zufällige Effekte Betrieb-Jahr-Woche, permanenter Umwelteffekt und additiv genetischer Tiereffekt berücksichtigt.

Ergebnisse

Für alle drei Betriebe wurde die Futteraufnahme im Durchschnitt leicht unterschätzt, der Verlauf über die Laktation entsprach jedoch weitgehend dem der tatsächlichen

Abbildung 2: Tatsächliche und geschätzte Futteraufnahme im Verlauf der Laktation der drei Forschungsbetriebe: Achselschwang (AS), Aulendorf (AU) und Raumberg-Gumpenstein (RG).



Futteraufnahme (Abbildung 2). Was beim Vergleich der Betriebe auffällt, ist, dass die Tiere in Raumberg-Gumpenstein über die gesamte Laktation hinweg eine geringere durchschnittliche Futteraufnahme aufwiesen als die Kühe der beiden anderen Betriebe. Dieser Unterschied spiegelt sich auch in der durchschnittlichen Milchleistung wider, die in Raumberg-Gumpenstein ebenfalls am niedrigsten ist (Tabelle 1). Zudem sind die Kühe dort im Mittel um bis zu 100 kg leichter als in den beiden anderen Betrieben. Die beiden Effizienzmerkmale RF11 und RF12 unterscheiden sich im Durchschnitt jedoch kaum zwischen den Betrieben.

Tabelle 1: Mittelwerte \pm Standardabweichung der Milchleistung, Trockenmasseaufnahme (TMA), der geschätzten Trockenmasseaufnahme, der Lebendmasse und der residualen Futteraufnahme (RF11 und RF12), insgesamt sowie für jeden der drei Forschungsbetriebe.

		AS ¹	AU ²	RG ³	Gesamt
Anzahl Tiere		76	162	30	268
Anzahl Beobachtungen		902	8.187	2.586	11.675
Milchleistung	kg/Tag	38,0 \pm 5,6	31,7 \pm 8,1	21,0 \pm 6,4	29,9 \pm 9,1
Trockenmasseaufnahme (TMA)	kg/Tag	24,4 \pm 3,1	22,8 \pm 2,9	17,1 \pm 3,0	21,7 \pm 3,8
geschätzte TMA	kg/Tag	23,6 \pm 2,1	21,2 \pm 2,2	16,5 \pm 2,0	20,3 \pm 3,0
Lebendmasse	kg	784 \pm 92	767 \pm 77	685 \pm 83	751 \pm 87
Residuale Futteraufnahme (RF11)	kg/Tag	0,00 \pm 2,02	0,00 \pm 1,74	0,00 \pm 1,94	0,00 \pm 1,81
Residuale Futteraufnahme (RF12)	kg/Tag	0,80 \pm 2,00	1,68 \pm 1,71	0,59 \pm 2,02	1,37 \pm 1,87

¹Achselschwang; ²Aulendorf; ³Raumberg-Gumpenstein.

In Tabelle 2 sind die genetischen Parameter für die untersuchten Merkmale dargestellt. Mit Ausnahme der Lebendmasse weisen alle Merkmale eine niedrige bis moderate Heritabilität auf. Besonders interessant ist, dass die geschätzte Trockenmasseaufnahme mit 0,19 eine ähnliche Heritabilität zeigt wie die tatsächlich gemessene Futteraufnahme (0,18). Die genetische Korrelation zwischen diesen beiden Merkmalen ist mit 0,80 hoch und positiv. Dies ist ein Hinweis darauf, dass die geschätzte Futteraufnahme nach GRUBER et al. (2004) als indirektes Merkmal geeignet sein könnte.

Tabelle 2: Heritabilitäten (Diagonale) und genetische Korrelationen (unterhalb der Diagonale) sowie deren Standardfehler für Milchleistung (M-kg), Trockenmasseaufnahme (TMA), geschätzte Trockenmasseaufnahme (gTMA), Lebendmasse (LM) und residuale Futtermittelaufnahme (RFI1 und RFI2).

	M-kg	TMA	gTMA	LM	RFI1	RFI2
M-kg	0,193 ± 0,018					
TMA	0,484 ± 0,051	0,182 ± 0,010				
gTMA	0,596 ± 0,048	0,803 ± 0,035	0,190 ± 0,016			
LM	-0,237 ± 0,027	0,507 ± 0,022	0,626 ± 0,039	0,531 ± 0,054		
RFI1	0,521 ± 0,109	0,513 ± 0,100	0,078 ± 0,068	-0,338 ± 0,106	0,059 ± 0,013	
RFI2	0,168 ± 0,110	0,787 ± 0,031	0,265 ± 0,072	0,172 ± 0,035	0,750 ± 0,088	0,140 ± 0,023

Residuales CO₂

Das residuale CO₂ ist ein Effizienzmerkmal, das ähnlich wie die residuale Futtermittelaufnahme berechnet wird. Es beschreibt die Differenz zwischen dem tatsächlich gemessenen und dem anhand von Milchleistung, Erhaltungsbedarf und Körpermasseänderungen geschätzten CO₂-Ausstoß. Die mögliche Eignung von residualem CO₂ oder kurz RCO₂ als Effizienzmerkmal beruht auf der Annahme, dass die CO₂-Produktion eng mit der Wärmeproduktion zusammenhängt, welche wiederum mit der Futtermittelaufnahme korreliert (HUHTANEN et al. 2021). Da der CO₂-Ausstoß durch neue Technologien einfacher messbar ist als die Futtermittelaufnahme, wurde RCO₂ für die weiteren Analysen ausgewählt.

Datengrundlage

Die Datengrundlage stammte von den gleichen Forschungsbetrieben, umfasste jedoch einen kürzeren Zeitraum (Februar 2021 bis April 2024). Dies liegt vor allem daran, dass erst vor einigen Jahren damit begonnen wurde CO₂ zu messen. Auf allen Betrieben wurde CO₂ mittels des GreenFeed Systems (C-Lock Inc., Rapid City, SD) erhoben. Insgesamt waren 15.112 CO₂-Tagesmittelwerte vorhanden. Der ursprüngliche Datensatz umfasste zwar immer noch 266 Fleckviehkühe, aber nach der Datenaufbereitung und Berechnung der Wochenmittelwerte enthielt der Datensatz nur noch 136 Tiere. Für die genetischen Analysen wurde wieder ein Fünf-Generationen-Pedigree verwendet, welcher insgesamt 4.058 Tiere umfasste.

Berechnung des residualen CO₂ und der residualen Futtermittelaufnahme

Sowohl das residuale CO₂ als auch die residuale Futtermittelaufnahme wurden mit Hilfe einer linearen Regression berechnet. Im Gegensatz zur vorher beschriebenen Berechnung der residualen Futtermittelaufnahme wurde zusätzlich zur energiekorrigierten Milch, zur metabolischen Lebendmasse und zur Testwoche auch die Körpermasseänderung berücksichtigt.

Statistische Auswertung

Die genetischen Parameter für Milchleistung, Trockenmasseaufnahme, Lebendmasse, CO₂-Ausstoß, residuales CO₂ und residuale Futtermittelaufnahme wurden mit dem weiter oben bereits beschriebenen Tiermodell multivariat geschätzt.

Ergebnisse

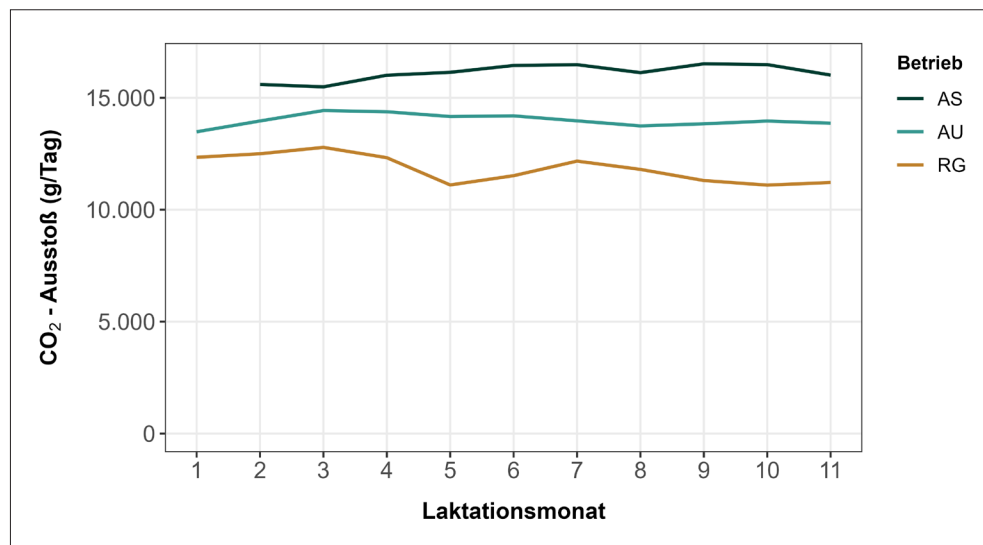
Tabelle 3: Mittelwerte \pm Standardabweichung der Milchleistung, der Trockenmasseaufnahme, der Lebendmasse, des CO₂-Ausstoßes, des residualen CO₂ und der residualen Futteraufnahme, insgesamt sowie für jeden der drei Forschungsbetriebe.

		AS ¹	AU ²	RG ³	Gesamt
Anzahl Tiere		37	83	16	136
Anzahl Beobachtungen		467	2.139	278	2.884
Milchleistung	kg/d	40,6 \pm 6,9	35,9 \pm 7,6	26,3 \pm 7,1	35,8 \pm 8,2
Trockenmasseaufnahme	kg/d	25,4 \pm 2,8	23,5 \pm 2,8	20,1 \pm 2,9	23,7 \pm 3,0
Lebendmasse	kg	776 \pm 88	753 \pm 81	677 \pm 60	749 \pm 84
CO ₂ -Ausstoß	g/d	16.209 \pm 1.219	14.084 \pm 1.568	11.799 \pm 1.274	14.380 \pm 1.786
Residuales CO ₂	g/d	-4,5 \pm 903,8	3,9 \pm 1.195,3	0,0 \pm 1.085,8	2,2 \pm 1.142,2
Residuale Futteraufnahme	kg/d	0,00 \pm 1,98	0,00 \pm 1,44	0,00 \pm 1,73	0,00 \pm 1,57

¹Achselschwang; ²Aulendorf; ³Raumberg-Gumpenstein.

In *Tabelle 3* sind die Mittelwerte und Standardabweichungen der verschiedenen Merkmale innerhalb des Betriebes und insgesamt dargestellt. Diese Werte unterscheiden sich von den Werten in *Tabelle 1*, da weniger Tiere berücksichtigt wurden. Zusätzlich sind hier die Mittelwerte für den CO₂-Ausstoß und das residuale CO₂ festgehalten. Interessant ist, dass der CO₂-Ausstoß der Tiere in Raumberg-Gumpenstein im Durchschnitt und im Verlauf der Laktation (*Abbildung 3*) niedriger ist als in beiden anderen Betrieben. Dies bestätigt, dass es einen Zusammenhang zwischen der Futteraufnahme und der CO₂-Produktion gibt, da Raumberg-Gumpenstein auch der Betrieb mit der durchschnittlich niedrigsten Futteraufnahme ist.

Abbildung 3: CO₂-Ausstoß im Verlauf der Laktation der drei Forschungsbetriebe: Achselschwang (AS), Aulendorf (AU) und Raumberg-Gumpenstein (RG).



In *Abbildung 4* ist der Verlauf der residualen Futteraufnahme und des residualen CO₂ innerhalb des jeweiligen Forschungsbetriebes dargestellt. Dabei fällt auf, dass gerade für die Betriebe Achselschwang und Aulendorf der Verlauf des residualen CO₂ dem der residualen Futteraufnahme ähnelt. Der Laktationsverlauf des residualen CO₂ in Raumberg-Gumpenstein weicht jedoch stärker vom Verlauf der residualen Futteraufnahme ab. Dabei ist anzumerken, dass die Daten aus Raumberg-Gumpenstein aufgrund technischer Rahmenbedingungen derzeit noch mit einer gewissen Unsicherheit behaftet sind und sich die dargestellten Ergebnisse in zukünftigen Auswertungen noch ändern können.

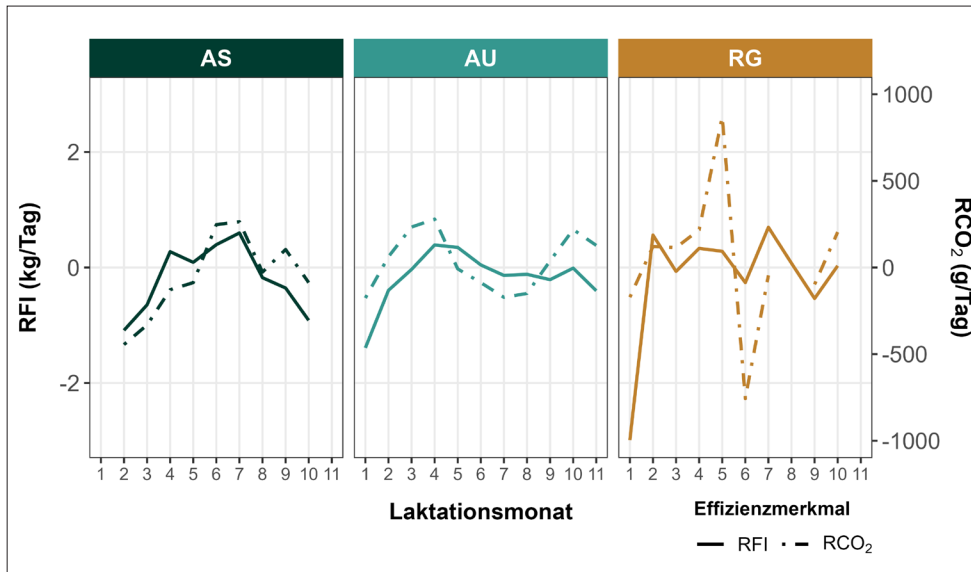


Abbildung 4: Vergleich von residualer Futteraufnahme (RFI) und residualem CO₂ (RCO₂) im Verlauf der Laktation innerhalb der drei Forschungsbetriebe: Achsel-schwang (AS), Aulendorf (AU) und Raumberg-Gumpenstein (RG).

Trotz der relativ geringen Anzahl an Tieren, die Phänotypen für den CO₂-Ausstoß und das residuale CO₂ aufweisen, konnten genetische Parameter geschätzt werden (Tabelle 4). Die Ergebnisse sollten jedoch dementsprechend mit Vorsicht interpretiert werden. Hervorzuheben sind hier vor allem die starken Korrelationen zwischen der Trockenmasseaufnahme und dem CO₂-Ausstoß (0,70) sowie zwischen der residualen Futteraufnahme und dem residualen CO₂ (0,68).

Tabelle 4: Heritabilitäten (Diagonale) und genetische Korrelationen (unterhalb der Diagonale) sowie deren Standardfehler für Milchleistung (M-kg), Trockenmasseaufnahme (TMA), Lebendmasse (LM), CO₂-Ausstoß (CO₂), residuales CO₂ (RCO₂) und residuale Futteraufnahme (RFI).

	M-kg	TMA	LM	CO ₂	RCO ₂	RFI
M-kg	0,333 ± 0,063					
TMA	0,774 ± 0,090	0,319 ± 0,047				
LM	-0,228 ± 0,129	0,101 ± 0,142	0,717 ± 0,048			
CO ₂	0,221 ± 0,087	0,704 ± 0,072	0,535 ± 0,052	0,307 ± 0,057		
RCO ₂	0,208 ± 0,168	0,594 ± 0,134	0,012 ± 0,076	0,826 ± 0,038	0,236 ± 0,065	
RFI	0,827 ± 0,085	0,945 ± 0,034	-0,173 ± 0,130	0,610 ± 0,120	0,682 ± 0,105	0,275 ± 0,048

Schlussfolgerungen

Zu Beginn wurde die Frage aufgeworfen, ob es möglich ist, auch beim Fleckvieh effizientere Kühe zu züchten. Erste Analysen zeigen, dass sowohl die Futteraufnahme als auch verschiedene Effizienzmerkmale beim Fleckvieh eine genetische Komponente aufweisen. Die zentrale Herausforderung bleibt jedoch die routinemäßige Erhebung der Futteraufnahme in der Praxis. Die Untersuchung der geschätzten Futteraufnahme und des residualen CO₂ als mögliche indirekte Merkmale lieferte erste vielversprechende Ergebnisse. Beide Merkmale weisen eine moderate Heritabilität sowie eine starke

genetische Korrelation mit dem jeweiligen direkten Vergleichsmerkmal auf. Da die bisherigen Analysen jedoch auf einer begrenzten Anzahl an Tieren und Beobachtungen basieren, sind sie mit entsprechender Vorsicht zu interpretieren. Dennoch liefern sie einen wichtigen ersten Hinweis auf das Potenzial dieser Merkmale, der durch eine größere Datenbasis bestätigt werden muss. Darüber hinaus sind weitere Analysen erforderlich, um die genetischen Zusammenhänge mit den bestehenden Merkmalen im Zuchtziel zu erfassen. Auch die praktische Umsetzbarkeit muss weiter geprüft werden. Zwar gelten die erforderlichen Parameter grundsätzlich als einfacher messbar als die Futtermittelaufnahme, doch ihre routinemäßige Erhebung ist derzeit ebenfalls noch mit zusätzlichem Aufwand verbunden. So werden beispielsweise die Lebendmasse und der CO₂-Ausstoß aktuell noch nicht flächendeckend erfasst.

Zusammenfassend lässt sich festhalten: Ja, es ist möglich, auch beim Fleckvieh effizientere Kühe zu züchten. Die praktische Umsetzung erfordert jedoch weitere methodische und technische Entwicklungen.

Danksagungen

Wir bedanken uns herzlich für die Förderung des Dafne-Projekts „breed4green“ durch das Bundesministerium für Land- und Forstwirtschaft, Klima- und Umweltschutz, Regionen und Wasserwirtschaft (BMLUK). Wir danken auch allen (Kooperations-)Partnern und bedanken uns für die Bereitstellung der Daten durch die Forschungsstationen der HBLFA Raumberg-Gumpenstein (Österreich), des LfL in Achselschwang (Bayern) und des LAZBW in Aulendorf (Baden-Württemberg).

Literaturverzeichnis

BECKER, V.A.E., E. STAMER, H. SPIEKERS und G. THALLER, 2022: Genetic parameters for dry matter intake, energy balance, residual energy intake, and liability to diseases in German Holstein and Fleckvieh dairy cows. *J. Dairy Sci.* 105, 9738-9750.

CONNOR, E.E., 2015: Invited review: improving feed efficiency in dairy production: challenges and possibilities. *Animal* 9, 395-408.

DUDENREDAKTION (2025): effizient. <https://www.duden.de/rechtschreibung/effizient>, 03.02.2026.

GROENEVELD, E., M. KOVAČ und N. MIELENZ, 2010: VCE User's Guide and Reference Manual Version 6.0, Institute of Farm Animal Genetics, Friedrich Loeffler Institute, Neustadt, Germany.

GRUBER, L., F.J. SCHWARZ, D. ERDIN, B. FISCHER, H. SPIEKERS, H. STEINGAß, U. MEYER, A. CHASSOT, T. JILG, A. OBERMAIER und T. GUGGENBERGER, 2004: Vorhersage der Futteraufnahme von Milchkühen - Datenbasis von 10 Forschungs- und Universitätsinstituten Deutschlands, Österreichs und der Schweiz. *VDLUFA-Schriftenreihe* 60, 484-504.

HUHTANEN, P., A. BAYAT, P. LUND und A. GUINGUINA, 2021: Residual carbon dioxide as an index of feed efficiency in lactating dairy cows. *J. Dairy Sci.* 104, 5332-5344.

JAMROZIK, J., G. KISTEMAKER, P. SULLIVAN, B. VAN DOORMAAL, T.C.S. CHUD, C.F. BAES, F.S. SCHENKEL und F. MIGLIOR, 2021: Genomic evaluation for feed efficiency in Canadian Holsteins. *Interbull Bull.*, 153-161.

JENSEN, L.M., N.I. NIELSEN, E. NADEAU, B. MARKUSSEN und P. NØRGAARD, 2015: Evaluation of five models predicting feed intake by dairy cows fed total mixed rations. *Livest. Sci.* 176, 91-103.

KOCH, R. M., L. A. SWIGER, D. CHAMBERS und K. E. GREGORY, 1963: Efficiency of Feed Use in Beef Cattle. *J. Anim. Sci.* 22, 486-494.

MANZANILLA-PECH, C.I.V., P. LØVENDAHL, D. MANSAN GORDO, G.F. DIFFORD, J.E. PRYCE, F. SCHENKEL, S. WEGMANN, F. MIGLIOR, T.C. CHUD, P.J. MOATE, S.R.O. WILLIAMS, C.M. RICHARDSON, P. STOTHARD und J. LASSEN, 2021: Breeding for reduced methane emission and feed-efficient Holstein cows: An international response. *J. Dairy Sci.* 104, 8983-9001.

MANZANILLA-PECH, C.I.V., R.F. VEERKAMP, R.J. TEMPELMAN, M.L. VAN PELT, K.A. WEIGEL, M. VANDEHAAR, T.J. LAWLOR, D.M. SPURLOCK, L.E. ARMENTANO, C.R. STAPLES, M. HANIGAN und Y. DE HAAS, 2016: Genetic parameters between feed-intake-related traits and conformation in 2 separate dairy populations-the Netherlands and United States. *J. Dairy Sci.* 99, 443-457.

PHUONG, H.N., P. BLAVY, O. MARTIN, P. SCHMIDELY und N.C. FRIGGENS, 2016: Modelling impacts of performance on the probability of reproducing, and thereby on productive lifespan, allow prediction of lifetime efficiency in dairy cows. *Animal* 10, 106-116.

STEPHANSEN, R.B., J. JENSEN, B.G. POULSEN, U.S. NIELSEN, T. ANDERSEN, E. RIUS-VILARRASA, F. FIKSE, J. PÖSÖ, M. LIDAUER, E. NEGUSSIE, J. LASSEN und F. von UNGE, 2025: Nordic Genetic Evaluation of Feed Efficiency – Updated Model for Saved Feed in Nordic Dairy Cattle Breeds. *Interbull Bull.*, 224-230.

VALLIMONT, J.E., C.D. DECHOW, J.M. DAUBERT, M.W. DEKLEVA, J.W. BLUM, C.M. BARLIEB, W. LIU, G.A. VARGA, A.J. HEINRICHS und C.R. BAUMRUCKER, 2011: Heritability of gross feed efficiency and associations with yield, intake, residual intake, body weight, and body condition score in 11 commercial Pennsylvania tie stalls. *J. Dairy Sci.* 94, 2108-2113.

VEERKAMP, R.F. und G.C. EMMANS, 1995: Sources of genetic variation in energetic efficiency of dairy cows. *Livest. Prod. Sci.* 44, 87-97.

WILLAM, A. und H. SIMIANER, 2011: *Tierzucht*, Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart.