

Gefördert durch:



Bundesministerium  
für Ernährung  
und Landwirtschaft

BÖLN

Bundesprogramm Ökologischer Landbau  
und andere Formen nachhaltiger  
Landwirtschaft

aufgrund eines Beschlusses  
des Deutschen Bundestages

# Abschlussbericht

zu dem Projekt

## **LongLife:**

Verbesserung der Langlebigkeit von Milchkühen unter besonderer  
Berücksichtigung ökologischer Zuchtstrategien

**Förderkennzeichen:** 2815OE010 und 2815OE049

Gefördert durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft auf Grund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages im Rahmen des Bundesprogramms Ökologischer Landbau und andere Formen nachhaltiger Landwirtschaft.



**Zuwendungsempfänger:**

Justus-Liebig-Universität  
Institut für Tierzucht und Haustiergenetik  
Ludwigstr. 21 B  
35390 Gießen

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg  
Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften (Arbeitsgruppe Tierzucht)  
Theodor-Lieser-Str. 11  
06120 Halle (Saale)

**Förderkennzeichen:**

2815OE010 und 2815OE049

**Vorhabenbezeichnung:**

**LongLife:** Verbesserung der Langlebigkeit von Milchkühen unter besonderer Berücksichtigung ökologischer Zuchtstrategien

**Laufzeit des Vorhabens:**

01.03.2017 – 29.02.2020, verlängert bis 31.05.2020

**Berichtszeitraum:**

01.04.2017 – 31.05.2020

**Kontaktdaten (Projektkoordinator):**

Prof. Dr. Sven König  
Justus-Liebig-Universität Gießen  
Institut für Tierzucht und Haustiergenetik, Professur für Tierzüchtung  
Ludwigstr. 21 B, 35390 Gießen  
Tel.: 0641 99-37620  
Email: sven.koenig@agrار.uni-giessen.de

**Kooperationspartner:**

Prof. Dr. Hermann Swalve  
Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg  
Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften (Arbeitsgruppe Tierzucht)  
Theodor-Lieser-Str. 11, 06120 Halle (Saale)

**Wirtschaftliche Projektpartner mit beratender Tätigkeit:**

Mona Suchy

Hessischer Verband für Leistungs- und Qualitätsprüfungen in der Tierzucht e.V. (HVL)

An der Hessenhalle 1, 36304 Alsfeld

Zucht- und Besamungsunion Hessen (ZBH)

An der Hessenhalle 1, 36304 Alsfeld

Rinder Allianz GmbH

Am Bullenberg 1, 14348 Woldegk

RBB Rinderproduktion Berlin-Brandenburg GmbH

Lehniner Straße 9, 14550 Groß Kreutz (Havel)

**Autoren:**

Justus-Liebig-Universität Gießen:

Prof. Dr. Sven König

Taisiia Shabalina

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg:

Prof. Dr. Hermann Swalve

Anke Rolfes

## **Kurzfassung**

**LongLife:** Verbesserung der Langlebigkeit von Milchkühen unter besonderer Berücksichtigung ökologischer Zuchtstrategien

Ziel des Projektes „LongLife“ war es, Selektionsinstrumente zur Verbesserung der Langlebigkeit und Tiergesundheit für die ökologische Milchrinderzucht zu entwickeln. Vor dem Hintergrund, dass in der ökologischen Milchviehhaltung Langlebigkeit stärker im Fokus steht als in der konventionellen Zucht, wurden in neun ökologisch wirtschaftenden Betrieben Assoziationen zwischen Merkmalen der Tiergesundheit und der Langlebigkeit der Kühe analysiert und Risikorate für Abgänge („Survival-Analysen“) in verschiedenen Lebensabschnitten der Tiere geschätzt. Die Ergebnisse zeigten, dass Euter-, Klauen-, sowie Stoffwechselerkrankungen einen stark negativen Einfluss auf die Langlebigkeit haben. Das Abgangsrisiko einer Kuh war insbesondere zum Laktationsende erhöht. Die quantitativ-genetischen Untersuchungen ergaben die höchsten genetischen Varianzen für die Langlebigkeit, wenn der Gesundheitsstatus der Tiere im Modell berücksichtigt wurde. Die maternale Linienvarianz war für Merkmale der Langlebigkeit und Tiergesundheit sehr niedrig. In Schätzungen genetischer Korrelationen zwischen ökologischen und konventionellen Haltungsumwelten auf Basis von Pedigree- und SNP-Daten konnten Genotyp-Umwelt-Interaktionen für Merkmale der Langlebigkeit und Tiergesundheit nachgewiesen werden. In genomweiten Assoziationsstudien gelang es weiterhin Gene zu identifizieren, welche in der ökologischen Haltungsumwelt an der Ausprägung der Langlebigkeit beteiligt sind. Mit dem Ziel, den Zuchtfortschritt für Langlebigkeit voranzutreiben und die Wettbewerbsfähigkeit ökologischer Betriebe gegenüber konventionellen Betrieben aufrechterhalten, wurde in „LongLife“ eine erste Lernstichprobe genotypisierter Kühe aus ökologischen Haltungsumwelten aufgebaut. Auf Basis der generierten Ergebnisse ist es final gelungen, einen Gesamtzuchtwert für Langlebigkeit („RZ-LongLife“) zu konzipieren und Anpaarungsschemata zu entwickeln, um zielgerichtet die Langlebigkeit von Milchkühen in ökologischen Betrieben zu verbessern.

## **Abstract**

**LongLife:** Breeding strategies to improve dairy cow longevity with focus on organic production systems

The aim of the project ‘LongLife’ was the development of breeding strategies to improve longevity and health in organic dairy cattle breeding systems. In organic dairy farming, there is a strong focus on longevity in comparison to conventional farming. Hence, we analysed associations between health and longevity traits in nine organic farms, and we estimated culling risks in different stages of cow life via “survival analyses”. The results revealed a strong effect of udder-, claw-, and metabolic diseases on longevity. The culling risk of cows was especially increased in the end of lactation. Highest genetic variances were found in the quantitative-genetic analyses when considering the health status of the animals in the models. The maternal line variance was quite low for all longevity and health traits. Based on pedigree- and SNP data, we estimated genetic correlations between organic and conventional farming systems for longevity and health traits. In this regard, we identified genotype-by-environment interactions. Moreover, we identified genes being associated with longevity in organic farms via genome-wide association studies. We established a ‘genomic learning sample’ on the basis of genotyped cows from organic farms, in order to achieve breeding process for longevity and to maintain economic competitiveness of organic farms in comparison to conventional systems. In a final step, we developed a selection index (total breeding value) ‘RZ-LongLife’ and mating schemes aiming on the improvement of dairy cow longevity in organic farms.

**Inhalt**

<b>Abkürzungsverzeichnis.....</b>	<b>III</b>
<b>Tabellenverzeichnis .....</b>	<b>IV</b>
<b>Abbildungsverzeichnis .....</b>	<b>VI</b>
<b>1. Einführung .....</b>	<b>1</b>
1.1 Gegenstand des Vorhabens .....	1
1.2 Ziele und Aufgabenstellung des Projektes .....	1
1.3 Planung und Ablauf des Projektes .....	2
<b>2. Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde .....</b>	<b>4</b>
<b>3. Material und Methoden.....</b>	<b>7</b>
3.1 AP I Phänotypisierungen .....	7
3.1.1 Betriebsauswahl .....	7
3.1.2 Merkmalsdefinitionen .....	8
3.2 AP II Genotypisierungen.....	11
3.3 AP III - Identifikation von Merkmalen, die in enger Beziehung zur Langlebigkeit stehen .....	13
3.4 AP III - Lebensdaueranalyse mittels Programmpaket Survival-Kit (AG Tierzucht Gießen).....	15
3.5 AP IV - Schätzung des Mutterlinienneffektes (AG Tierzucht Halle).....	16
3.6 AP V und VI – Nachweis von Genotyp-Umwelt-Interaktionen auf Basis quantitativ-genetischer Modelle und SNP-Markerdaten (AG Tierzucht Gießen).....	18
3.7 AP VII und VIII – Weiterentwicklung von deterministischer und stochastischer Zuchtplanungssoftware (AG Tierzucht Gießen) .....	20
3.8 AP IX – Entwicklung eines Gesamtzuchtwertes für Langlebigkeit (RZ-LongLife) (AG Tierzucht Halle) .....	25
<b>4. Ausführliche Darstellung und Diskussion der wichtigsten Ergebnisse .....</b>	<b>29</b>
4.1 AP I - Auswertung der Fragebögen (AG Tierzucht Halle) .....	29
4.2 AP III - Identifikation von Merkmalen, die in enger Beziehung zur Langlebigkeit stehen .....	42
4.2.1 Auswahl der wichtigsten Erkrankungen .....	42
4.2.2 Auswirkung der Erkrankungen auf die Langlebigkeit mittels linearer und generalisierter linearer Modelle (AG Tierzucht Gießen).....	45
4.2.3 Lebensdaueranalyse mittels Programmpaket Survival-Kit (AG Tierzucht Gießen) .....	49
4.2.4 Inzidenzen und Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzung für Gesundheitsmerkmale (AG Tierzucht Halle) .....	52
4.3 AP IV - Schätzung von Linieneffekten (AG Tierzucht Halle) .....	55
4.4 AP V und VI Nachweis von Genotyp-Umwelt-Interaktionen auf Basis quantitativ-genetischer Modelle und SNP-Markerdaten (AG Tierzucht Gießen).....	59

4.5	AP VII und AP VIII – Deterministische und stochastische Zuchtplanungssoftware (AG Tierzucht Gießen).....	73
4.6	AP IX - Entwicklung eines Gesamtzuchtwertes für Langlebigkeit (RZ-LongLife) .....	79
<b>5.</b>	<b>Angaben zum voraussichtlichen Nutzen und zur Verwertbarkeit der Ergebnisse ...</b>	<b>84</b>
<b>6.</b>	<b>Geplante und erreichte Ziele; Hinweise auf weiterführende Fragestellungen .....</b>	<b>86</b>
<b>7.</b>	<b>Zusammenfassung .....</b>	<b>88</b>
	<b>Literaturverzeichnis .....</b>	<b>91</b>
	<b>Übersicht über erfolgte oder geplante Veröffentlichungen .....</b>	<b>112</b>
	<b>Anhang .....</b>	<b>114</b>

**Abkürzungsverzeichnis**

AG	Arbeitsgruppe
AP	Arbeitspakete
DD	Dermatitis Digitalis
DIM	Tage in Milch (engl.: days in milk)
D-Loop	Verdrängungsschleife (engl.: displacement loop)
EBV	Pedigree-Zuchtwert
EKG	Eiweißmenge je Laktation (kg)
EUTER	Euternote (Punkte)
FRU	Fruchtbarkeitsstörung je Laktation (0/1)
FUND	Fundamentnote (Punkte)
GEBV	Genomischer Zuchtwert
GUI	Genotyp-Umwelt-Interaktion
GWAS	Genomweite Assoziationsstudie
$h^2$	Heritabilität
KLAUE	Klauenerkrankung je Laktation (0/1)
konv	koventionell bewirtschaftet
KVMAT	Kalbeverlauf maternal (4-Punkte Skala)
$l^2$	maternale Linienvarianz
LPL	Länge der produktiven Lebensdauer
MAF	Minor-Allelfrequenz
MAST	Mastitis
ML	Mutterlinie
mtDNA	mitochondriale DNA (Desoxyribonukleinsäure)
n	Anzahl
öko	ökologisch bewirtschaftet
OS	Ovarielle Störungen
PU	permanente Umwelt
r	Korrelation
RND	zufällige variable Stichprobe aus N (0, 1)
SD	Standardabweichung (engl.: standard deviation)
SE	Standardfehler
SNP	Einzelnukleotid-Polymorphismus (engl.: single-Nucleotide-Polymorphism)
SW	Stoffwechselerkrankung je Laktation (0/1)
TBV	Wahrer Zuchtwert (engl.: true breeding value)



**Tabellenverzeichnis**

**Tabelle 1:** Chronologischer Ablauf der Arbeitspakete (AP) nach Quartalen und Zuordnung zum jeweiligen Projektpartner (Grün – Gießen, Blau – Halle, Orange – beide Projektpartner) .....3

**Tabelle 2:** Einteilung verschiedener Erkrankungen nach Erkrankungskomplexen .....10

**Tabelle 3:** Betriebsgrößen der Projektbetriebe und Anteil an Tieren mit Genotyp-Informationen .....12

**Tabelle 4:** Deskriptive Statistik für die Milchleistung (in kg), den Fettgehalt (in %) und Länge der produktiven Lebensdauer (LPL, in Tagen) in ökologischen und konventionellen Betrieben; Standardabweichung (SD) in Klammern .....18

**Tabelle 5:** Inzidenz (%) verschiedener Erkrankungskomplexe erstlaktierender Deutsch Holstein Kühe für den Gesamtdatensatz und für die genotypisierten Kühe in ökologischen und konventionellen Betrieben.....19

**Tabelle 6:** Charakteristika der fünf simulierten Zuchtszenarien .....24

**Tabelle 7:** Liste möglicher Merkmale für einen Gesamtzuchtwert für ökologisch wirtschaftende Betriebe mit ökonomischen Gewichten .....26

**Tabelle 8:** Effekte einzelner Erkrankungen auf die Länge der produktiven Lebensdauer (in Tagen).....45

**Tabelle 9:** Effekte einzelner Erkrankungen auf die Verbleiberate .....46

**Tabelle 10:** Risikoraten der Abgänge für verschiedene Erkrankungen in verschiedenen Laktationsstadien.....50

**Tabelle 11:** Schätzung der genetischen Parameter für die Länge der produktiven Lebensdauer .....52

**Tabelle 12:** Inzidenzen der einzelnen Gesundheitsmerkmale in konventionellen (Testherden) und ökologisch wirtschaftenden Betrieben (Erstlaktierende mit Abkalbungen von Januar 2016 bis Juni 2018) .....53

**Tabelle 13:** Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzung für die Anzahl Neuerkrankungen in der 1. Laktation in Öko-Betrieben.....54

**Tabelle 14:** Schätzung des Mutterlinieneffekts als Anteil der maternalen Linienvarianz an der Gesamtvarianz für Gesundheitsmerkmale unter Berücksichtigung aller Laktationen mit Gesundheitsdaten ab 2012 (n = 4.884).....56

**Tabelle 15:** Schätzung des Mutterlinieneffekts als Anteil der maternalen Linienvarianz an der Gesamtvarianz und der Heritabilität für Leistungsparameter und die Länge der produktiven Lebensdauer .....57

<b>Tabelle 16:</b> Pedigree- und SNP-basierte Heritabilitäten mit Standardfehler (SE) in ökologischen ( $h^2_{\text{öko}}$ ) und konventionellen ( $h^2_{\text{konv}}$ ) Betrieben sowie genetische Korrelationen ( $r_g$ ) .....	60
<b>Tabelle 17:</b> Signifikante SNP-Marker und potenzielle Kandidatengene für die Länge der produktiven Lebensdauer für Kühe aus konventionellen Haltungssystemen .....	64
<b>Tabelle 18:</b> Signifikante SNP-Marker und potenzielle Kandidatengene für die Länge der produktiven Lebensdauer für Kühe aus ökologischen Haltungssystemen .....	65
<b>Tabelle 19:</b> Signifikante SNP-Marker und potenzielle Kandidatengene für Mastitis von Kühen aus konventionellen Haltungssystemen .....	67
<b>Tabelle 20:</b> Signifikante SNP-Marker und potenzielle Kandidatengene für Mastitis von Kühen aus ökologischen Haltungssystemen .....	68
<b>Tabelle 21:</b> Signifikante SNP-Marker und potenzielle Kandidatengene für ovarielle Störungen von Kühen aus konventionellen Haltungssystemen .....	70
<b>Tabelle 22:</b> Signifikante SNP-Marker und potenzielle Kandidatengene für ovarielle Störungen aus ökologischen Haltungssystemen .....	70
<b>Tabelle 23:</b> Signifikante SNP-Marker und potenzielle Kandidatengene für Dermatitis Digitalis im konventionellen Haltungssystemen .....	71
<b>Tabelle 24:</b> Signifikante SNP-Marker und potenzielle Kandidatengene für Dermatitis Digitalis im ökologischen Haltungssystemen .....	72
<b>Tabelle 25:</b> Darstellung der berücksichtigten genetischen Korrelationen (oberhalb der Diagonalen), phänotypischen Korrelationen (unterhalb der Diagonalen) und Heritabilitäten (Diagonale) für den vollständigen Gesamtzuchtwert RZ-LongLife (alle neun Merkmale) .....	80

**Abbildungsverzeichnis**

**Abbildung 1:** Projektstruktur und einzelne Arbeitspakete (AP) gemäß Vorhabenbeschreibung.3

**Abbildung 2:** Geografische Verteilung konventioneller (blaue Punkte) und ökologischer Betriebe (rote Punkte) .....8

**Abbildung 3:** Verteilung (Percent of Total Frequency) der Diagnosen über den Zentralen Tiergesundheitschlüssel (Datensatz von Januar 2019) .....9

**Abbildung 4:** Einteilung der Diagnosen in Erst- und Folgediagnosen nach Kehr et al. (2007) am Beispiel von Mastitiden.....11

**Abbildung 5:** Ablaufschema der Simulationsstudie für die Zuchtplanung .....23

**Abbildung 6:** Angaben der Projektbetriebe zur Haltung und Aufzucht der Rinder und Kühe ..30

**Abbildung 7:** Angaben der Projektbetriebe zur Gestaltung der Haltungsumwelt der Rinder....32

**Abbildung 8:** Angaben der Projektbetriebe zur Kälberfütterung .....33

**Abbildung 9:** Angaben der Projektbetriebe zur Futterproduktion und Fütterung der Milchkühe .....34

**Abbildung 10:** Angaben der Projektbetriebe zum Melksystem, der Melkroutine und zur Eutergesundheit .....36

**Abbildung 11:** Angaben der Projektbetriebe zu Klauenpflegemaßnahmen.....37

**Abbildung 12:** Angaben der Projektbetriebe zum Gesundheitsmanagement im Betrieb .....38

**Abbildung 13:** Angaben der Projektbetriebe zum Fruchtbarkeitsmanagement der Herde .....39

**Abbildung 14:** Angaben der Projektbetriebe zum Umgang mit gehörnten Tieren im Stall und zum Einsatz von Zuchtbullen mit Hornlos-Vererbung .....40

**Abbildung 15:** Angaben der Projektbetriebe zur Wirtschaftsweise und zur Herdenmanagementsoftware .....41

**Abbildung 16:** Darstellung der Häufigkeitsverteilung der Diagnosen aus ökologisch wirtschaftenden Betrieben in den jeweiligen Erkrankungskomplexen über eine 305-Tage-Laktation hinweg.....44

**Abbildung 17:** Darstellung der beiden ersten Hauptkomponenten (Principal component 1 und 2) von Kühen aus ökologischen und konventionellen Haltungssystemen .....59

**Abbildung 18:** Manhattan-Plot für die Länge der produktiven Lebensdauer im konventionellen (oben) und ökologischen (unten) Produktionssystem. Die durchgezogene Linie repräsentiert den Bonferroni-korrigierten Schwellenwert ( $P_{Bonf} = 1,22 \times 10^{-6}$ ), die gestrichelte Linie repräsentiert den Kandidaten-Schwellenwert ( $P_{Kand} = 1 \times 10^{-4}$ ) .....63

<b>Abbildung 19:</b> Manhattan-Plot für Mastitis im konventionellen (oben) und ökologischen (unten) Produktionssystem. Die durchgezogene Linie repräsentiert den Bonferroni-korrigierten Schwellenwert ( $P_{\text{Bonf}} = 1,22 \times 10^{-6}$ ), die gestrichelte Linie repräsentiert den Kandidaten-Schwellenwert ( $P_{\text{Kand}} = 1 \times 10^{-4}$ ).....	66
<b>Abbildung 20:</b> Manhattan-Plot für ovarielle Störungen im konventionellen (oben) und ökologischen (unten) Produktionssystem. Die durchgezogene Linie repräsentiert den Bonferroni-korrigierten Schwellenwert ( $P_{\text{Bonf}} = 1,22 \times 10^{-6}$ ), die gestrichelte Linie repräsentiert den Kandidaten-Schwellenwert ( $P_{\text{Kand}} = 1 \times 10^{-4}$ ).....	69
<b>Abbildung 21:</b> Manhattan-Plot für Dermatitis Digitalis im konventionellen (oben) und ökologischen (unten) Produktionssystem. Die durchgezogene Linie repräsentiert den Bonferroni-korrigierten Schwellenwert ( $P_{\text{Bonf}} = 1,22 \times 10^{-6}$ ), die gestrichelte Linie repräsentiert den Kandidaten-Schwellenwert ( $P_{\text{Kand}} = 1 \times 10^{-4}$ ).....	71
<b>Abbildung 22:</b> Durchschnitt und Standardabweichung wahrer Zuchtwerte selektierter Bullen und deren Nachkommen für vier verschiedene Szenarien (s. <b>Tabelle 6</b> ) für a) eine Heritabilität von 5 % und b) eine Heritabilität von 30 %; TBV = Wahrer Zuchtwert .....	74
<b>Abbildung 23:</b> Durchschnitt und Standardabweichung wahrer Zuchtwerte selektierter Bullen und deren Nachkommen für Szenario C_GEBV_AI (s. <b>Tabelle 6</b> ) für a) eine Heritabilität von 5 % und b) eine Heritabilität von 30 %. Genetische Korrelation (Balken von links nach rechts): 0,5; 0,6; 0,7; 0,8; 0,9; TBV = Wahrerer Zuchtwert.....	76
<b>Abbildung 24:</b> Durchschnitt und Standardabweichung der Inzuchtkoeffizienten selektierter Bullen und deren Nachkommen für fünf verschiedene Szenarien (s. <b>Tabelle 6</b> ) für a) eine Heritabilität von 5 % und b) eine Heritabilität von 30 %.....	78
<b>Abbildung 25:</b> Durchschnitt und Standardabweichung der Inzuchtkoeffizienten für Nachkommen selektierter Bullen für Szenario O_GEBV_NS (s. <b>Tabelle 6</b> ) für eine Erblichkeit ( $h^2$ ) von 5 % und 30 % (Szenario O_GEBV_NS_II ist identisch zu Szenario O_GEBV_NS, aber Anpaarungen zwischen eng verwandten Tieren sind eingeschlossen).....	79

### 1. Einführung

#### 1.1 Gegenstand des Vorhabens

In der ökologischen Milchrinderzucht wird als eines der zentralen Merkmale für eine nachhaltige Bewirtschaftung das Merkmal **Langlebigkeit** oder Nutzungsdauer in den Fokus der Zucht gestellt. Dabei ist Langlebigkeit am ehesten zu realisieren, wenn die Tiere weitestgehend frei von Krankheiten sind und der Gesundheitsstatus im Betrieb insgesamt verbessert werden kann. Ein weiterer zentraler Aspekt der ökologischen Zucht ist die Bedeutung der Mutterseite, die sonst nur in züchterisch aktiven, konventionell geführten Betrieben Berücksichtigung findet. Hier richtet sich der Blick auf die langlebige **Kuhfamilie**. Um konventionelle Zuchtstrategien und den Zuchtfortschritt auch in ökologische Produktionssysteme für Langlebigkeit transferieren zu können, ist eine Untersuchung möglicher **Genotyp-Umwelt-Interaktionen** notwendig.

Diese drei Ansätze können zur Verbesserung der Nachhaltigkeit ökologischer Produktionssysteme beitragen und züchterisch verfolgt werden.

#### 1.2 Ziele und Aufgabenstellung des Projektes

Aus den drei oben genannten Ansätzen ergeben sich für das Projekt die folgenden Ziele:

1. Identifizierung der Merkmale der **Tiergesundheit**, die den größten Einfluss auf Nutzungsdauer bzw. Langlebigkeit von Milchkühen haben. Hierbei werden bereits erfasste Gesundheitsdaten von partizipierenden ökologischen und konventionellen Betrieben verwendet. Die Lebensdaueranalyse erfolgt am Gesamtdatenmaterial und stratifiziert für ökologische und konventionelle Betriebe.
2. Schätzung von sogenannten **Linieneffekten** für Merkmale der Tiergesundheit, für Indikatormerkmale der Tiergesundheit und der Energieeffizienz als auch direkt für Langlebigkeit. Insbesondere in ökologisch wirtschaftenden Betrieben hat die Kuhfamilie eine große Bedeutung, aber objektive Kriterien zur Beurteilung einer Familie sind nicht vorhanden. Ziel ist, Gründerkühe zu identifizieren, Linieneffekte mittels quantitativ-genetischer Modelle zu schätzen und diese Linieneffekte in praktische Selektionsschemata zu integrieren. Hypothese ist, dass Linieneffekte für Merkmale des Energiestoffwechsels, der Tiergesundheit und der Langlebigkeit eine größere Rolle spielen als für Produktionsmerkmale.
3. Evaluierung der Übertragbarkeit konventioneller Selektionsinstrumente. Insbesondere für Merkmale, die erst spät im Leben eines Tieres oder Selektionskandidaten vorliegen (Langlebigkeit) oder für die es keine flächendeckende Leistungsprüfung gibt

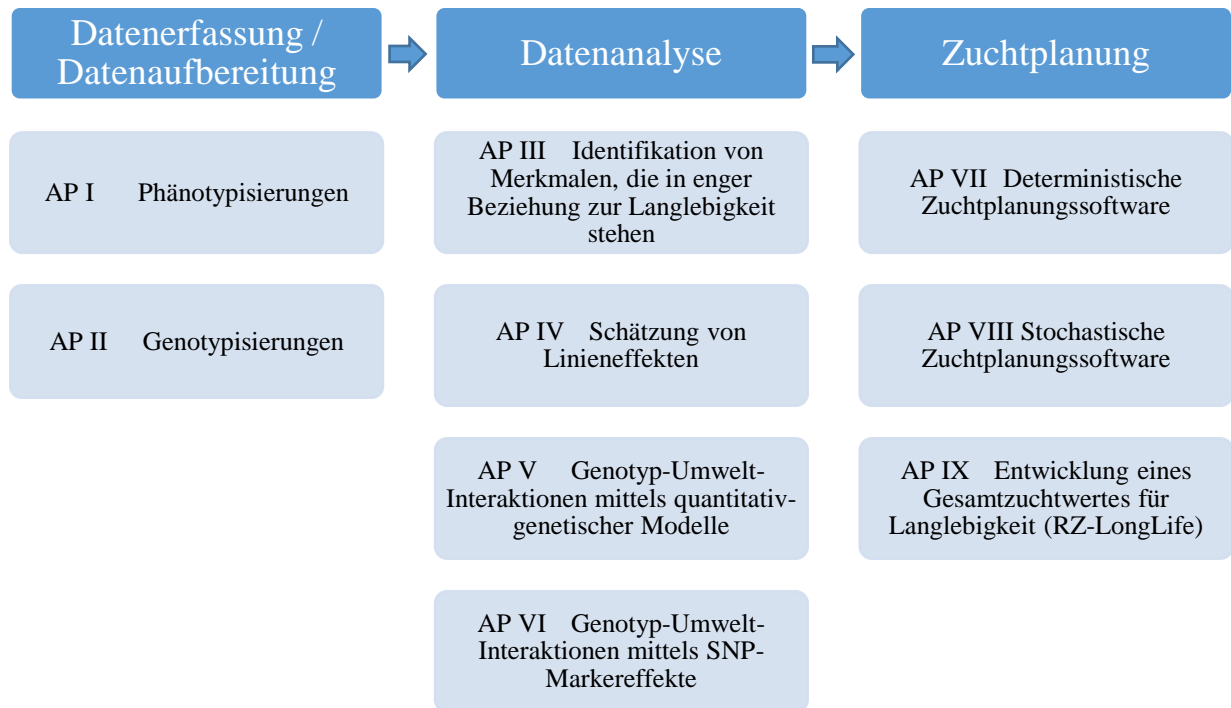
(Gesundheitsmerkmale), verspricht sich die konventionelle Tierzucht Erfolg durch die Einführung der genomischen Selektion. Im Projekt Kuh-L werden basierend auf einer Kuhlernstichprobe (20.000 Kühe mit Genotypen und innovativen Phänotypen) genomische Zuchtwerte und Markereffekte insbesondere für Gesundheitsmerkmale geschätzt. Diese 20.000 Kühe der Lernstichprobe sind aber ausschließlich Kühe aus intensiv gemanagten Großbetrieben der neuen Bundesländer. LongLife schließt daran an und evaluiert, ob die geschätzten SNP-Effekte auch auf Dauerleistungskühe (auch in ökologisch wirtschaftenden oder eher kleinstrukturierten Familienbetrieben) übertragbar sind (Fragestellung etwaiger **Genotyp-Umwelt-Interaktionen = GUI**). Hierbei werden auch Dauerleistungskühe berücksichtigt, die spezielle Zuchtstrategien reflektieren wie das Prinzip der Linienzucht zur Verbesserung der Lebensleistung nach Prof. Bakels (u. a. Bakels und Postler 1986) und auch Bullenmütter der Arbeitsgemeinschaft Lebenslinien.

Ergebnisse zu 1., 2. und 3. fließen in

4. Die Entwicklung von Instrumenten zur Zuchtplanung. Im Projekt Fugato-Brain+ wurde die Zuchtplanungssoftware *ZPLAN+* entwickelt, um i. W. Zuchtstrategien unter Berücksichtigung von Biotechnologien deterministisch modellieren und evaluieren zu können. *ZPLAN+* ist aber nicht geeignet, um die für die ökologische Milchrinderzucht wichtigen Fragestellungen direkt abbilden zu können. Hierzu gehören insbesondere Fragestellungen zur Genotyp-Umwelt-Interaktion (Aufbau eines eigenen ökologischen Zuchtprogramms oder Nutzung von Genflüssen aus konventionellen Populationen) und die Modellierung der Familien- bzw. Linienzucht mit etwaigen Auswirkungen auf Inzucht und Verwandtschaft. Als Alternative zu *ZPLAN+* werden stochastische Zuchtplanungsinstrumente entwickelt, die direkt die Evaluierung spezifischer Anpaarungsschemata ermöglichen.

### 1.3 Planung und Ablauf des Projektes

Das Projekt war gemäß Vorhabenbeschreibung über eine Gesamtlaufzeit von drei Jahren in insgesamt neun Arbeitspakete (AP) unterteilt, die in chronologischer Abfolge zeitlich aufeinander abgestimmt sind (**Abbildung 1**). Die zeitliche Einordnung der einzelnen Arbeitspakete ist in **Tabelle 1** dargestellt.



**Abbildung 1:** Projektstruktur und einzelne Arbeitspakete (AP) gemäß Vorhabenbeschreibung.

**Tabelle 1:** Chronologischer Ablauf der Arbeitspakete (AP) nach Quartalen und Zuordnung zum jeweiligen Projektpartner (Grün – Gießen, Blau – Halle, Orange – beide Projektpartner)

2017			2018				2019				2020
II	III	IV	I	II	III	IV	I	II	III	IV	I
AP I											
AP II											
	AP III										
	AP IV										
						AP V					
						AP VI					
									AP VII		
									AP VIII		
											AP IX

## 2. Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde

### *Lebensdaueranalyse*

Die Schätzung von Nutzungsdauerzuchtwerten für Zuchtbullen mit vertretbaren Sicherheiten und Genauigkeiten ist erst nach einigen Jahren und genügend Nachkommen mit Abgangsinformationen, also der tatsächlichen Länge der produktiven Lebensdauer, möglich. Die langen Generationsintervalle beim Rind verhindern zusätzlich einen schnellen Zuchtfortschritt im Merkmal Nutzungsdauer. Eine Modellierung von Überlebensstudien in der Humanmedizin ermöglichte es jedoch mittels Lebensdaueranalysen (engl. survival analysis) neben gestorbenen auch lebende Individuen zu berücksichtigen (siehe u. a. Cox und Oakes 1984). Um dennoch eine Vorausschätzung zu ermöglichen, wurden Hilfsmerkmale hinzugezogen, die die Sicherheiten auf ein akzeptables Maß anheben konnten, ohne dass dafür Abgangsinformationen von Nachkommen vorliegen mussten. Die Daten von lebenden Kühen werden als sogenannte zensierte Daten bezeichnet und in der Lebensdaueranalyse für die Zuchtwertschätzung, aufgrund der Unvollständigkeit der Informationen, mit einem geringeren Gewicht berücksichtigt. Um den Informationsgehalt zensierter Daten zu erhöhen und somit eine genauere Vorausschätzung der Nutzungsdauer der Kühe zu erzielen, können mit der Nutzungsdauer korrelierte Hilfsmerkmale in die Schätzformeln einfließen. Diese Hilfsmerkmale sollten früh im Leben einer Kuh erfasst werden können, wie z.B. die Ergebnisse aus der Exterieurbeurteilung von erstlaktierenden Kühen (Buenger et al. 2001). Eine detaillierte Beschreibung zur Methodik der Lebensdaueranalyse findet sich bei Ducrocq und Sölkner (1998), die diese theoretisch methodischen Hintergründe in auf FORTRAN-Code basierenden Computerprogrammen („Survival Kit“) zur Zuchtwertschätzung für die Nutzungsdauer umgesetzt haben. Mittels der Survival-Analyse können zudem die Einflüsse fixer Effekte, die im genetisch-statistischen Modell verwendet werden und auf die Lebensdauer einer Kuh einwirken, quantifiziert werden. Solche fixen Effekte oder auch in verschiedene Faktorstufen eingeteilte Umweltwirkungen beziehen sich insbesondere auf die Fütterung, die Haltung sowie weitere Managementfaktoren. So verlängern beispielweise eingestreute Liegeflächen in den jeweiligen Haltungssystemen die Nutzungsdauer signifikant (Buenger et al. 2001). Die wissenschaftliche Studie von Buenger et al. (2001) zur Survival-Analyse fokussierte somit auf Stallsysteme in hochleistenden Milchkuhbetrieben und auf Hilfsmerkmale des Exterieurs.



### ***Kuhfamilien und Linienheritabilitäten***

Die ökologische Milchrinderzucht stellt die Kuhfamilien, also die weibliche Seite der Selektion, ins Zentrum tierzüchterischer Überlegungen und Anwendungen (siehe u.a. Tagung „Rinderzucht im Umbruch: Wohin geht die Reise?“ im Rahmen des Projekts „Leitbetriebe im ökologischen Landbau NRW“ am 16./17.12. 2009 in Haus Riswick). Die wissenschaftliche Begründung zur Bedeutung der Kuhfamilie an der Merkmalsausprägung wird dem Erbgut eukaryotischer Zellen, den Mitochondrien, zugesprochen. Diese mitochondriale DNA (mtDNA) existiert neben der DNA im Zellkern innerhalb der Mitochondrien, die Bestandteil der Zellen sind. Mitochondrien werden auch als „Kraftwerke der Zelle“ bezeichnet, da sie fest in den Energiestoffwechsel eingebunden sind. Bei der Vererbung befinden sich die Mitochondrien zu einem Großteil im Zytoplasma der Eizelle. Somit erfolgt eine Übertragung fast ausschließlich von der Mutter auf die Nachkommen. Während auch bei Bullenspermien Mitochondrien im Schwanzteil in geringerer Menge vorhanden sind, werden diese jedoch in der Regel nicht weitergegeben, da der Schwanz des Spermiums bei der Penetration der Eizelle abgestoßen wird. Diesen Vererbungsweg der Mitochondrien zeigten Hutchison et al. (1974) und Gyllensten et al. (1985). Da somit nur Mütter das mitochondriale Erbgut an die Nachkommen weitergeben und nicht die Bullenväter, haben alle Mitglieder innerhalb einer maternalen Linie eine identische mitochondriale DNA (Roughsedge et al. 2000).

Mittels einer lückenlosen Herdbuchführung lässt sich ein Nachweis mitochondrialer Effekte anhand von quantitativ-genetischen Modellen erbringen, sodass die Zuordnung eines erfassten Merkmals zu einer Linie erfolgen kann. Dies erfordert die Identifikation von Gründerkühen anhand umfangreicher Abstammungsinformationen. Schutz et al. (1992) stellten einen signifikanten Einfluss der maternalen Linie (= Kuhfamilie) auf Fettgehalt, Fettmenge und Energiekonzentration der Milch fest. Ähnliche Resultate fanden Albuquerque et al. (1998) und Boettcher et al. (1996). Der Anteil der Merkmalsvariation, der durch die Kuhfamilie erklärt werden kann, wird Linienheritabilität genannt. In einer Studie von Onken (1995) an ostfriesischen Kuhfamilien waren die Linienheritabilitäten für Produktionsmerkmale jedoch nahe Null. In der Pferdezucht waren die Ergebnisse für Linienheritabilitäten der Stutenlinien in den Merkmalen „Härte“ und „Konstitution“ der Eigenleistungsprüfung mit Werten von bis zu 10 % deutlich höher (Schmidt 2010). König (2009a) und König et al. (2010) postulierten diesbezüglich Zusammenhänge zu den am Energiestoffwechsel beteiligten Mitochondrien.

### ***Genombasierte Zuchtwertschätzung in Bezug zu Genotyp-Umwelt-Interaktionen***

Das Verfahren der genomischen Selektion wurde erfolgreich in der Deutschen Holsteinzucht für Merkmale der konventionellen Leistungsprüfung implementiert, weil hier zur Schätzung der SNP-Markereffekte sicher geschätzte Bullenzuchtwerte in der Lernstichprobe genutzt werden können. Für die sichere Schätzung von funktionalen Merkmalen ist bisher keine Bullen-Lernstichprobe vorhanden. Insbesondere funktionale Merkmale, wie Gesundheit (Merkmalskomplexe Mastitis, Klauen, Stoffwechsel, Fruchtbarkeit), die Produktqualität (Fettsäuren in der Milch) und die Energie-bzw. Ressourceneffizienz (Futtermittelaufnahme), bilden einige der wichtigsten züchterischen Aspekte in der ökologischen Milchrinderzucht ab. Swalve und König (2007) wiesen schon frühzeitig darauf hin, dass zur Ableitung der Markereffekte für solche Merkmale eine sogenannte Kuhlernstichprobe aufgebaut werden muss. Dies konnte im BMBF/FBF-Forschungsvorhaben Kuh-L umgesetzt werden (Swalve 2014). Im Rahmen des Kuh-L-Projektes wurden 20.000 Jungkühe typisiert, die in großen Testherden in Mecklenburg-Vorpommern und Brandenburg produzieren. Es stellt sich nun die Frage, ob a) die geschätzten Markereffekte auch auf ökologische und/oder kleinbäuerlich strukturierte Betriebe übertragen werden können (in diesen Betrieben sind eine „andere“ Genetik und divergierende Selektionsstrategien zu beobachten) und b) welche Markerkonstellation am ehesten den bewährten Kuh-Dauerleistungstyp in kleinbäuerlichen und/oder ökologischen Betrieben abbildet. König et al. (2005) haben GUI-Studien mittels quantitativ-genetischer Modelle für Produktionsmerkmale bezüglich der Einteilung „Großbetriebe in den neuen Bundesländern“ und „Familienbetriebe in den alten Bundesländern“ durchgeführt. Genotyp-Umwelt-Interaktionen traten immer dort auf, wo bei der Stratifikation des Datenmaterials eine unzureichende genetische Verknüpfung vorlag.

### ***Zuchtplanung***

Wie eingangs bereits erwähnt, sind verfügbare Softwarepakete für Zuchtplanungsberechnungen i. W. darauf ausgelegt, den Einsatz von Biotechnologien auf Zuchtfortschritt und Züchtungsgewinn zu evaluieren. Das gilt sowohl für deterministische (Software ZPLAN+, Täubert et al. 2010) als auch stochastische Ansätze (Software QMSim, Sargolzaei und Schenkel 2009). Mittels dieser Programme wurden in jüngster Vergangenheit umfangreiche Zuchtplanungsstudien durchgeführt, um die Auswirkungen der genomischen Selektion in Besamungszuchtprogrammen zu evaluieren (u.a. König et al. 2009b; Wensch-Dorendorf et al. 2011).

### 3. Material und Methoden

#### 3.1 API Phänotypisierungen

##### 3.1.1 Betriebsauswahl

Die Auswahl der **ökologisch wirtschaftenden Betriebe** erfolgte nach den folgenden Kriterien:

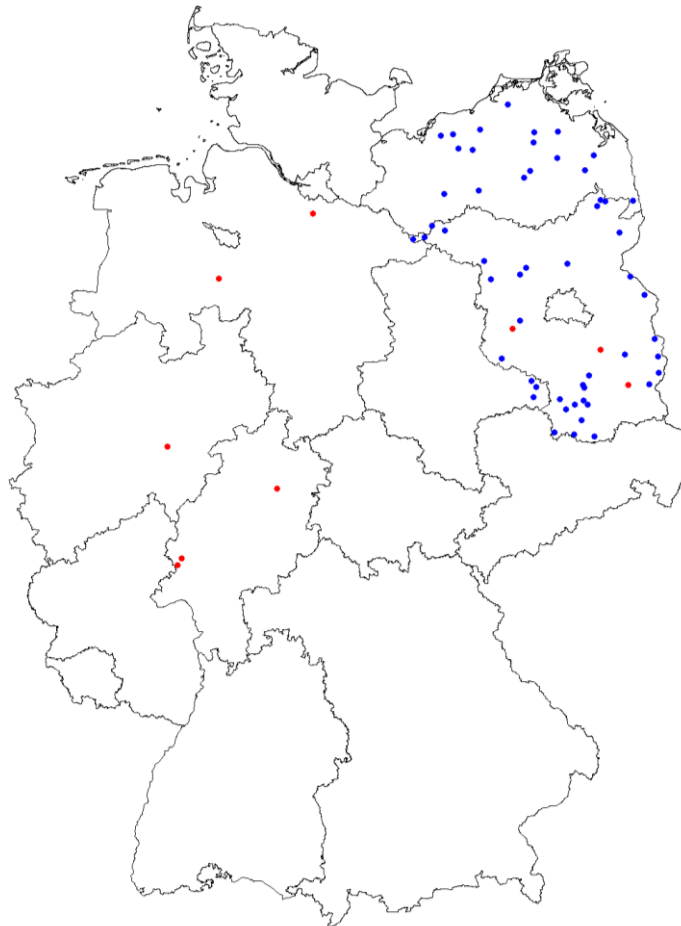
- Bewirtschaftung mindestens nach „Verordnung (EG) Nr. 834/2007 des Rates vom 28. Juni 2007 über die ökologische/biologische Produktion und die Kennzeichnung von ökologischen/biologischen Erzeugnissen“ oder nach erhöhten Anforderungen eines Bio-Verbandes seit mehreren Jahren, idealerweise seit mindestens 10 Jahren
- Großer Anteil von Kühen der Rasse Deutsche Holsteins (SBT/RBT)
- Herdbuchzucht für Abstammungsinformationen
- Teilnahme an der Milchkontrolle
- Erfassung von Gesundheitsdaten in digitalisierter Form seit mehreren Jahren oder die Bereitschaft, mit der Erfassung zu beginnen
- Optional: bereits Teilnahme an anderen Gesundheitsprojekten wie KuhVision, HVL-Gesundheitsprojekt oder GKUH (Plus)

Diese definierten Kriterien schränkten die Auswahl und verfügbare Anzahl ökologisch wirtschaftender Betriebe bereits stark ein. Selbst unter den final gewählten Projektbetrieben können nicht alle Betriebe die definierten Kriterien vollständig erfüllen. In einem ökologisch geführten Betrieb war der Anteil an Kreuzungstieren größer als der Anteil reinrassiger Holstein-Rinder. Insbesondere die Gesundheitsdatenerfassung war in einigen Betrieben lückenhaft. In der konventionellen Tierhaltung ist die Erfassung von Gesundheitsdaten bereits wesentlich besser etabliert, wohingegen in ökologisch wirtschaftenden Betrieben zunächst eine Basis geschaffen werden muss. Für sieben der ökologisch geführten Betriebe lagen bereits umfangreiche und langjährig erfasste Informationen zu Gesundheitsdaten vor.

Die ausgewählten ökologischen Betriebe stammen aus den Bundesländern Niedersachsen, Hessen, Brandenburg und Nordrhein-Westfalen. Die Betriebsgrößen lagen zwischen 40 und 550 Kühen. Daten zum Herdenmanagement und zu den Betriebscharakteristika der ökologischen Betriebe wurden mittels eines eigens konzipierten Fragebogens erhoben (s. **Anhang**). Das Datenmaterial aus den ausgewählten ökologisch wirtschaftenden Betrieben umfasste 7.915 Kühe, davon 6.616 Kühe mit Information über Abgangsdaten.

Als Datengrundlage konventioneller Betriebe dienten Daten von Testherden aus Mecklenburg-Vorpommern und Brandenburg. Insgesamt umfasste dieses Datenmaterial 129.386 Kühe der Rasse Deutsch Holstein. Davon hatten 90.215 Kühe Abgangsinformationen.

Die geografische Verteilung konventioneller und ökologischer Betriebe ist in **Abbildung 2** dargestellt.



**Abbildung 2:** Geografische Verteilung konventioneller (blaue Punkte) und ökologischer Betriebe (rote Punkte)

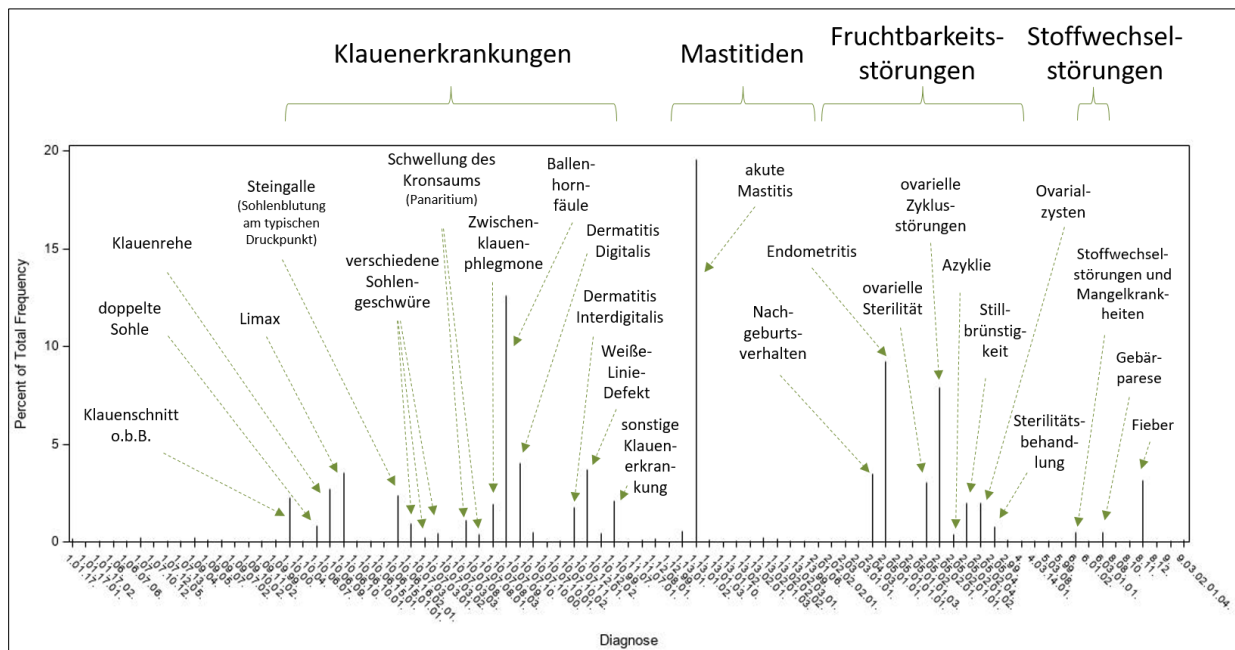
### 3.1.2 Merkmalsdefinitionen

Die Langlebigkeit von Kühen wurde als Länge der produktiven Lebensdauer (LPL) oder als Verbleiberate definiert. Die LPL umfasst den Zeitraum in Tagen von der ersten Kalbung bis zum Abgang des Tieres vom Betrieb. Bei der Verbleiberate wird eine Altersobergrenze festgelegt und das Erreichen oder Nichterreichen dieses Limits definiert.

Der genetische Hintergrund der Langlebigkeit kann im Laufe der Lebenszeit variieren. Nach Heise et al. (2016) teilt sich jede Laktation in drei genetisch unterschiedliche Perioden:

Frühlaktation (vom Abkalben bis zum 59. Laktationstag), mittlere Laktation (vom 60. Laktationstag bis zum 299. Laktationstag) und Spätlaktation (vom 300. Laktationstag bis zur nächsten Kalbung). In der vorliegenden Untersuchung erfolgte die Unterteilung analog zu dieser Definition. Die Frühlaktation wurde als 1. Periode, die mittlere Laktation als 2. Periode und die Spätlaktation als 3. Periode bezeichnet.

Die Gesundheitsdatenerfassung erfolgte für Kühe vom Zeitpunkt des Abkalbens bis zum Abgangsdatum mit Hilfe des Zentralen Tiergesundheitsschlüssels (vit 2018). Eine Verteilung der Diagnosen auf die einzelnen Codierungen ist in **Abbildung 3** dargestellt. Zusätzlich lagen Informationen aus der offiziellen Milchleistungsprüfung (1.-3. Laktation) sowie zu den unterschiedlichen Abgangsursachen vor. Die Abgangsursachen wurden durch den Landwirt dokumentiert.



**Abbildung 3:** Verteilung (Percent of Total Frequency) der Diagnosen über den Zentralen Tiergesundheitsschlüssel (Datensatz von Januar 2019)

Eine vollständige Berücksichtigung aller beim Rind vorkommenden Erkrankungen wäre aufgrund niedriger Inzidenzen in den einzelnen Erkrankungen nur bedingt möglich gewesen. Aus diesem Grund wurden auf Basis der vorliegenden Untersuchungsergebnisse in der AG Tierzucht Gießen 13 Erkrankungen mit der höchsten Inzidenz ausgewählt. Diese wurden in vier übergeordnete Kategorien zusammengefasst. Die Kategorie „Eutererkrankungen“ inkludierte klinische und subklinische Mastitis. Der Kategorie „Klauenerkrankungen“ wurden Sohlengeschwüre, Dermatitis Digitalis, Weiße-Linie-Defekt und Limax zugeordnet. Unter den

Komplex der „Stoffwechselerkrankungen“ fielen die Pansenazidose, Ketose sowie Milchfieber. Endometritis, ovarielle Zyklusstörungen, Ovarialzysten und Corpus luteum persistens wurden unter der Kategorie „Fruchtbarkeitsprobleme“ zusammengefasst.

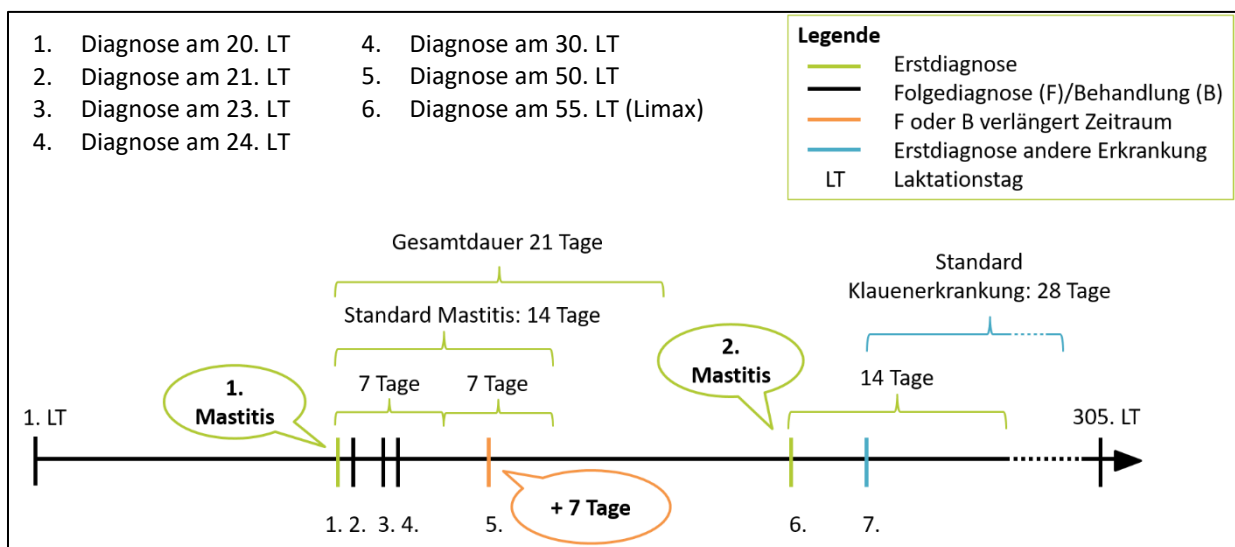
In der AG Tierzucht Halle wurde eine leicht abgeänderte Definition der Gesundheitsmerkmale vorgenommen. Hier wurden die Erkrankungen den vier Oberkategorien „Klauenerkrankungen“, „Fruchtbarkeitsstörungen“, „Euterentzündungen“ und „Stoffwechselstörungen“ zugeordnet. Eine weitere Untergliederung erfolgte hierbei im Bereich der Klauenerkrankungen in eitrig und nicht-eitrig Klauenerkrankungen und im Komplex Fruchtbarkeitsstörungen in Endometritiden (uterine Sterilität) und Zyklusstörungen. Eine detailliertere Definition der Erkrankungen kann der **Tabelle 2** entnommen werden.

**Tabelle 2:** Einteilung verschiedener Erkrankungen nach Erkrankungskomplexen (AG Tierzucht Halle)

Kategorie	Erkrankungen
Reproduktionsstörungen	<ul style="list-style-type: none"><li>• Uterine Sterilität (darunter Endometritis, Pyometra (eitriger Ausfluss))</li><li>• ovarielle Sterilität (darunter ovarielle Zyklusstörungen, Azyklie, Anoestrie, Ovarialzysten, persistierender Gelbkörper)</li></ul>
Euterentzündungen	<ul style="list-style-type: none"><li>• Mastitis – deskriptiv (darunter katarrhalische Mastitis, phlegmonöse Mastitis)</li><li>• ätiologische Mastitis (mit Erregernachweis wie z. B. <i>Staphylococcus aureus</i>, Streptokokken, Hefen, <i>Escherichia coli</i>)</li></ul>
Klauenerkrankungen	<ul style="list-style-type: none"><li>• Verletzungen der Klaue</li><li>• Deformation der Klauen</li><li>• nichteitrig Klauenerkrankungen (darunter hohle Wand, Klauenrehe, doppelte Sohle, Limax, Sohlenblutung, Hornspalt/-riss)</li><li>• eitrig Klauenerkrankungen (darunter Klauengeschwür, Sohlengeschwür, Sohlenspitzen-geschwür, Rusterholz'sches Sohlengeschwür, Panaritium, Dermatitis Digitalis)</li></ul>
Stoffwechselstörungen	<ul style="list-style-type: none"><li>• Erkrankungen von Haube und Pansen (darunter z. B. Pansenazidose und Pansentympanie)</li><li>• Erkrankungen des Labmagens (darunter Labmagengeschwür und Labmagenverlagerung)</li><li>• Störungen des Energie-, Kohlenhydrat- und Fettstoffwechsels (darunter Ketose, Leberkoma, Abmagerung)</li></ul>

Für die Einteilung der Diagnosen in Erst- und Folgediagnosen zur Berücksichtigung der Anzahl an Neuerkrankungen wurde weiterführend die Methode von Kehr et al. (2007) gewählt. Zum besseren Verständnis der Vorgehensweise ist die Methodik in **Abbildung 4** veranschaulicht.

Die Merkmale wurden auf zwei verschiedene Arten definiert. In der binären Merkmalsdefinition erhielten Kühe, die in einer Laktation in einem Erkrankungskomplex erkrankten eine „1“ und gesunde Kühe eine „0“. Die zweite Form betrachtet die Anzahl an Neuerkrankungen innerhalb einer Laktation und innerhalb eines Krankheitskomplexes. Zwei weitere Merkmale betrachten alle Erkrankungen in den vier großen Komplexen. Im Merkmal „Krankheiten gesamt“ werden alle Erkrankungen über eine Laktation aufsummiert. Einer etwas anderen Definition folgt das Merkmal „Anzahl Krankheitskomplexe“. Hier wird aufsummiert, wie häufig die Kühe in den binären Merkmalsdefinitionen für Klauenerkrankungen, Fruchtbarkeitsstörungen, Euterentzündungen und Stoffwechselstörungen eine „1“ hatten. Dieses Merkmal kann also Werte von 0 bis 4 annehmen. Da es nur sehr wenige Kühe gab, die in allen Merkmalen eine 1 hatten, wurde das Merkmal nur bis 3+ dargestellt.



**Abbildung 4:** Einteilung der Diagnosen in Erst- und Folgediagnosen nach Kehr et al. (2007) am Beispiel von Mastitiden

### 3.2 AP II Genotypisierungen

Den Kühen wurde jeweils zu einem Betriebsbesuch eine ausreichende Anzahl an Haaren vorzugsweise aus dem Ohr oder aus der Schwanzquaste entnommen. Die entnommenen Proben wurden umgehend einzeln in Tüten verpackt, mit der Tier-Identifikationsnummer beschriftet und zeitnah weiterverarbeitet. Die DNA-Extraktion und Aufbereitung der Proben erfolgten im eigenen molekulargenetischen Labor der AG Tierzucht Gießen. Anschließend wurde die

extrahierte DNA an die Abteilung Molekularbiologie der Nutztiere und molekulare Diagnostik des Tierärztlichen Instituts der Universität Göttingen für die nachfolgenden Genotypisierungen versandt.

Die Genotypisierung erfolgte für 995 Kühe aus ökologischen Betrieben mittels Illumina BovineSNP50 BeadChip. Aus den Projekten „KuhVision“ und „Herdentypisierung“ konnten für die LongLife-Betriebe Informationen von 297 bereits genotypisierten Tieren von den Vereinigten Informationssystemen Tierhaltung w. V. (vit) bezogen werden (**Tabelle 3**). Diese Tiere wurden mit dem Illumina Bovine Eurogenomics 10K low-density Chip genotypisiert und anschließend auf 50K imputiert.

**Tabelle 3:** Betriebsgrößen der Projektbetriebe und Anteil an Tieren mit Genotyp-Informationen

Betrieb	Anzahl Kühe im Betrieb (alle Rassen)	Anzahl typisierter Tiere aus Projektmitteln	Anzahl Genotyp- Daten (Quelle: vit)
1	142	89	108
2	550	375	1
3	384	227	0
4	400	123	0
5	60	37	28
6	120	28	78
7	80	22	52
8	40	0	30
9	90	94	0
Summe	1.866	995	297

Die Qualitätskontrolle und Filterung der Rohdaten erfolgte in Gießen unter Verwendung der Software PLINK v1.07 (Purcell et al. 2007). SNP-Marker mit einer Minor-Allelfrequenz (MAF) < 0,01, ein erhöhter Anteil fehlender Genotypen 0,1, auf dem X-Chromosom liegende SNP sowie signifikant vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht abweichende SNP ( $p < 1,00e-3$ ) wurden ausgeschlossen. Der finale Datensatz beinhaltete 42.495 SNP-Marker von 1.282 Kühen aus ökologischen Betrieben.



### 3.3 AP III - Identifikation von Merkmalen, die in enger Beziehung zur Langlebigkeit stehen

#### *AG Tierzucht Gießen*

Um den Effekt der Erkrankungen auf die LPL zu analysieren, wurden lineare Modelle mittels Rv3.3.3 (R Core Team 2018) wie folgt definiert:

$$y_{ijklmno} = \mu + \Delta M_i + DIM_j + H_k + J_l + S_m + FCA_n + HS_o + e_{ijklmno} \quad [1]$$

mit  $y_{ijklmno}$  = LPL (in Tagen);  $\mu$  = allgemeiner Mittelwert;  $\Delta M_i$  = Kovariable der Unterschiede zwischen der Milchleistung der Kuh am ersten Testtag und dem Mittelwert innerhalb der Herdengefährten;  $DIM_j$  = Kovariable der Tage zwischen der Milchleistungsprüfung und dem Laktationsbeginn;  $H_k$  = fixer Effekt des Betriebes;  $J_l$  = fixer Effekt des Kalbejahres;  $S_m$  = fixer Effekt der Kalbesaison (Jan.-Apr., Mai-Sep., Okt.-Dez.);  $FCA_n$  = fixer Effekt des Erstkalbealters (20.-23., 24.-26., 27.-29., > 30 Monate);  $HS_o$  = fixer Effekt des Gesundheitsstatus (0 = gesund, 1 = erkrankt);  $e_{ijklmno}$  = zufälliger Restfehler.

Die Effekte der Erkrankungen auf die binär definierte Verbleiberate wurden mit einem generalisierten linearen Modell in Rv3.3.3 (R Core Team 2018) analysiert:

$$\text{logit}(\pi_{ijklmno}) = \log\left(\frac{\pi_{ijklmno}}{1-\pi_{ijklmno}}\right) = \mu + \Delta M_i + DIM_j + H_k + J_l + S_m + FCA_n + HS_o \quad [2]$$

Dabei ist  $\pi_{ijklmno}$  die Wahrscheinlichkeit, dass eine Kuh eine bestimmte Periode überlebt (1 = überlebt, 0 = abgegangen). Die übrigen Effekte entsprechen denen von Modell [1].

Die genetischen Varianz-Kovarianz-Komponenten wurden mit univariaten und bivariaten Tiermodellen für alle Merkmalskombinationen mittels der Methode AI-REML im Programmpaket DMUv6 (Madsen und Jensen 2013) berechnet.

Das genetisch-statistische Modell für das Merkmal LPL wurde wie folgt definiert:

$$y_{ijklmno} = \Delta M_i + DIM_j + H_k + J_l + S_m + FCA_n + AG_o + e_{ijklmno} \quad [3]$$

$AG_o$  ist der zufällige additiv-genetische Effekt. Die übrigen Effekte sind analog zu Modell [1] definiert.

Für die binären Merkmale des Gesundheitsstatus und die Verbleiberate wurde folgendes generalisiertes lineares Modell definiert:

$$\text{logit}(\pi_{ijklmno}) = \log\left(\frac{\pi_{ijklmno}}{1-\pi_{ijklmno}}\right) = \mu + \Delta M_i + DIM_j + H_k + J_l + S_m + FCA_n + AG_o \quad [4]$$

Hier beschreibt  $\pi_{ijklmno}$  die Wahrscheinlichkeit, dass die Kuh in einer bestimmten Periode erkrankt (0 = gesund, 1 = erkrankt) oder dass die Kuh eine bestimmte Periode überlebt (1 = überlebt, 0 = abgegangen).  $AG_o$  beschreibt den zufälligen additiv-genetischen Effekt. Alle übrigen Effekte sind wie in Modell [1] definiert.

Die Heritabilität für das Merkmal LPL wurde mit folgender Formel berechnet:

$$h^2 = \frac{\delta_g}{\delta_g + \delta_{res}}$$

mit  $\delta_g$  = genetische Varianz;  $\delta_{res}$  = Restvarianz.

Die Heritabilität für die Verbleiberate (binär) wurde mit der folgenden Formel berechnet:

$$h^2 = \frac{\delta_g}{\delta_g + \frac{\pi^2}{3}}$$

mit  $\delta_g$  =genetische Varianz.

### ***AG Tierzucht Halle***

Als Analysesoftware dienten SAS 9.4 (SAS Institute Inc., Cary, NC, USA), VCE 6 (Neumaier und Groeneveld 1998) und PEST 4 (Groeneveld 2006). In die Auswertung wurden, je nach Dokumentationsbeginn in den Betrieben, erstlaktierende Kühe der Erstkalbejahre 2015 bis 2018 aufgenommen. Für diesen Zeitraum lag in der überwiegenden Anzahl der Betriebe eine digitalisierte Gesundheitsdatenerfassung vor. Nach der Einteilung der Diagnosen in Erst- und Folgediagnosen nach Kehr et al. (2007) und den notwendigen Editierungsschritten verblieben Gesundheitsinformationen von 781 erstlaktierenden Holsteinkühen. Die Varianzkomponentenschätzung erfolgte unter Berücksichtigung der Verwandtschaftsmatrix mit folgendem linearem gemischtem Modell:

$$y_{ijklm} = \mu + HY_i + EKA_j + \beta LL_k + a_l + e_{ijklm} \quad [5]$$

Für die jeweiligen Gesundheitsmerkmale ( $y_{ijklm}$ ) wurden die fixen Effekte Herde\*Jahr ( $HY_i$ ), Erstkalbealter ( $EKA_j$ ), die Regression der Laktationslänge ( $\beta LL_k$ ) sowie der zufällige Tiereffekt ( $a_l$ ) und der zufällige Resteffekt ( $e_{ijklm}$ ) berücksichtigt. Das gleiche Modell wurde auch für das Zweimerkmalsmodell mit Milchleistung in der 1. Laktation (mindestens 240 Laktationstage) genutzt.

Die Schätzung der Heritabilität erfolgte mit der nachfolgenden Formel:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2} = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}$$

Somit beschreibt die Heritabilität ( $h^2$ ) den Anteil der genetischen Varianz ( $\sigma_a^2$ ) an der Gesamtvarianz bzw. phänotypischen Varianz ( $\sigma_p^2$ ). Die phänotypische Varianz setzt sich aus der genetischen und der Restvarianz ( $\sigma_e^2$ ) zusammen.

### 3.4 AP III - Lebensdaueranalyse mittels Programmpaket Survival-Kit (AG Tierzucht Gießen)

#### *Definition der Modelle*

Die Anzahl zensierter Beobachtungen (Kühe, die am Ende der Datenerfassung noch lebten) betrug 30,27 % des gesamten Datensatzes. Um die Berechnungen durchzuführen, wurde der gesamte Datensatz zufällig in 10 Gruppen aufgeteilt (12.385 bis 13.000 Tiere je Gruppe). Der Einfluss der Erkrankungen auf die LPL wurde für jede einzelne Erkrankung getrennt ausgewertet. Um den Effekt der Erkrankungen auf die LPL zu analysieren, kam das Programmpaket Survival Kit V6.12 (Mészáros et al. 2013) zur Anwendung. Dabei wurde das Weibull-Proportional-Hazard-Modell, das die drei Perioden der Laktation umfasst (M3P), für die 1., 2. und 3. Laktation getrennt wie folgt definiert:

$$\lambda(t) = \lambda_0(t) \exp\{H_i + EKA_j + \Delta M_k + DIM_l + J_m + S_n + GS_o(t'') + G_p\} \quad [6]$$

mit  $\lambda(t)$  = relative Risikorate für den Abgang einer Kuh in der Zeit  $t$ ;  $\lambda_0(t)$  = Weibull Baseline-Hazard-Funktion;  $H_i$  = zeitunabhängiger fixer Effekt der Herde ( $i = 1 - 57$ );  $EKA_j$  = zeitunabhängiger fixer Effekt des Erstkalbealters ( $j = 20.-23., 24.-26., 27.-29., 30.- 42.$  Monat);  $\Delta M_k$  = zeitunabhängige Kovariable der Milchleistung vom ersten Testtag in Relation zum Herdenmittel (jeweils Werte von der 1., 2. oder 3. Laktation entsprechend);  $DIM_l$  = zeitunabhängiger fixer Effekt der Tage in Milch am ersten Testtag (die Werte von der 1, 2 oder 3 Laktation entsprechend);  $J_m$  = zeitunabhängiger fixer Effekt des Kalbejahres ( $m = 2008 - 2017$ , die Werte von der 1., 2. oder 3. Laktation entsprechend);  $S_n$  = zeitunabhängiger fixer Effekt der Kalbesaison ( $n = \text{Jan.-Apr., Mai-Sep., Okt.-Dez}$ , die Werte von der 1., 2. oder 3. Laktation entsprechend);  $GS_o(t'')$  = zeitabhängiger fixer Effekt des Gesundheitsstatus der Kuh innerhalb des definierten Laktationsstadiums (0 = gesund, 1 = erkrankt, ändert sich mit Beginn des neuen Laktationsstadiums am Tag 1, 60 und 300 innerhalb einer Laktation);  $G_p$  = zeitunabhängiger zufälliger Tier-Effekt, für den eine multivariate Normalverteilung angenommen wurde.

Weiter wurde ein Weibull-Proportional-Hazard-Modell, das die drei Perioden innerhalb der drei Laktationen gemeinsam umfasst (M9P), wie folgt definiert:

$$\lambda(t) = \lambda_0(t) \exp\{H_i + EKA_j + \Delta M_k(t') + DIM_l(t') + J_m(t') + S_n(t') + GS_o(t''') + G_p\} \quad [7]$$

mit  $\lambda(t)$  = relative Risikorate für den Abgang einer Kuh in der Zeit  $t$ ;  $\lambda_0(t)$  = Weibull Baseline-Hazard-Funktion;  $\Delta M_k(t')$  = zeitabhängige Kovariable der Milchleistung vom ersten Testtag in Relation zum Herdenmittel (ändert sich mit Beginn der neuen Laktation);  $DIM_l(t')$  = zeitabhängiger fixer Effekt der Tage in Milch am ersten Testtag (ändert sich mit Beginn der neuen Laktation);  $J_m(t')$  = zeitabhängiger fixer Effekt des Kalbejahres ( $m = 2008 - 2017$ , ändert sich mit Beginn der neuen Laktation);  $S_n(t')$  = zeitabhängiger fixer Effekt der Kalbesaison ( $n = \text{Jan.-Apr., Mai-Sep., Okt.-Dez}$ , ändert sich mit Beginn der neuen Laktation);  $GS_o(t''')$  = zeitabhängiger fixer Effekt des Gesundheitsstatus der Kuh innerhalb des definierten Laktationsstadiums (0 = gesund, 1 = erkrankt, ändert sich mit Beginn des neuen Laktationsstadiums am Tag 1, 60 und 300 innerhalb der drei Laktationen). Alle weiteren Effekte sind wie in Modell [6] definiert. Zwei weitere Modelle, M3PoGS und M9PoGS, wurden entsprechend ohne Berücksichtigung des Gesundheitsstatus der Tiere definiert.

Die effektive Heritabilität ( $h^2_{eff}$ ) und die äquivalente ( $h^2_{equ}$ ) Heritabilität für das Merkmal LPL wurde nach Yazdi et al. (2002) wie folgt im Tiermodell berechnet:

$$h^2_{eff} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + 1} \qquad h^2_{equ} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \frac{1}{p}}$$

mit  $\sigma_g^2$  = additive genetische Varianz des Tieres;  $p$  = der Anteil der unzensierten Tiere.

### 3.5 AP IV - Schätzung des Mutterlinieneffektes (AG Tierzucht Halle)

Bei der Schätzung der maternalen Linienvarianz bzw. des Mutterlinieneffektes wird der Teil der genetischen Varianz geschätzt, der ausschließlich von der Mutter an die Nachkommen weitergegeben werden kann. Die Abgrenzung erfolgt über die mitochondriale DNA, da sie auf der Vaterseite bei der Verschmelzung von Eizelle mit Samenzelle verloren geht (Swalve und Wensch-Dorendorf 2016).

Zur Bildung der Mutterlinien wurde die Abstammungs-Datei genutzt. Diese umfasste die Pedigree-Informationen von 54.234 Tieren. 11.863 männliche Tiere entfielen für die Erstellung der ML. Jene Tiere, denen eine Identifikationsnummer der Mutter fehlte, wurden als Gründerkühe einer Linie genutzt (Swalve und Wensch-Dorendorf 2016). Dies betraf 7.616 Kühe.

Sie erhielten als Kennzeichnung (Mutterlinie) ihre eigene Identifikationsnummer. Alle nachfolgenden Generationen wurden den Gründerkühen zugeordnet und erhielten jeweils die Identifikationsnummer der Gründerkuh, auf die sie jeweils zurückgeführt werden konnte.

Die Häufigkeit der Mutterlinien in der Abstammungs-Datei variierte zwischen einer ( $n = 1.727$  Mutterlinien) und 343 Kühen ( $n = 1$  Mutterlinie) in max. 18 Generationen. Durchschnittlich hatte eine Mutterlinie 5,56 Kühe.

Eine Auswertung erfolgte für alle Gesundheitsmerkmale ( $y_{ijklmnopq}$ ) über alle Laktationen mit dem folgenden linear gemischten Modell:

$$y_{ijklmnopq} = H_i + KJ1_j + Rang_k + Lak_l + \beta LL_m + a_n + pe_o + ml_p + e_{ijklmnopq} \quad [8]$$

$H_i$  steht dabei für die Herde ( $i = 1 - 6$ );  $KJ1_j$  für das 1. Kalbejahr ( $j = 2012 - 2019$ );  $Rang_k$  für den Rang der Milchleistung innerhalb Herde und Laktationsgruppe ( $k = 1 - 3$ );  $Lak_l$  ist die Laktationsnummer ( $l = 1 - 8$ );  $\beta LL_m$  steht für die Regression über die Laktationslänge mit dem Regressionskoeffizienten  $\beta$ ;  $a_n$  beschreibt den zufälligen Effekt des Tieres;  $pe_o$  ist der zufällige Effekt der permanenten Umwelt;  $ml_p$  ist der zufällige Effekt der maternalen Linienvarianz und über  $e_{ijklmnopq}$  wird der zufällige Resteffekt berücksichtigt.

Für die Auswertung der Leistungsparameter (Laktationsleistung, energiekorrigierte Laktationsleistung, Fettgehalt und -menge, Eiweißgehalt und -menge) ( $y_{ijklmno}$ ) wurde ein Datensatz ab Kalbejahr ( $KJ_j$ ) 2000 über alle Laktationen verwendet. In diesem frühen Zeitraum ist die Anzahl Herdengenofahrten relativ groß und es können mehr Kühe einer Mutterlinie zugeordnet werden. Es wurden nur Laktationen mit einer Länge von mindestens 270 Tagen berücksichtigt. Die Varianzkomponentenschätzung erfolgte mit dem folgenden linear gemischten Modell:

$$y_{ijklmno} = H_i + KJ_j + Lak_k + a_l + pe_m + ml_n + e_{ijklmno} \quad [9]$$

Für die Auswertung der LPL wurde der Datensatz auf die Erstkalbejahre 1995 bis 2015 eingegrenzt. Ideal wäre eine längere Zeitspanne zum „Altwerden“. Dies hätte das Datenmaterial jedoch wieder deutlich eingrenzt und die Besetzung der Mutterlinien stark reduziert. Eine Auswertung erfolgte für LPL ( $y_{ijklmn}$ ) über alle Laktationen mit dem folgenden linear gemischten Modell:

$$y_{ijklmnopq} = HKJ_i + Rang_j + EKAC_k + a_l + ml_m + e_{ijklmn} \quad [10]$$

$HKJ_i$  beschreibt hier Herde\*Erstkalbejahr und  $EKAC_k$  das Erstkalbealter in sieben Klassen.

Die maternale Linienvarianz  $l^2$  wurde wie folgt geschätzt:

$$l^2 = \frac{\sigma_{ml}^2}{\sigma_p^2} = \frac{\sigma_{ml}^2}{\sigma_{ml}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2}$$

Dabei beschreibt  $\sigma_{ml}^2$  die Mutterlinienvarianz,  $\sigma_p^2$  die phänotypische Varianz,  $\sigma_a^2$  die additiv-genetische Varianz,  $\sigma_{pe}^2$  die Varianz der permanenten Umwelt und  $\sigma_e^2$  die Restvarianz.

### 3.6 AP V und VI – Nachweis von Genotyp-Umwelt-Interaktionen auf Basis quantitativ-genetischer Modelle und SNP-Markerdaten (AG Tierzucht Gießen)

#### *Daten und Definition der Modelle*

Um Genotyp-Umwelt-Interaktionen (GUI) zwischen ökologischen und konventionellen Haltungsumwelten zu berechnen, wurden die Produktionsmerkmale der Tiere (Milchleistung und Fettgehalt in %), LPL sowie ausgewählte Erkrankungen in unterschiedlichen Umwelten als separate Merkmale angesehen. Die Anzahl, Mittelwerte und Standardabweichungen der Produktionsmerkmale und der LPL sind in **Tabelle 4** beschrieben.

**Tabelle 4:** Deskriptive Statistik für die Milchleistung (in kg), den Fettgehalt (in %) und Länge der produktiven Lebensdauer (LPL, in Tagen) in ökologischen und konventionellen Betrieben; Standardabweichung (SD) in Klammern

Merkmale	Ökologische Betriebe	Konventionelle Betriebe
Anzahl Betriebe	9	57
Anzahl Kühe	7.915	129.386
Mittelwert (SD) für Milchleistung, kg	7.070,28 (1.773,53)	8.810,25 (1.616,03)
Mittelwert (SD) für Fettgehalt, %	3,90 (0,48)	3,90 (0,47)
Beobachtungen für LPL	6.616	90.215
Mittelwert (SD) für LPL, Tage	1.342,51 (809,07)	1.179,01 (626,85)

Die Inzidenz einzelner Reproduktionserkrankungen war in den ökologischen Betrieben sehr niedrig. Daher wurden mehrere Krankheiten zu übergeordneten Kategorien zusammengefasst. Unter die Kategorie „Ovarielle Störungen“ fallen unter anderem ovarielle Zyklusstörungen, Ovarialzysten und persistierende Gelbkörper (Corpus luteum persistens). Aus den Klauenerkrankungen wurde Dermatitis Digitalis als Krankheit mit der höchsten Inzidenz ausgewählt. Die Inzidenzen der drei Erkrankungskomplexe sind für alle Kühe und für die genotypisierten Kühen in **Tabelle 5** dargestellt. Andere Erkrankungskomplexe wie z. B. „Uterine

Störungen“ (Endometritis, Nachgeburtsverhaltung) oder „nichteitriges Klauenerkrankungen“ hatten niedrigere Inzidenzen in den ökologischen Betrieben im Vergleich zu konventionellen Betrieben und wurden daher nicht berücksichtigt.

**Tabelle 5:** Inzidenz (%) verschiedener Erkrankungskomplexe erstlaktierender Deutsch Holstein Kühe für den Gesamtdatensatz und für die genotypisierten Kühe in ökologischen und konventionellen Betrieben

Erkrankung <sup>1</sup>	Gesamtdatensatz		Genotypisierte Kühe	
	Ökologisch	Konventionell	Ökologisch	Konventionell
MAST	9,58	23,15	14,10	23,86
OS	28,81	28,19	33,93	27,54
DD	8,51	12,84	25,03	15,41

<sup>1</sup>MAST = Mastitis; OS = Ovarielle Störungen; DD = Dermatitis Digitalis

Genetische Korrelationen als Nachweise für etwaige GUI und Heritabilitäten für die Milchleistung und den Fettgehalt wurden auf Basis der Pedigree-Informationen im Programmpaket DMUv6 (Madsen und Jensen 2013) geschätzt und wie folgt definiert:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} \quad [11]$$

mit  $y_i$  = Vektor mit Merkmalsausprägungen in der  $i$ -ten Haltungsumwelt (mit  $i = 1$  für ökologische Betriebe und  $i = 2$  für konventionelle Betriebe);  $\beta_i$  = Vektor der fixen Effekte mit Herde, Kalbejahr, Kalbesaison (Jan.-Apr., Mai-Sep., Okt.-Dez.), Erstkalbealter (20.-23., 24.-26., 27.-29., > 30. Monat) und Kovariable der Tage in Milch;  $a_i$  = Vektor der additiv-genetischen Effekte in der  $i$ -ten Haltungsumwelt; und  $e_i$  = Vektor der Residuen. Die Matrizen  $X_i$  und  $Z_i$  sind Matrizen, die  $\beta_i$  und  $a_i$ , mit  $y_i$  verbinden. Vektor  $a_i \sim ND(0; \mathbf{K} \otimes \mathbf{G}_0)$ , wo  $\mathbf{K}$  die Matrix der additiv-genetischen Beziehungen  $\mathbf{A}$  oder  $\mathbf{G}$  ist,  $\mathbf{G}_0$  ist die Matrix mit Varianz-Kovarianzen des Merkmals in zwei unterschiedlichen Haltungsumwelten, und  $\otimes$  ist das Kronecker-Produkt. Vektor  $e_i \sim ND(0; \mathbf{I} \sigma_e^2)$ , wobei  $\mathbf{I}$  die Identitätsmatrix und  $\sigma_e^2$  die Restvarianz ist.

Für die LPL und die Gesundheitsmerkmale wurde das gleiche Modell genutzt, jedoch mit dem Unterschied, dass in Vektor  $\beta_i$  statt der Kovariable „Tage in Milch“ die Kovariable der Milchleistung vom ersten Testtag in Relation zum Herdenmittel und die Kovariable der Tage in Milch am ersten Testtag genutzt wurde.

### 3.7 AP VII und VIII – Weiterentwicklung von deterministischer und stochastischer Zuchtplanungssoftware (AG Tierzucht Gießen)

Unter Verwendung des Simulationsprogrammes QMSim (Sargolzaei und Schenkel 2009) wurde eine Population von 150.000 Milchkühen über 20 Generationen simuliert. Die Remontierungsraten betragen 50 % für Besamungsbullen und 25 % für die Kühe. Als Selektionskriterium dienten die Zuchtwerte sowohl für die männlichen als auch für die weiblichen Tiere. Innerhalb der selektierten Tiere wurde eine zufällige Paarung angenommen. Um gezielt verschiedene Szenarien für die ökologische Zucht zu evaluieren, wurde der Simulationsprozess mittels eigener Programmierung optimiert. Die genomischen Zuchtwerte der Tiere wurden nach der von Wensch-Dorendorf et al. (2011) beschriebenen Methodik (Modell [12]) simuliert:

$$\text{GEBV}_i = ((1-r_{mg}^2)^{1/2} \text{RND} + r_{mg} \cdot \text{TBV}_i / \text{sd}(\text{TBV}_t)) \text{sd}(\text{TBV}_t) \quad [12]$$

mit  $\text{GEBV}_i$  = genomischer Zuchtwert des Tieres  $i$ ;  $r_{mg}$  = Genauigkeit der genomischen Zuchtwerte im Bereich von 0,5 bis 1,0;  $\text{TBV}_i$  = wahrer Zuchtwert des Tieres  $i$ ;  $\text{sd}(\text{TBV}_t)$  = Standardabweichung SD des wahren Zuchtwertes in Generation  $t$ ;  $\text{RND}$  = zufällige variable Stichprobe aus  $N(0, 1)$ .

Modell [12] wurde zudem verwendet, um GUI unter Schätzung genetischer Korrelationen ( $r_g$ ) für gleiche Merkmale in den verschiedenen Haltungsumwelten „konventionell“ vs. „ökologisch“ nachzuweisen. Für Bullen, welche für konventionelle Haltungsumwelten selektiert aber später in ökologischen Haltungsumwelten eingesetzt wurden, wurden die wahren Zuchtwerte modifiziert (mTBV), indem genetische Korrelationen zwischen 0,5 und 1,0 angenommen wurden. Änderungen der wahren Zuchtwerte reflektieren den physiologischen Hintergrund von GUI, d.h. die unterschiedliche Merkmalsausprägung aufgrund verschiedener Umwelteinflüsse. Die modifizierten Zuchtwerte wurden mit dem folgenden Modell [13] und unter Einbezug der gleichen Effekte wie in Modell [12] kalkuliert:

$$\text{mTBV}_i = ((1-r_g^2)^{1/2} \text{RND} + r_g \cdot \text{TBV}_i / \text{sd}(\text{TBV}_t)) \text{sd}(\text{TBV}_t) \quad [13]$$

Die wahren Zuchtwerte für die Nachkommen der Bullen (pTBV) in Populationen aus ökologischen Haltungsumwelten wurden mit dem folgenden Modell [14] kalkuliert:

$$\text{pTBV}_i = 0.5 (\text{TBV}_s + \text{TBV}_d) + \sqrt{0.5 - 0.25 (F_s + F_d)} \sigma_a \cdot \text{RND} \quad [14]$$



mit  $pTBV_i$  = wahrer Zuchtwert des Nachkommen  $i$  in der ökologischen Population;  $TBV_s$  = wahrer Zuchtwert des Bullen  $s$  (direkt für die ökologische Haltung selektiert) oder modifizierter wahrer Zuchtwert (falls für die konventionelle Haltung selektiert) von Nachkomme  $i$ ;  $TBV_d$  = wahrer Zuchtwert der Mutter  $d$  von Nachkomme  $i$ ;  $F_s$  und  $F_d$  = Inzuchtkoeffizienten des Bullen und der Mutter von Nachkomme  $i$ ;  $\sigma_a$  = Standardabweichung der additiv-genetischen Varianz des Zielmerkmals;  $RND$  = zufällige variable Stichprobe aus  $N(0, 1)$ .

Die Simulation wurde für ein niedrig erbliches Merkmal ( $h^2 = 0,05$ ) und für ein moderat erbliches Merkmal ( $h^2 = 0,3$ ) durchgeführt. Das Vorgehen der Simulation und der Bildung verschiedener Szenarien für die Zuchtplanung ist in

**Abbildung 5** dargestellt.

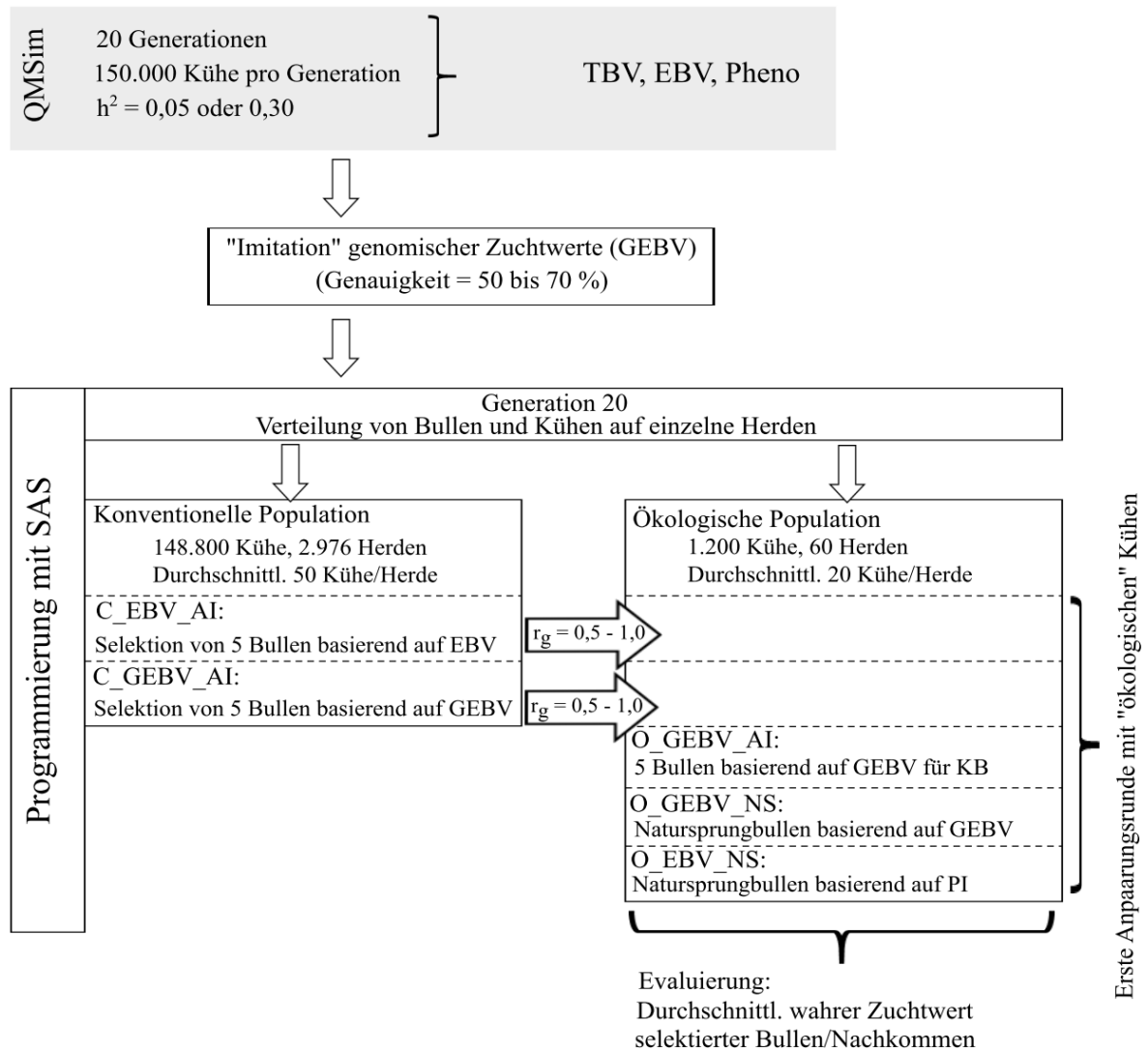
### *Szenarien für die Zuchtplanung*

Um den Einfluss genotypisierter Besamungsbullen auf den Zuchtfortschritt und Inzuchtkoeffizienten in ökologischen Zuchtprogrammen mittels verschiedener Szenarien zu untersuchen, wurden Kühe und Bullen einzelnen Herden zugeordnet. Dafür wurde in einem ersten Schritt eine konventionelle Population mit 148.800 Kühen aus 2.976 Herden und einer durchschnittlichen Herdengröße von 50 Tieren simuliert. Zusätzlich wurde eine ökologische Population von 1.200 Kühen in 60 ökologischen oder „low input“ Herden mit einer durchschnittlichen Herdengröße von 20 Kühen pro Herde simuliert, welche charakteristisch die Herdenstrukturen schweizerischer Braunvieh-Populationen widerspiegelte (Yin et al. 2012). Die unterschiedlichen Selektionsszenarien sind in **Tabelle 6** dargestellt. Insgesamt wurden fünf verschiedene Zuchtstrategien definiert, um gezielt Bullen für die ökologische Haltung selektieren zu können. Alle Zuchtstrategien folgten dem von Oltenacu und Young (1974) definierten Jungbullenzuchtprogramm, welches einen Vergleich verschiedener Szenarien für identische Generationsintervalle impliziert. Die ausgewählten Zuchtszenarien reflektierten die Anforderungen in ökologischen Produktionssystemen bzw. kleinen, ökologischen Populationen. Szenario  $O_*$  implizierte die direkte Selektion junger Bullen in ökologisch geführten Herden mit kleiner Herdengröße. Szenario  $C_*$  unterstellte die Selektion von Bullen für die konventionelle Nachkommenprüfung oder für genomische Zuchtprogramme. Bei der Selektion von Bullen konventioneller Zuchtprogramme für die Nutzung in ökologischen Haltungsumwelten stellt sich insbesondere die Frage nach dem Vorliegen von GUI. Der Einsatz von Reproduktionsbiotechnologien stellt insbesondere für ökologische Betriebe ein Problem dar, ebenso die Präferenz dieser Züchter Natursprungbullen anstelle von Besamungsbullen

einzusetzen. Daher wurden Szenario \*\_NS für den Einsatz von Natursprungbullen und Szenario \*\_AI für den Einsatz von Besamungsbullen simuliert.

Weiterhin wurde die Nutzung von genomischen Daten für die Selektion in ökologischen Zuchtprogrammen modelliert. Dafür wurde Szenario \*\_EBV\_\* für die Selektion von Jungbullen basierend auf konventionellen Zuchtwerten und Szenario \*\_GEBV\_\* basierend auf genomischen Zuchtwerten simuliert.

Die ersten beiden Szenarien C\_EBV\_AI und C\_GEBV\_AI beinhalteten fünf Jungbullen aus den 2.976 konventionellen Herden. Pedigree-Zuchtwerte und genomische Zuchtwerte dienten als Selektionskriterien, anschließend wurden die selektierten Bullen für die künstliche Besamung in den Ökopopulationen verwendet. Bei den selektierten Bullen in Szenario C\_EBV\_AI handelte es sich um Söhne besonders guter Testbullen mit 500 Töchtern je Bulle. Da zum Zeitpunkt der Selektion noch keine Töchterinformation vorlag, diente der Pedigree-Index als Zuchtwert der Bullen. Für Szenario C\_EBV\_AI und C\_GEBV\_AI wurden GUI ermittelt, indem genetische Korrelationen zwischen den beiden Haltungssystemen geschätzt wurden. In den letzten drei Szenarien (O\_GEBV\_AI, O\_GEBV\_NS, O\_EBV\_NS) wurden die Bullen direkt für kleine, ökologische Populationen selektiert, jedoch ohne Berücksichtigung von GUI ( $r_g = 1$ ). In Szenario O\_GEBV\_AI wurden fünf Bullen für die künstliche Besamung in der gesamten Ökopopulation basierend auf ihren genomischen Zuchtwerten ausgewählt. In Szenario O\_GEBV\_NS und O\_EBV\_NS dienten GEBV und EBV als Selektionskriterien für die natürliche Besamung. Die fünf Besamungsbullen wurden mit gleicher Frequenz in den Ökobetrieben eingesetzt, wohingegen die Natursprungbullen nur mit Kühen der gleichen Herde gepaart wurden. Anpaarungen zwischen eng verwandten Tieren wurden ausgeschlossen, womit zwei Natursprungbullen pro Herde angenommen wurden. Weiterhin wurde Szenario O\_GEBV\_NS mit einem identischen Szenario unter Einbezug genomischer Zuchtwerte verglichen, jedoch ohne besondere Einschränkungen für die Anpaarungen (O\_GEBV\_NS\_II). Kriterien zur Evaluierung waren dabei die wahren Zuchtwerte der selektierten Bullen (wenn der Bulle direkt für die ökologische Haltungsumwelt selektiert wurden), mTBV (wenn der Bulle in der konventionellen Haltungsumwelt selektiert wurde), und der durchschnittliche pTBV der Nachkommen in der nächsten Generation. Zusätzlich zu den wahren Zuchtwerten wurden die Inzuchtkoeffizienten der Bullen und ihrer Nachkommen unter Verwendung der Software „Pedigreemm“ überprüft (Bates und Vazquez 2009).



**Abbildung 5:** Ablaufschema der Simulationsstudie für die Zuchtplanung

**Tabelle 6:** Charakteristika der fünf simulierten Zuchtszenarien

Szenario	Selektion von Bullen <sup>1</sup> für konventionelle Populationen		Selektion von Bullen für die ökologische Population		
	C_EBV_AI	C_GEBV_AI	O_GEBV_AI	O_GEBV_NS	O_EBV_NS
Anzahl Bullen	5	5	5	120	120
Art der Besamung	KB <sup>2</sup>	KB	KB	NS <sup>3</sup>	NS
Selektionskriterium	EBV <sup>4</sup>	GEBV <sup>5</sup>	GEBV	GEBV	EBV
Herkunft der Bullen	Konventionell	Konventionell	Ökologisch	Ökologisch	Ökologisch
r <sub>g6</sub>	0,5 – 0,1	0,5 – 1,0	1,0	1,0	1,0
Genauigkeit GEBV	x	0,5 – 1,0	0.5 - 1.0	0,5 – 1,0	x

<sup>1</sup>Alle Bullen wurden für die Nutzung in ökologischen Populationen selektiert; <sup>2</sup>KB = künstliche Besamung; <sup>3</sup>NS = Natursprung; <sup>4</sup>EBV = konventioneller Zuchtwert; <sup>5</sup>GEBV = genomischer Zuchtwert; <sup>6</sup>r<sub>g</sub> = Genetische Korrelation des gleichen Merkmals zwischen den Haltungsumwelten „ökologisch“ und „konventionell“, Indikator für GUI; x: Für dieses Szenario ist keine Genauigkeit genomischer Zuchtwerte verfügbar (basiert auf konventionellen Zuchtwerten); C\_EBV\_AI = Szenario fünf Jungbullen aus konventioneller Herde, Pedigree-Zuchtwerte als Selektionskriterium, Einsatz für die künstliche Besamung; C\_GEBV\_AI = Szenario fünf Jungbullen aus konventioneller Herde, genomische Zuchtwerte als Selektionskriterium, Einsatz für die künstliche Besamung; O\_GEBV\_AI = Szenario für die Auswahl von fünf Bullen für die künstliche Besamung in der gesamten Ökopopulation basierend auf ihren genomischen Zuchtwerten; O\_GEBV\_NS = Szenario mit Natursprungbullen für ökologische Populationen, genomische Zuchtwerte als Selektionskriterium; O\_EBV\_NS = Szenario mit Natursprungbullen für ökologische Populationen, Pedigree-Zuchtwerte als Selektionskriterium

### 3.8 AP IX – Entwicklung eines Gesamtzuchtwertes für Langlebigkeit (RZ-LongLife) (AG Tierzucht Halle)

In diesem Arbeitspaket wurde eine deterministische Zuchtplanungsrechnung durchgeführt. Dabei wurden die Prinzipien der Methode des Selektionsindex angewendet. Ein Selektionsindex wird grundsätzlich durch den zu schätzenden Gesamtzuchtwert

$$T = a_1 g_1 + a_2 g_2 + a_3 g_3 + \dots + a_m g_m$$

definiert, wobei  $a_i$  die ökonomischen Gewichte der Merkmale im Gesamtzuchtwert (Zuchtziel) bezeichnen und  $g_i$  die unbekanntes wahren Zuchtwerte der Zuchtzielmerkmale sind. Es gilt, den Gesamtzuchtwert  $T$  durch einen Index  $I$  in der Weise zu schätzen, dass die Korrelation zwischen  $T$  und  $I$  maximiert wird.

Der Index  $I$  ist definiert als

$$I = b_1 x_1 + b_2 x_2 + b_3 x_3 + \dots + b_n x_n$$

wobei  $b_i$  die gesuchten Indexgewichte darstellen und  $x_i$  die phänotypischen Leistungsformationen in den einzelnen  $n$  Indexmerkmalen sind.

Lösungen für die Indexgewichte  $b_i$  ergeben sich nach Aufstellung des folgenden Gleichungssystems (Indexnormalgleichungen):

$$P b = G a$$

Hierbei sind:

$P$  = Varianz/Kovarianzmatrix der phänotypischen Informationsmerkmale ( $n \times n$ )

$b$  = Vektor der Lösungen der Indexgewichte

$G$  = Varianz/Kovarianzmatrix der Indexmerkmale  $\times$  Merkmale im Gesamtzuchtwert  $T$  ( $n \times m$ )

$a$  = Vektor der ökonomischen Gewichte der Merkmale im Gesamtzuchtwert  $T$  (Grenznutzen in €)

Die Lösung nach  $b$  erfolgt über:

$$b = P^{-1} G a$$

Die Standardabweichung des Gesamtzuchtwertes ergibt sich nach

$$\sigma_T = \sqrt{a' C a}$$

wobei  $C$  = Genetische Varianz/Kovarianzmatrix zwischen den  $m$  Merkmalen im Gesamtzuchtwert darstellt. Dieser Wert hat ökonomische Einheiten (also €), die sich daraus ergeben, dass für jedes Merkmal im Gesamtzucht der jeweilige Grenznutzen in € je Merkmalseinheit in die Kalkulation eingeht. Die Standardabweichung  $\sigma_T$  kann deshalb als das ökonomische „Potential“ des Gesamtzuchtwertes interpretiert werden; es gilt, einen Gesamtzuchtwert zu finden, der dieses Potential maximiert.

Die Standardabweichung des Index  $\sigma_I$  ist gegeben als

$$\sigma_I = \sqrt{b' P b}$$

Der Quotient  $\sigma_I / \sigma_T$  stellt letztendlich die Genauigkeit des Selektionsindex ( $r_{TI}$ ) dar. Die Genauigkeit des Selektionsindex ist einerseits von den verwendeten (vorher an der Population zu schätzenden!) genetischen Parametern abhängig, andererseits kann sie aber auch durch z.B. wiederholte Messungen bzw. Messungen an verwandten Tieren gesteigert werden. Hierauf soll an dieser Stelle nicht weiter eingegangen werden.

Für die Auswahl des Zuchtzieles (= Gesamtzuchtwert) ist die Varianz bzw. Standardabweichung des Gesamtzuchtwertes,  $\sigma_T$ , die wichtigere Größe. Eine Definition für ein Zuchtziel beginnt grundsätzlich immer damit, indem eine Liste der wünschenswerten zu verbessernden Merkmale erstellt wird. Für diese Merkmale sollten dann ökonomische Gewichte (Grenznutzen in € je Merkmalseinheit) bekannt sein bzw. abgeleitet werden. Eine „Liste der wünschenswerten Merkmale“ kann lang ausfallen. Daher stellt sich die Frage, wie eine solche Liste sinnvoll und wissenschaftlich begründet reduziert werden kann. Hierfür stehen entsprechende Methoden zur Verfügung. Exemplarisch soll das Vorgehen an folgender Liste demonstriert werden (**Tabelle 7**). Die aufgeführten Merkmale ergaben sich dabei aus Gesprächen mit den Züchtern und Betriebsleitern der ökologisch wirtschaftenden Milchviehbetriebe des Projektes.

**Tabelle 7:** Liste möglicher Merkmale für einen Gesamtzuchtwert für ökologisch wirtschaftende Betriebe mit ökonomischen Gewichten

Nr.	Name des Merkmals	Kürzel	Ökonomisches Gewicht (€ je Einheit)
1	Länge der produktiven Lebensdauer (Tage)	LPL	1,00
2	Mastitisereignis je Laktation (0/1)	MAST	183,14
3	Klauenerkrankung je Laktation (0/1)	KLAUE	87,60
4	Stoffwechselstörung je Laktation (0/1)	SW	158,10
5	Fruchtbarkeitsstörung je Laktation (0/1)	FRU	42,95
6	Eiweißmenge je Laktation (kg)	EKG	4,10
7	Fundamentnote (Punkte)	FUND	10,00
8	Euternote (Punkte)	EUTER	10,00
9	Kalbeverlauf maternal (4-Punkte Skala)	KVMAT	6,74

Als ökonomische Gewichte wurden für die Merkmale 1 bis 6 und neun aktuelle vom VIT (Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.) für die Entwicklung des geplanten Index RZ€ verwendeten Gewichte eingesetzt (vit 2020, Pers. Mitteilung). Die Besonderheit der hier vorliegenden Liste ist die Berücksichtigung des Exterieurs durch die Merkmale 7 und 8. Ein direkter ökonomischer Gewinn lässt sich durch Exterieur-Merkmale nur dann erzielen, wenn beispielsweise Zuchttiere über die Auktion verkauft werden oder eine anderweitige Inspektion durch potentielle Käufer stattfindet. Trotz dieser Tatsache wurden die Merkmale 7 und 8 allerdings in die Liste aufgenommen. Ein weiterer Grund hierfür war auch, dass beide Merkmale durch die genetischen Korrelationen zur „Vernetzung“ der übrigen Merkmale beitragen. Weiter wurden alle nachfolgenden Berechnungen so durchgeführt, dass als Indexmerkmale dieselben Merkmale wie diejenigen im Gesamtzuchtwert eingebunden wurden.

Zur Ableitung approximativer ökonomischer Gewichte für Fundament- und Euternote wurde folgende Überlegung verwendet:

- Mehrerlös für ein Zuchttier mit einer Note von + 10 Punkten gegenüber einem Standardtier: 1000,00 €; je Punkt also 100 €
- Realisierung dieses Mehrertrages in 10 % der Fälle (bei Zuchttierverkauf), mithin ergeben sich 10 € je Punkt

Es stellt sich nun die Frage, wie viele Varianten für den Gesamtzuchtwert bei einer Liste von 9 möglichen Merkmalen denkbar sind, beispielsweise sind dies

- Neun Gesamtzuchtwerte mit je einem Merkmal
- Ein Gesamtzuchtwert mit allen neun Merkmalen
- Neun Gesamtzuchtwerte mit je acht Merkmalen
- 36 Gesamtzuchtwerte mit je zwei Merkmalen
- usw.

Die Anzahl der möglichen Kombinationen bei m möglichen Merkmalen ergibt sich für jede Kombination von k Merkmalen nach

$$\text{Anzahl Kombinationen der Größe } k = m! / (k! (m - k)!)$$

Für jedes k ergibt sich damit die Zahl der möglichen Kombinationen. Für neun Merkmale und k = 1, ... 9 ergeben sich insgesamt 511 mögliche Kombinationen. Mithilfe eines selbst entwickelten Computerprogramms wurden für alle 511 Kombinationen jeweils die Indexnormalgleichungen aufgestellt und die resultierende Standardabweichung des reduzierten Gesamtzuchtwertes,  $\sigma_T'$ , berechnet.

Nach der Methode von Niebel et al. (1972) wurde bei der jeweiligen Streichung von Merkmalen zur Reduktion des Gesamtzuchtwertes die ökonomischen Gewichte für die verbliebenen Merkmale jeweils neu berechnet:

$$C_{Red} a_{Red} = C^* a$$

und

$$a_{Red} = C_{Red}^{-1} C^* a$$

wobei

$C_{Red}$  = genetische Varianz/Kovarianzmatrix der verbleibenden Merkmale im Gesamtzuchtwert,

$a_{red}$  = zu errechnende ökonomische Gewichte für die Merkmale des reduzierten Gesamtzuchtwertes

$C^*$  = Matrix der genetischen Kovarianzen zwischen reduziertem und ursprünglichen (neun Merkmale) Gesamtzuchtwert, Dimension  $m_{Red} \times m$ .

Durch die beiden obigen Formeln wird das ökonomische Gewicht jeweils gestrichener Merkmale mithilfe existierender genetischer Korrelationen gewissermaßen auf die verbleibenden Merkmale „übertragen“.

Die Standardabweichung des reduzierten Gesamtzuchtwertes,  $\sigma_{T'}$ , ergibt sich dann als

$$\sigma_{T'} = \sqrt{a'_{Red} C_{Red} a_{Red}}$$

und kann zur Standardabweichung des ursprünglichen, neun Merkmale umfassenden Gesamtzuchtwertes, in Beziehung gesetzt werden:

$$r_{T'T} = \frac{\sigma_{T'}}{\sigma_T}$$

Die Größe  $r_{T'T}$  kann als „Korrelation zwischen ursprünglichem und reduziertem Gesamtzuchtwert“ bzw. vereinfacht auch als „Ökonomisches Potential des reduzierten Gesamtzuchtwertes in % des ursprünglichen Gesamtzuchtwertes“ interpretiert werden. Wenn alle möglichen Kombinationen gerechnet werden, lässt sich anschließend eine Betrachtung der Merkmale hinsichtlich ihrer ökonomischen Bedeutung anstellen und man kann vergleichen, wieviel ökonomisches Potential man eigentlich durch die Streichung von Merkmalen verliert bzw. welche Merkmale im Gesamtzuchtwert wirklich wichtig sind. Die Methode sollte aber nicht als alleiniges Entscheidungstool herangezogen werden, wenn beispielsweise ohnehin eine Exterieurbeurteilung durchgeführt wird und Fundament und Euter als wichtig erachtet werden, macht es wenig Sinn, eines der beiden Merkmale zu streichen. Dasselbe gilt für die Gesundheitsmerkmale MAST, SW, KLAUE und FRU. Die Methode macht aber deutlich, inwieweit beispielsweise eine Zucht auf Langlebigkeit (LPL) durch eine Zucht auf Gesundheit „ersetzt“ werden kann.



## 4. Ausführliche Darstellung und Diskussion der wichtigsten Ergebnisse

### 4.1 AP I - Auswertung der Fragebögen (AG Tierzucht Halle)

Vollständig ausgefüllte Fragebögen lagen für alle neun Betriebe vor. Bei der Beantwortung der Fragebögen wurden Mehrfachantworten zugelassen, sodass die Summe der Antworten nicht immer der Zahl neun entspricht.

#### *Haltung*

**Abbildung 6** zeigt die Antworten der Betriebe auf Angaben zur Haltung der Kühe und Rinder. Die Angaben zur Betriebsgröße reichten von 40 bis 550 Kühen. Insgesamt überwog der Anteil kleinerer Betriebe. Das Alter der Kuhställe variierte stark. Die Aufzucht der Rinder fand in der Regel im jeweiligen Betrieb statt. Die dominierenden Aufstallungsformen bei den Rindern und Kühen waren Liegeboxen-Laufställe (sowohl Hochboxen als auch Tiefboxen bei den Kühen) und Tieflaufställe mit Einstreu von Gärresten/separierter Gülle, Kalk-Stroh-Gemischen oder Stroheinstreu (**Abbildung 7**). Die Art der Laufflächen war unterschiedlich gestaltet, aber in fast allen Fällen mit einem Entmistungssystem oder Spaltenboden ausgestattet. Am Futtertisch waren vorwiegend Fangfressgitter oder einfache Nackenriegel installiert.

Ivemeyer et al. (2018) untersuchten 204 deutsche, ökologisch wirtschaftende Betriebe anhand der Gestaltung der Haltungsumwelten für ihre Milchviehherden und des Betriebsmanagements. Die Autoren fanden für eine Herdengröße von 36 bis 70 Kühen bei niedriger bis mittlerer Herdenleistung unterschiedliche Laufstallformen. In Süddeutschland hatten Herden dieser Größe bei mittlerer Herdenleistung ebenfalls häufig Boxenlaufställe. In großen Herden (> 70 Kühe) erzielten die Kühe Laktationsleistungen über 7000 kg Milch und wurden in Boxenlaufställen gehalten (Ivemeyer et al. 2018). Rahmann et al. (2004) fanden in Befragungen von 66 ökologisch wirtschaftenden Betrieben heraus, dass noch ein Drittel der Betriebe auf eine Anbindehaltung zurückgriff und der andere Teil den Kühen eine Form der Laufstallhaltung bot.

In unserer Studie stand allen Rindern mindestens im Sommer eine Auslaufmöglichkeit in Form einer Weide oder eines Auslaufes zur Verfügung. Die melkenden Kühe wurden in acht der Projektbetriebe stundenweise oder ganztägig auf die Weide getrieben. In Betrieben mit einem automatischen Melksystem war der Weidegang an das Melkanrecht der Kuh gekoppelt.

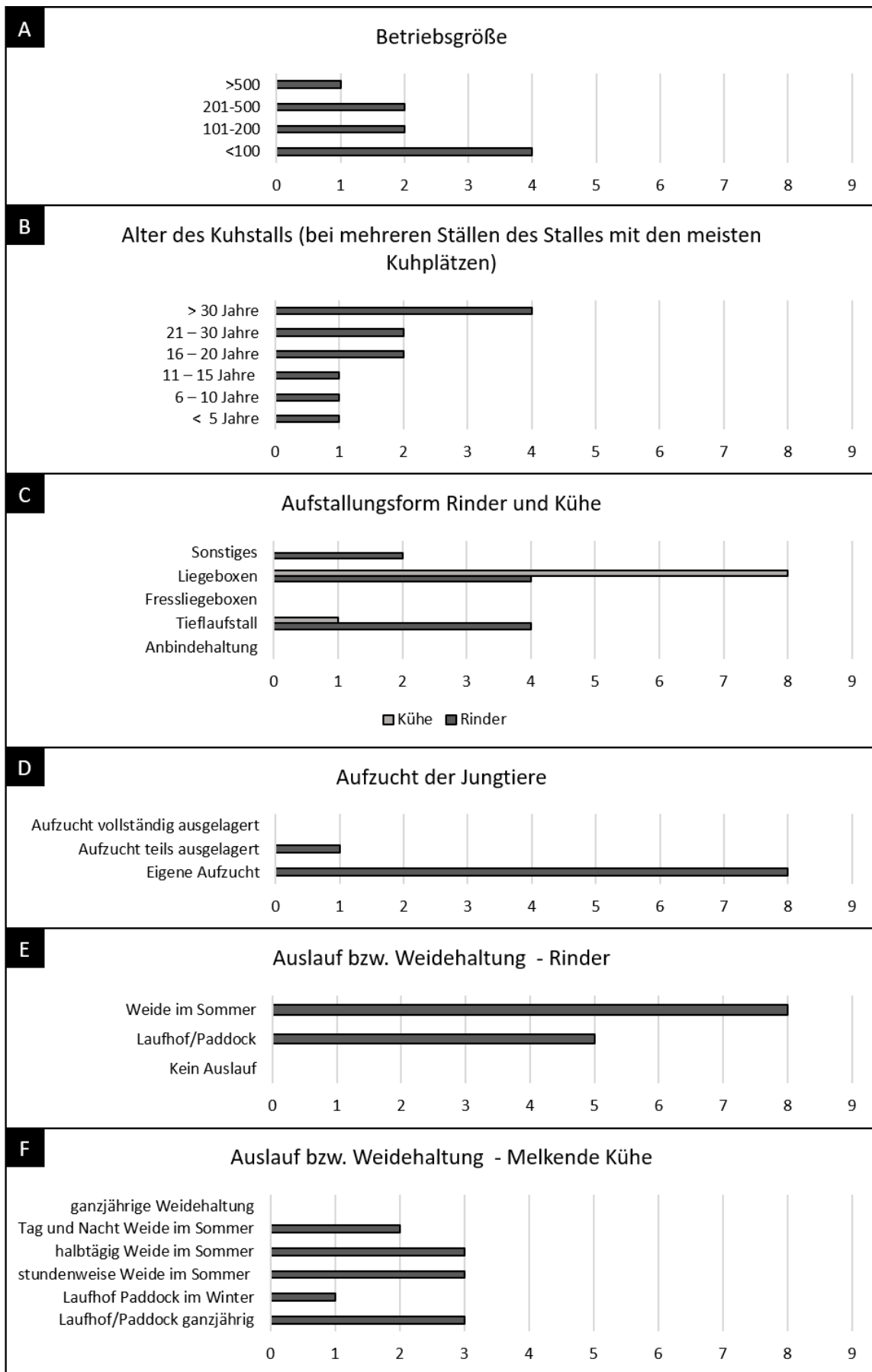


Abbildung 6: Angaben der Projektbetriebe zur Haltung und Aufzucht der Rinder und Kühe

Bei der Erhebung von Rahmann et al. (2004) ermöglichten 79 % der Betriebe Weidegang und 63 % der Betriebe hatten entweder stattdessen oder zusätzlich einen befestigten Auslauf für die Kühe. Auch in anderen Studien ermöglichten nicht alle Betriebe den Kühen einen Weidegang im Sommer (Barth et al. 2011; Hörning et al. 2004; Ivmeyer et al. 2018). Während in unserer Studie der Anteil an Kühen mit einem Auslauf insbesondere im Winter bei unter 50 % lag, war der Anteil in anderen Studien teils deutlich höher (Barth et al. 2011; Hörning et al. 2004; Ivmeyer et al. 2018).

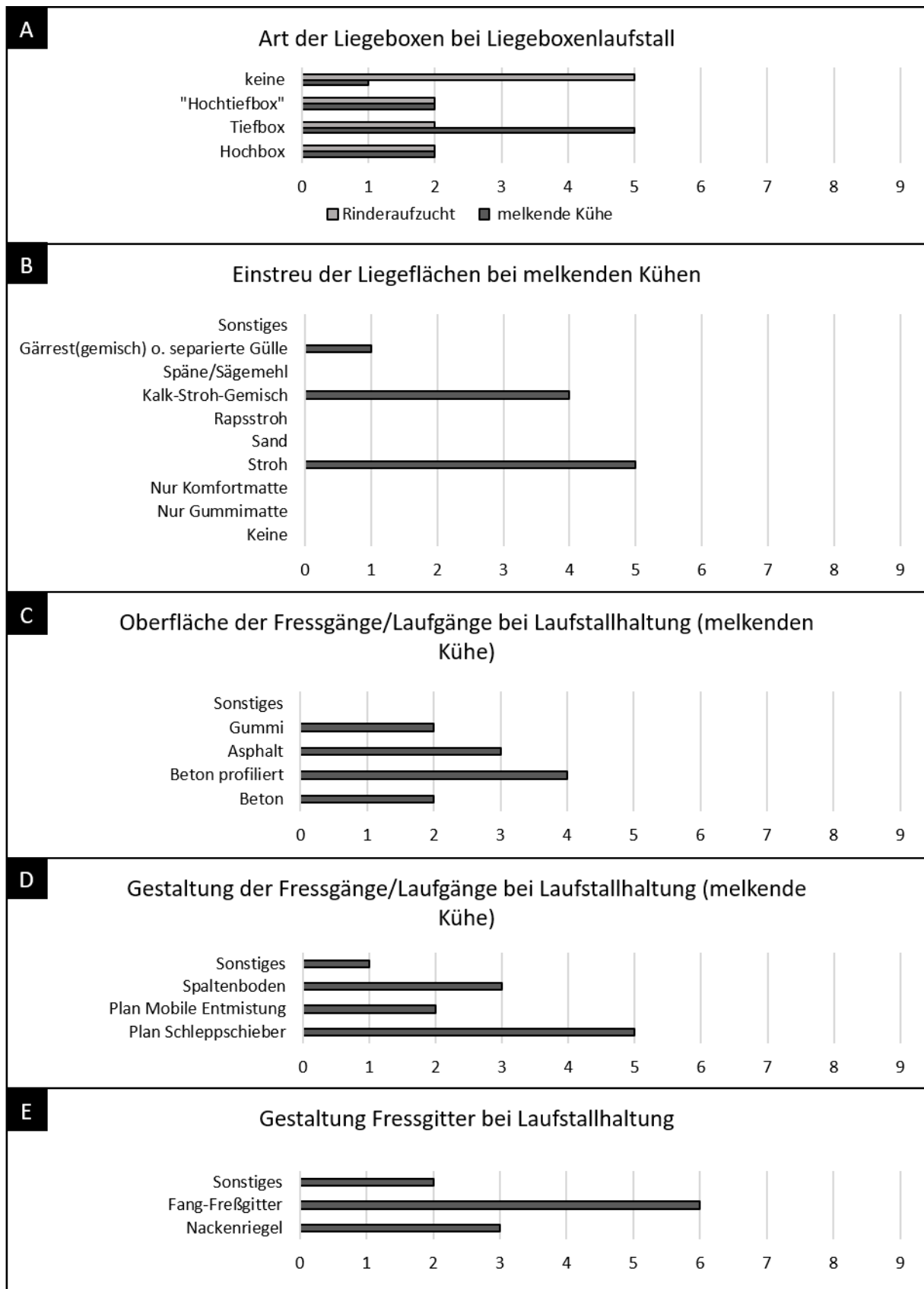
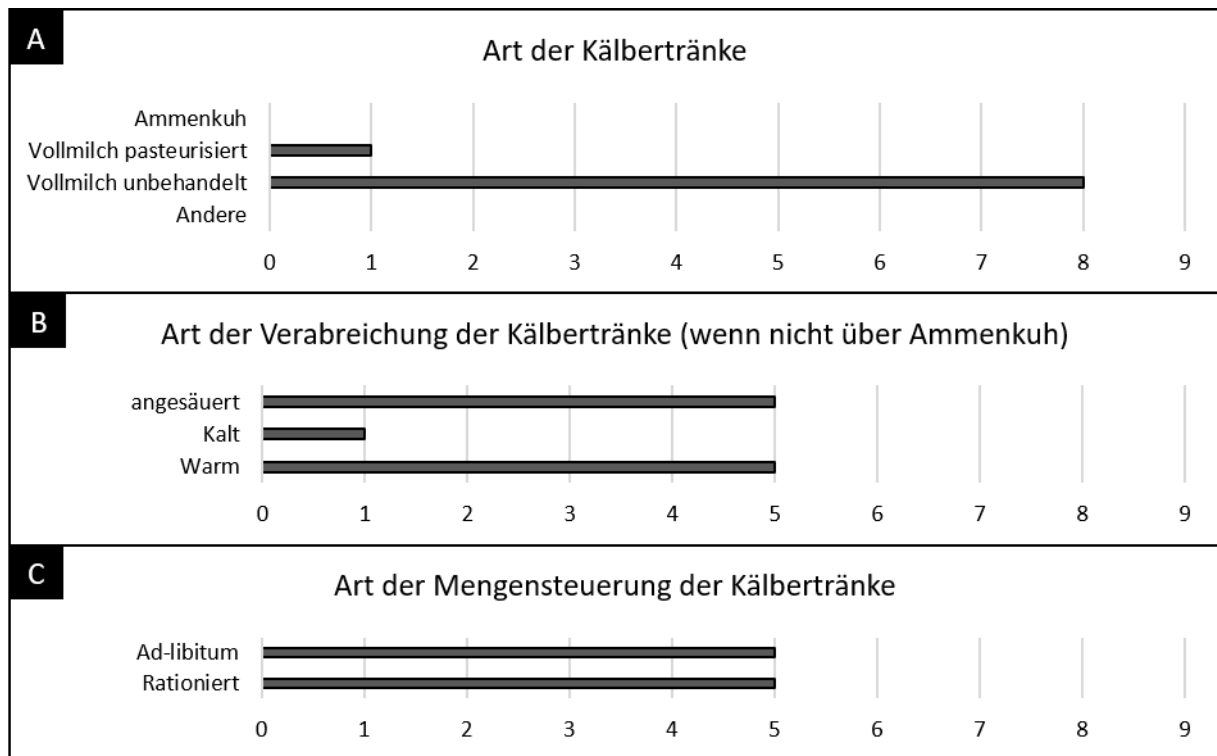


Abbildung 7: Angaben der Projektbetriebe zur Gestaltung der Haltungsumwelt der Rinder

### Fütterung

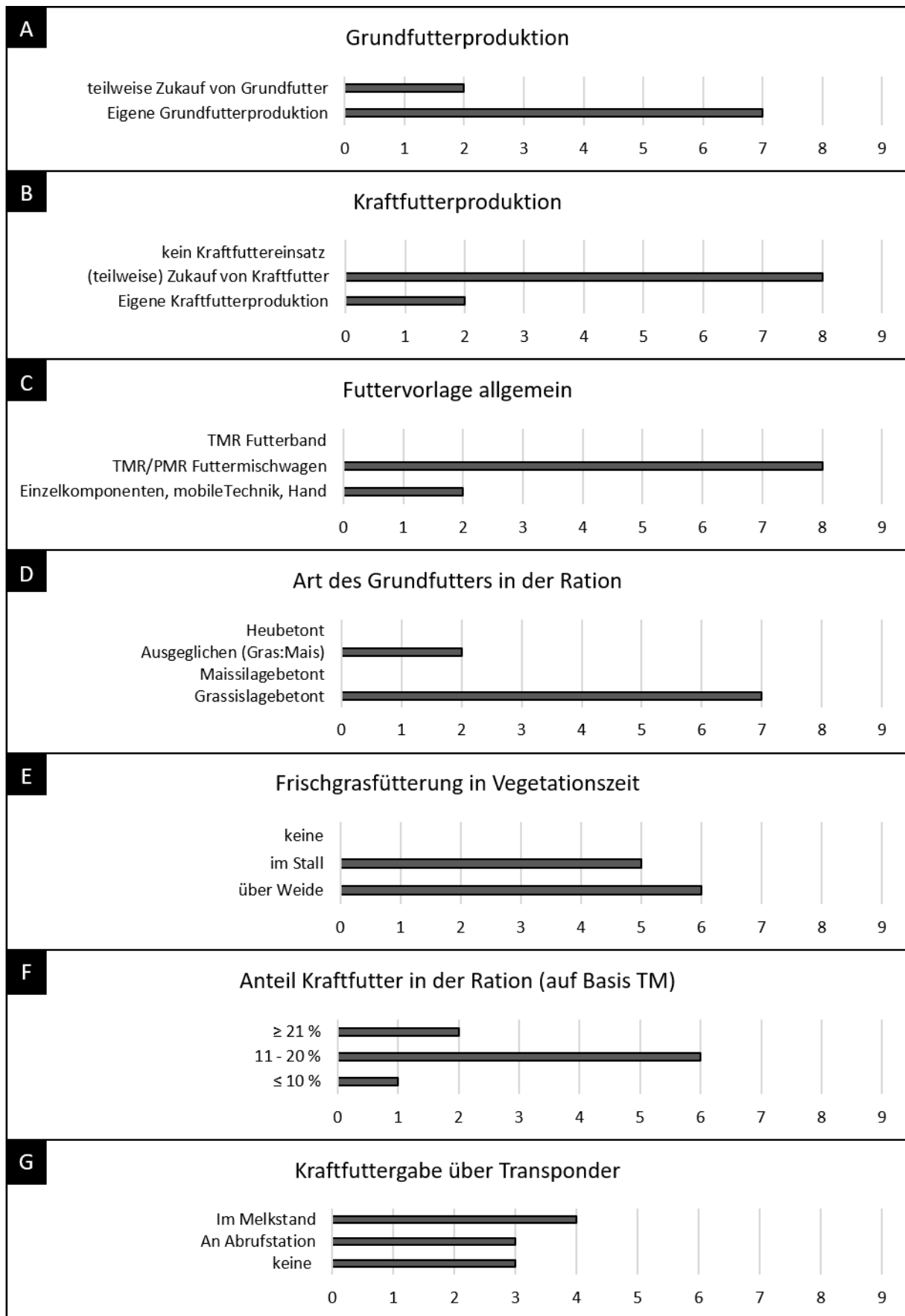
Im Bereich der Kälberfütterung wurde auf allen Betrieben mit Vollmilch getränkt. Zum Teil wurde die Vollmilch pasteurisiert oder angesäuert und in rationierter Form oder ad libitum gefüttert (**Abbildung 8**).



**Abbildung 8:** Angaben der Projektbetriebe zur Kälberfütterung

Die Grundfutterherstellung in den Betrieben deckte überwiegend den Bedarf, wohingegen Kraftfutter in den meisten Betrieben eingekauft werden musste (**Abbildung 9**). Zur Fütterung der Milchkühe wurde vorwiegend Grassilage und im Sommer auch Frischgras genutzt. Der Anteil des Kraftfutters an der Ration lag meist bei durchschnittlich 11 – 20 %. Der Standard in fast allen Betrieben ist eine Totalmischration (TMR) oder Teilmischration (PMR, bei Betrieben mit einem automatischen Melksystem oder kleineren Tierzahlen).

Je nach Region hatten die Betriebe in der Studie von Ivemeyer et al. (2018) einen unterschiedlich hohen Anteil landwirtschaftlicher Nutzfläche und somit variierte auch der Anteil an selbstproduziertem Grund- und Kraftfutter. Unter den großen Betrieben Brandenburgs in unserer Studie produzierte nur ein Betrieb das benötigte Kraftfutter vollständig selbst. Selbst im Bereich des Grundfutters sind einzelne Betriebe auf einen Zukauf angewiesen.

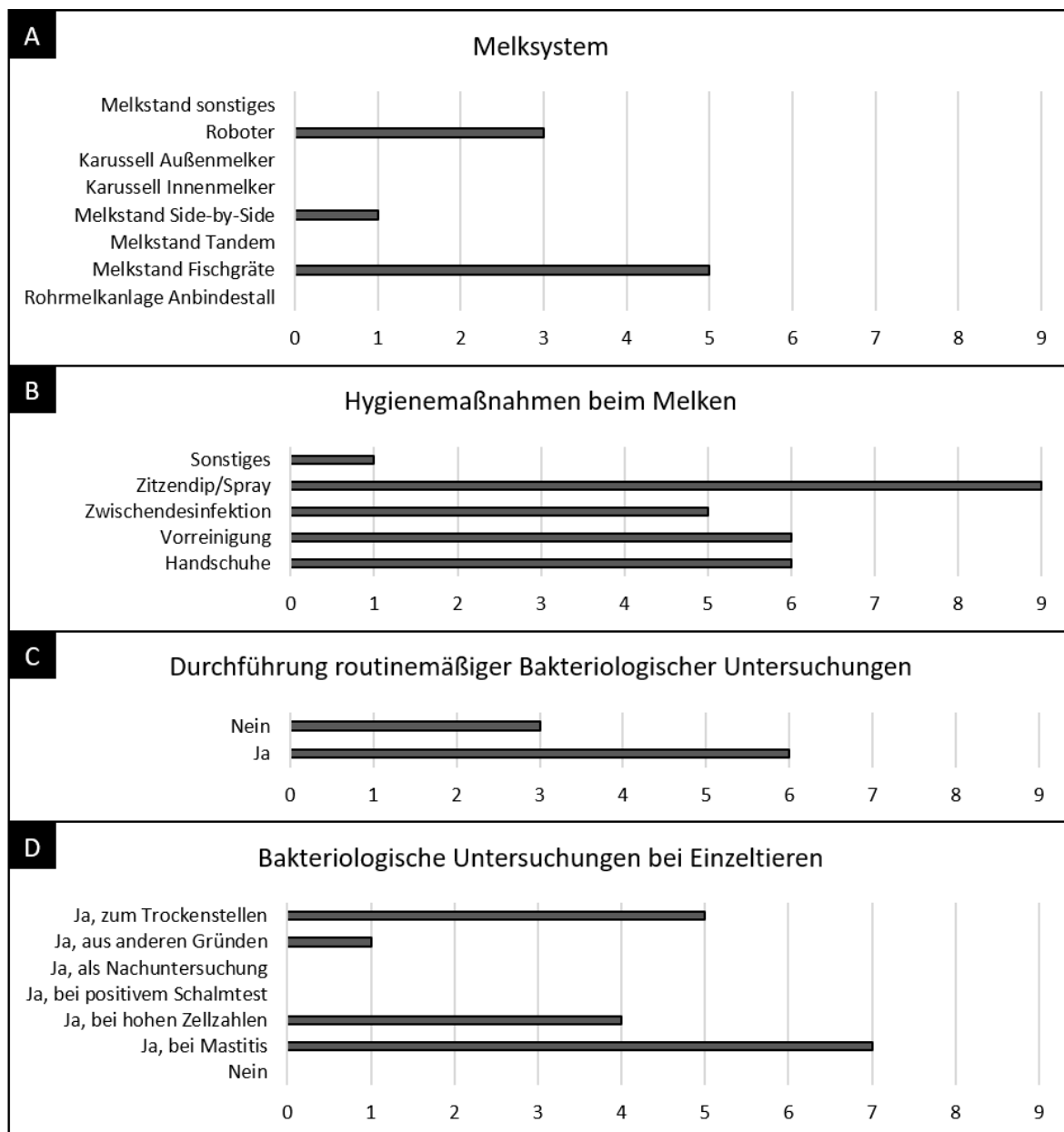


**Abbildung 9:** Angaben der Projektbetriebe zur Futterproduktion und Fütterung der Milchkühe

### ***Melken und Eutergesundheit***

**Abbildung 10** zeigt die Antworten der Betriebe auf Fragen zum Melksystem, der Melkroutine und dem Umgang mit Euterentzündungen. In einem Drittel der Projektbetriebe übernahmen automatische Melksysteme die Melkarbeit. Das am weitest verbreitete System war jedoch der Fischgräten-Melkstand. Der Einsatz automatischer Melksysteme wurde bei Ivemeyer et al. (2018) für Betriebe mit über 70 Kühen von ca. einem Drittel ebenfalls beschrieben. In den anderen Kategorien war der Anteil der Betriebe mit einem automatischen Melksystem jedoch gering. Im Bereich der Melkhygiene verzichtete keiner der Betriebe auf einen Zitzendip/ein Zitenspray nach dem Melken. Weitere Schritte wie die Vorreinigung der Zitzen, das Tragen von Handschuhen oder eine Desinfektion zwischen zwei zu melkenden Kühen waren in den meisten Betrieben fest etabliert. Bezüglich der Melkhygiene machten Ivemeyer et al. (2018) ähnliche Beobachtungen. Auch dort waren Handschuhe während des Melkens in den meisten Betrieben Teil der Arbeitskleidung und die Zitzen wurden nach dem Melken überwiegend mit einem Zitzendip behandelt. Der Anteil der Betriebe mit einer Zwischendesinfektion während des Melkens war bei Ivemeyer et al. (2018) nur geringfügig höher.

Bei Verdacht einer Euterentzündung oder zum Trockenstellen führten die meisten Projektbetriebe eine bakteriologische Untersuchung durch, um den Einsatz von antibiotischen Trockenstellern nach Möglichkeit gering zu halten.



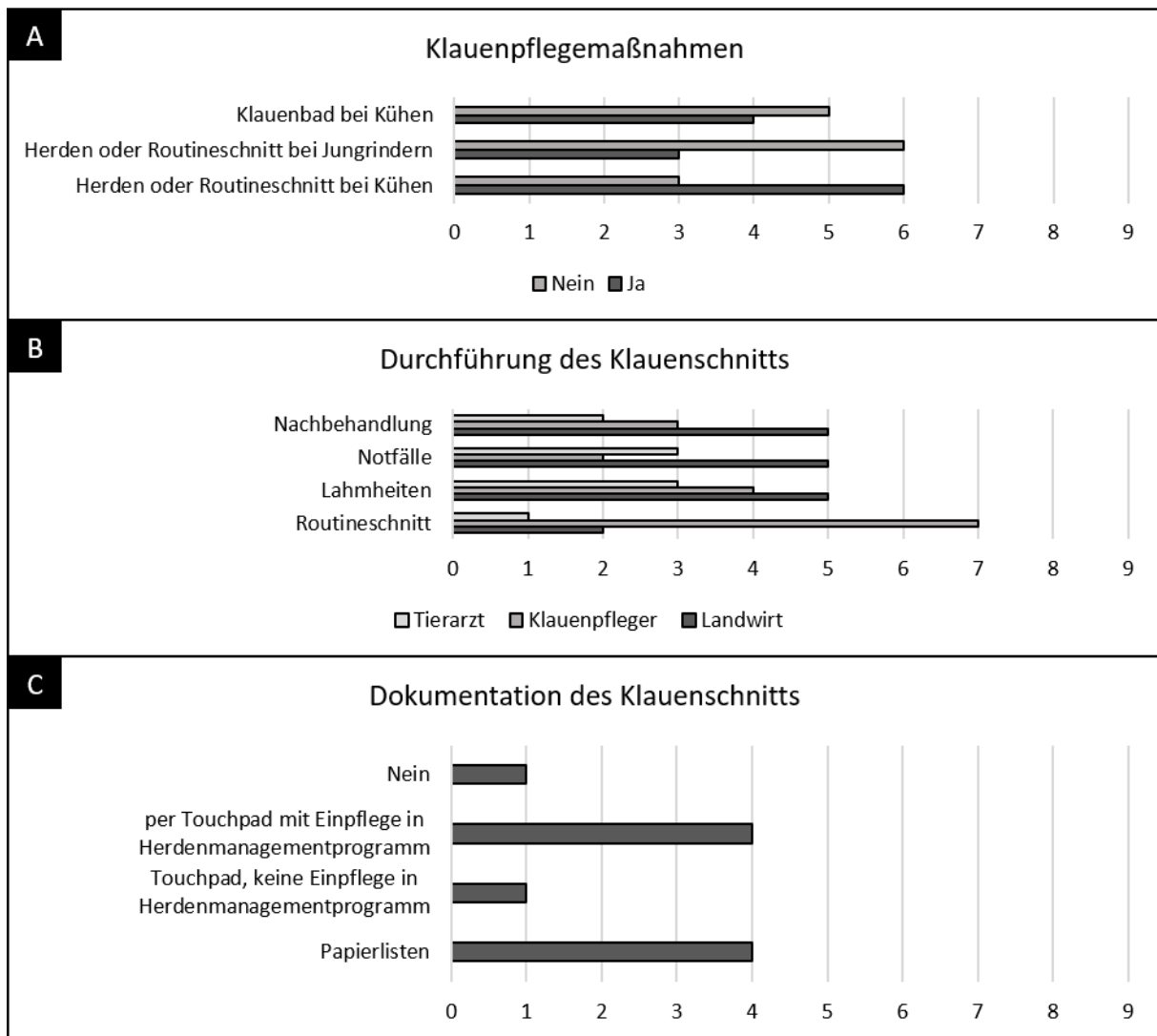
**Abbildung 10:** Angaben der Projektbetriebe zum Melksystem, der Melkroutine und zur Eutergesundheit

### ***Klauenpflege***

In den meisten Betrieben war die Klauenpflege fester Bestandteil des Gesundheits- und Herdenmanagements (**Abbildung 11**). In den Betrieben ohne einen Routineschnitt fand in regelmäßigen Abschnitten, z. T. wöchentlich, bei Problemtieren und trocken zu stellenden Tieren eine Klauenpflege statt. In einigen Betrieben wurde ein Klauenbad eingesetzt. Die Verantwortlichkeit für die Klauenpflege wurde in allen Betrieben und je nach Situation unterschiedlich gehandhabt und entweder von geschulten Mitarbeitern, dem Tierarzt oder



ausgebildeten Klauenpflegern durchgeführt. Die Dokumentation wurde noch nicht in allen Betrieben digitalisiert.

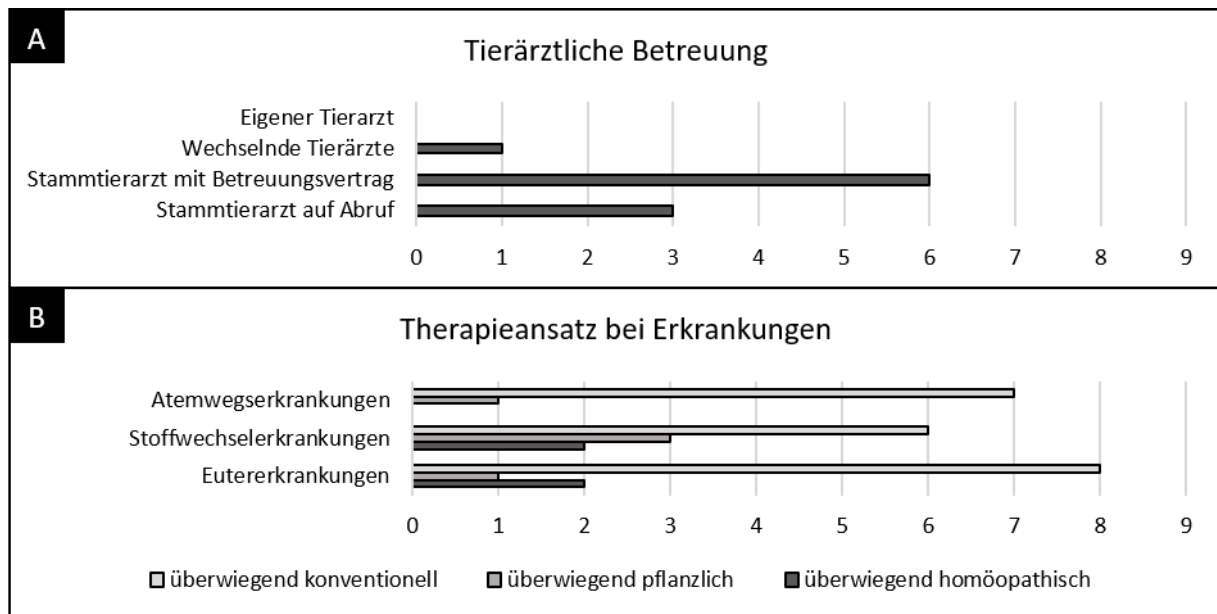


**Abbildung 11:** Angaben der Projektbetriebe zu Klauenpflegemaßnahmen

### *Gesundheit*

Zur Erhaltung eines guten Gesundheitsstatus der Tiere haben die Betriebe in der Regel einen Betreuungsvertrag mit einem Stammtierarzt abgeschlossen (**Abbildung 12**). Ein Betreuungsvertrag beinhaltet z.B. auch regelmäßige Betriebsbesuche des Tierarztes um mögliche Schwachstellen zu beheben. Da in der ökologischen Tierhaltung der Einsatz chemisch-synthetischer allopathischer Tierarzneimittel und Antibiotika stark reglementiert ist (Kommission der europäischen Gemeinschaften 25.09.2008), wurden die Betriebe gefragt, wie sie die Behandlung verschiedener Erkrankungen angehen. Nur ein geringer Anteil versuchte über pflanzliche oder homöopathische Arzneimittel eine Verbesserung des Gesundheitszustandes zu

erzielen, da die Wirksamkeit vieler Mittel nach Angaben der Betriebe als unzureichend eingestuft wird. In der Regel wurden die Tiere daher mit chemisch-synthetischen allopathischen Tierarzneimitteln und Antibiotika im Rahmen der Möglichkeiten behandelt, um eine möglichst schnelle Besserung des Gesundheitszustandes zu erzielen.

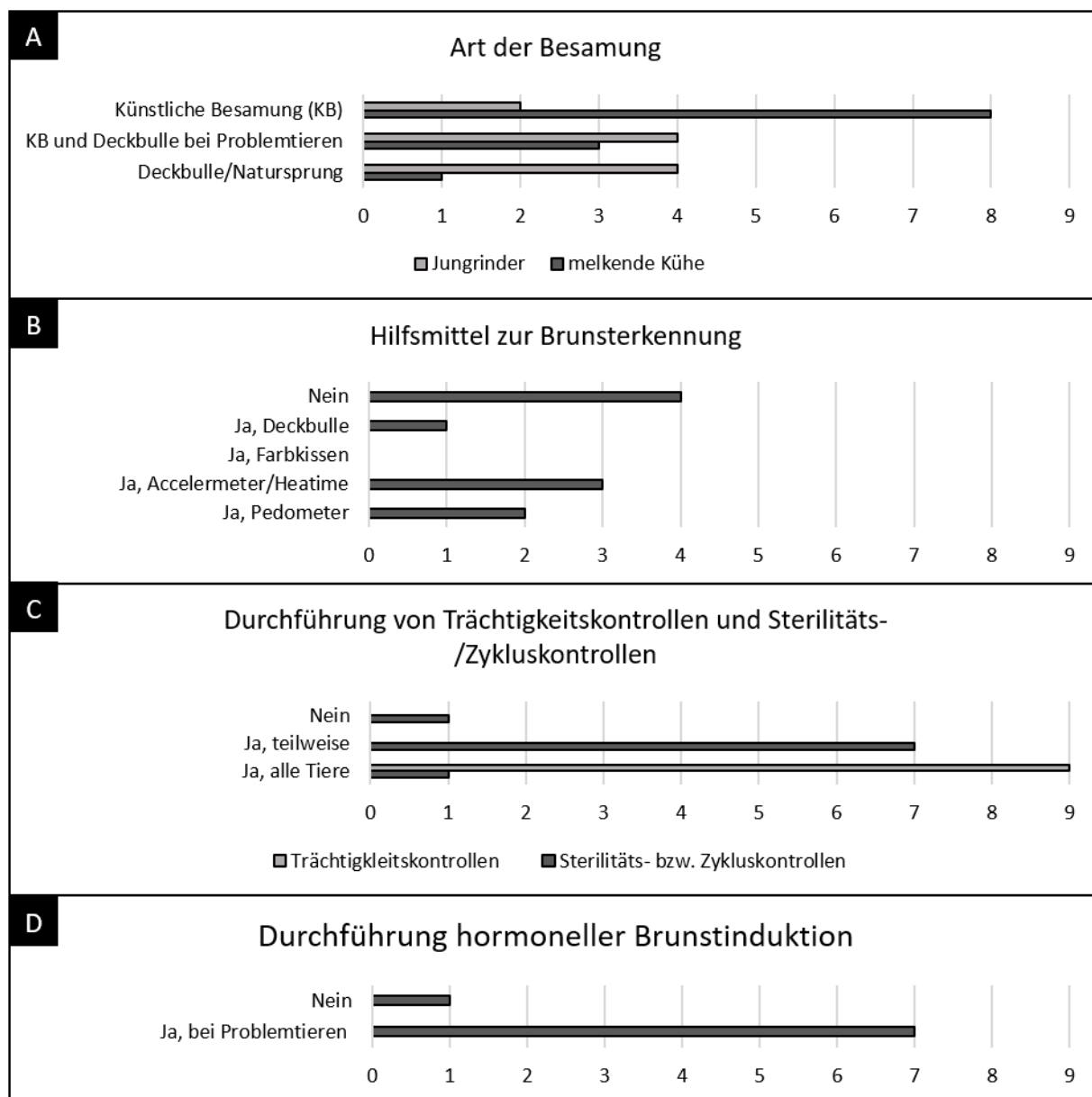


**Abbildung 12:** Angaben der Projektbetriebe zum Gesundheitsmanagement im Betrieb

### ***Fruchtbarkeitsmanagement und Zucht***

Im Bereich des Reproduktionsmanagements wurde auf den meisten Betrieben bei den Kühen eine künstliche Besamung eingesetzt (**Abbildung 13**). Einige dieser Betriebe hielten zusätzlich einen Deckbullen, um diesen gezielt bei Rindern und/oder Kühen mit Fruchtbarkeitsstörungen einzusetzen. Diese Beobachtungen decken sich überwiegend mit Hörning et al. (2004), die bei 88 % der untersuchten ökologischen Betriebe eine künstliche Besamung beschrieben. Bei Ivemeyer et al. (2018) und Rahmann et al. (2004) lag der Anteil des Deckbulleneinsatzes höher. Während in dieser Studie ein höherer Anteil Rinder mit Natursprung gedeckt wurden, war dies bei Ivemeyer et al. (2018) nicht zu beobachten.

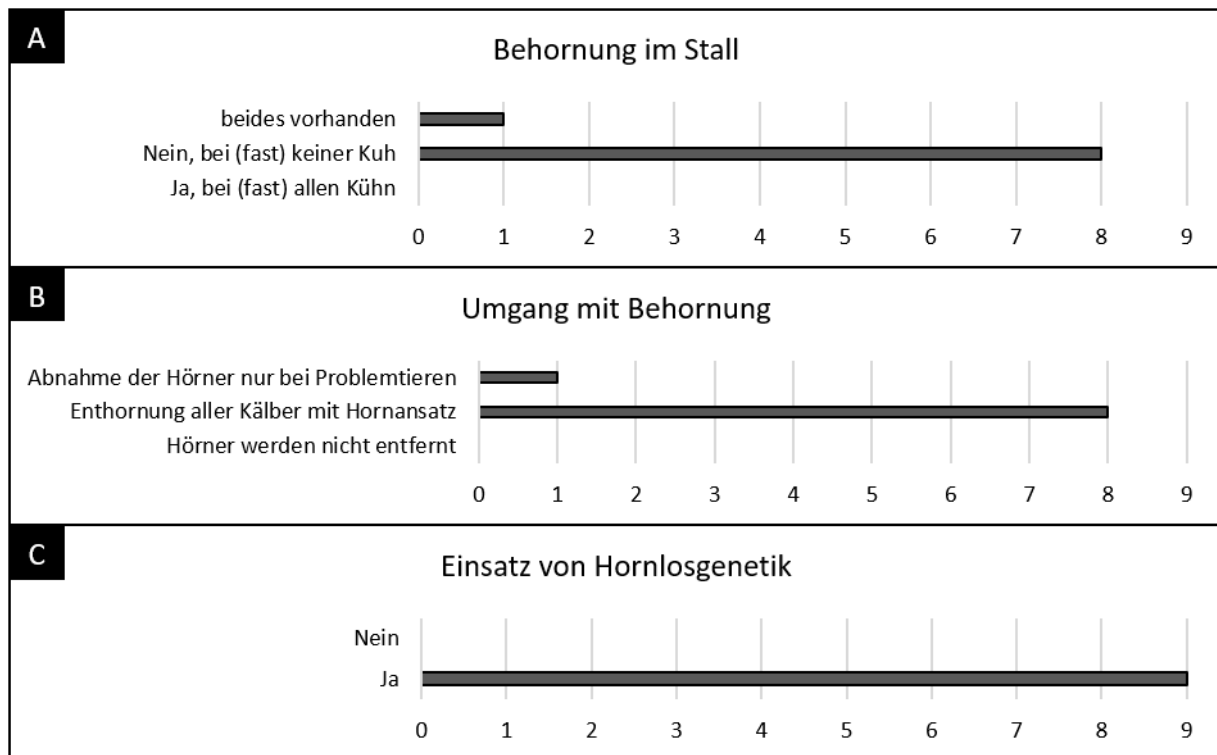
Zur Brunsterkennung gab es in gut der Hälfte der Betriebe ein Hilfsmittel (Pedometer/Accelerometer) oder einen Deckbullen. Regelmäßige Sterilitäts- und Zykluskontrollen sowie Trächtigkeitsuntersuchungen waren in fast allen Betrieben fester Bestandteil des Managements, genauso wie eine hormonelle Brunstinduktion bei Problemtieren.



**Abbildung 13:** Angaben der Projektbetriebe zum Fruchtbarkeitsmanagement der Herde

Die Enthornung von Kälbern ist ein umstrittener Eingriff aber zum Teil aus Gründen des Arbeitsschutzes oder zum Schutz der Tiere vor gegenseitigen Verletzungen nach wie vor ein gängiges Managementtool. Die Betriebe wurden gefragt, wie sie mit diesem sensiblen Thema umgehen (**Abbildung 14**). Alle Betriebe gaben an, dass sie mittlerweile Bullen einsetzen, die Hornlosigkeit vererben. Ein Problem in der Hornloszucht ist jedoch die mangelnde breite Basis, sodass weiterhin noch heterozygot vererbende Bullen oder homozygot horntragende Bullen eingesetzt wurden. In diesen Fällen enthornten die meisten Betriebe die Nachkommen, soweit Hornanlagen zu ertasten waren. Nur ein Betrieb nahm die Hörner lediglich bei aggressiven Tieren (gegenüber Menschen oder anderen Tieren) ab. Der Einsatz von Hornlosgenetik ist nach

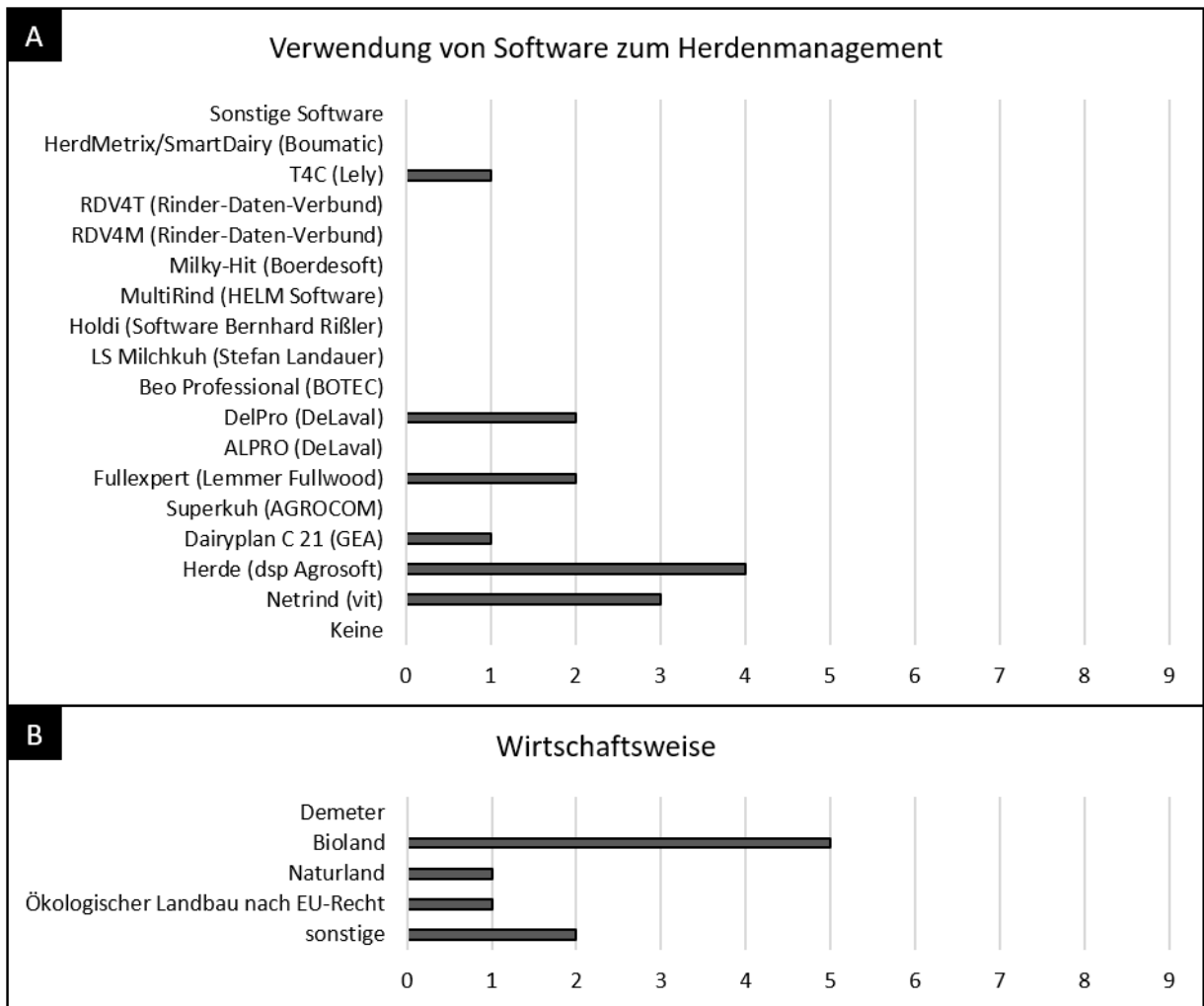
Ivemeyer et al. (2018) jedoch nur in solchen ökologisch wirtschaftenden Betrieben ein wichtiges Zuchtziel, die nicht nach Richtlinien des Demeter-Verbandes wirtschaften.



**Abbildung 14:** Angaben der Projektbetriebe zum Umgang mit gehörnten Tieren im Stall und zum Einsatz von Zuchtbullen mit Hornlos-Vererbung

### *Allgemeine Angaben*

Als letztes wurden die Betriebe zu allgemeinen Punkten befragt (**Abbildung 15**). Zum Herdenmanagement nutzten die Betriebe die gängigen Herdenmanagement-Softwareprogramme. Da es verschiedene Formen des ökologischen Landbaus gibt, wurden die Betriebe gebeten, Angaben zur Wirtschaftsweise zu machen. Fünf der Betriebe produzierten nach Bioland-Standards, ein Betrieb nach EU-Recht, einer nach Vorgaben von Naturland und zwei Betriebe waren anderen Verbänden angegliedert.



**Abbildung 15:** Angaben der Projektbetriebe zur Wirtschaftsweise und zur Herdenmanagementsoftware

## **4.2 AP III - Identifikation von Merkmalen, die in enger Beziehung zur Langlebigkeit stehen**

### **4.2.1 Auswahl der wichtigsten Erkrankungen**

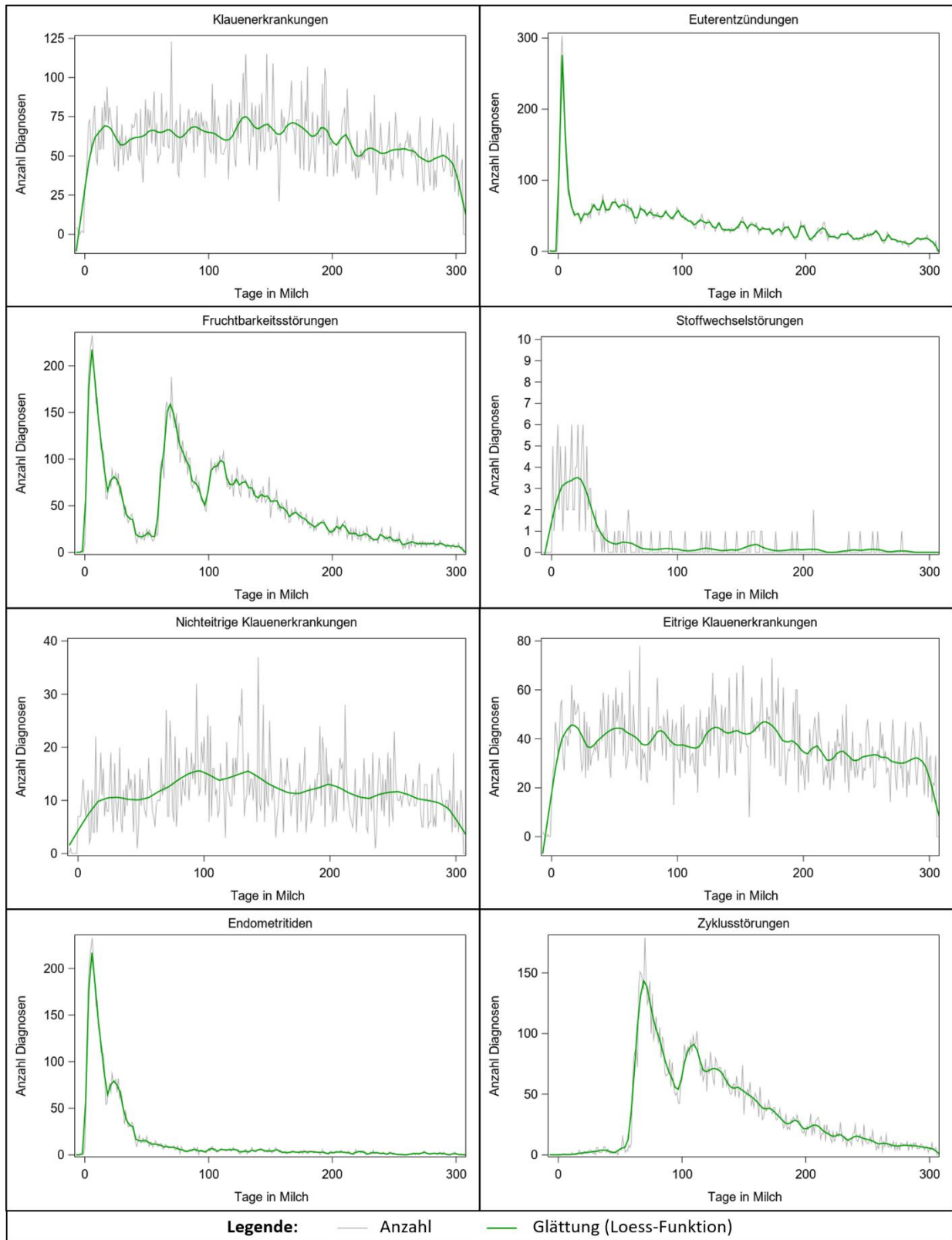
#### ***Vergleich der Abgangsursachen und Erkrankungen (AG Tierzucht Gießen)***

Die häufigsten Abgangsursachen (durch den Landwirt dokumentiert) waren: Eutererkrankungen (24,21 %), Unfruchtbarkeit (21,72 %), Klauen- und Gliedmaßenerkrankungen (16,97 %), sowie Stoffwechselerkrankungen (12,84 %). Eine ähnliche Verteilung der Abgangsursachen fanden Wangler et al. (2009) in der Population der Rasse Deutsche Holsteins und Egger-Danner et al. (2015) auf internationaler Ebene. Im vit-Jahresbericht von 2018 beträgt der Anteil abgegangener Kühe aufgrund von Eutererkrankungen 14,3 % und aufgrund von Stoffwechselerkrankungen 5,4 % (vit 2019). Die prozentualen Anteile in anderen Abgangsursachen, die im vit-Jahresbericht angegeben wurden, liegen überwiegend im gleichen Bereich der prozentualen Verteilung wie in den ökologisch wirtschaftenden Betrieben.

Um die von Landwirten erfassten Abgangsursachen mit den durch die Tierärzte erhobenen Gesundheitsdaten zu vergleichen, wurden die Daten aller innerhalb der ersten drei Laktationen geschlachteten Kühe herangezogen. Gute Übereinstimmungen lieferte der Vergleich für die Abgangsursachen „Eutererkrankungen“ (84,09 %) und „Unfruchtbarkeit“ (76,03 %) mit den entsprechenden Krankheitsdiagnosen. Widersprüchlichkeiten lagen jedoch zwischen den angegebenen Abgangsursachen und den tatsächlichen Krankheitsdiagnosen für Klauenerkrankungen und Stoffwechselerkrankungen vor. Bei nur 45 % der Tiere mit der Abgangsursache „Klauen- und Gliedmaßenerkrankungen“ wurden auch Erkrankungen wie Sohlengeschwüre, Dermatitis Digitalis, Weiße-Linie-Defekt oder Limax dokumentiert. Von den Tieren, welche aufgrund von Stoffwechselerkrankungen den Betrieb verließen, waren nur 18,71 % innerhalb der ersten drei Laktationen tatsächlich erkrankt. Ursachen für die Diskrepanz zwischen Abgangsursachen und erfassten Gesundheitsdaten lassen sich aus dem vorliegenden Datenmaterial nur schwer ableiten. Fehlende Dokumentationen der letzten Erkrankungen vor einem Abgang der Kühe könnten eine Ursache sein. Dennoch zeigte sich in Untersuchungen von Heise et al. (2018), dass Abgangsursachen als Hilfsmerkmale in der Zuchtwertschätzung berücksichtigt werden können, da sie die Sicherheiten der Zuchtwerte für Gesundheitsmerkmale verbessern.

***Verteilung der Häufigkeiten in wichtigen Erkrankungskomplexen über eine Laktation hinweg (AG Tierzucht Halle)***

Die Erkrankungshäufigkeiten in den unterschiedlichen Abschnitten einer Laktation stellen sich für die unterschiedlichen Komplexe divers dar (**Abbildung 16**). Lediglich im Bereich der Klauenerkrankungen wird eine relativ konstante Verteilung über die Laktation hinweg erzielt. Für einzelne Klauenerkrankungen ist dieser Verlauf über eine Laktation nach Alkhoder (2013) am Material eines Klauenpflegers ebenfalls zu beobachten. Stoffwechselerkrankungen nehmen eine untergeordnete Rolle ein und treten in erster Linie zu Beginn einer Laktation auf. Euterentzündungen werden in der Frischmelkerphase vermehrt beschrieben und reduzieren sich im Laufe der Laktation. Am Ende der 305 Tage geht die Anzahl beobachteter Fälle gegen null. Martin (2012) beschrieb einen ähnlichen Verlauf für Daten aus Testherden Mecklenburg-Vorpommerns. Bei den Fruchtbarkeitsstörungen sind mehrere Peaks zu beobachten. Zwei der Peaks lassen sich mit Blick auf das Diagramm der Zyklusstörungen und das Diagramm der Endometritiden erklären. Diese zwei biologisch unterschiedlichen Gesundheitsstörungen treten in unterschiedlichen Phasen der Laktation auf und folgen aufeinander. Endometritiden sind vornehmlich in der Früh-laktation von Bedeutung, wohingegen Zyklusstörungen ab ca. dem 60. Laktationstag häufig detektiert werden. Dem zweiten Peak in den Zyklusstörungen liegen möglicherweise die Managemententscheidungen der zwei größten Betriebe zugrunde. Einer der Betriebe untersucht vermutlich die Kühe bei Fruchtbarkeitsproblemen ca. 30-40 Tage früher in der Laktation als der andere Betrieb, sodass hier Fruchtbarkeitsstörungen unterschiedlich früh erkannt werden. Dass Fruchtbarkeitsstörungen eher im ersten Drittel bis hin zur ersten Hälfte einer Laktation auftreten, beschrieb Müller-Rätz (2019) an Diagnosedaten von Kühen aus dem Projekt *Gkuh*.



**Abbildung 16:** Darstellung der Häufigkeitsverteilung der Diagnosen aus ökologisch wirtschaftenden Betrieben in den jeweiligen Erkrankungskomplexen über eine 305-Tage-Laktation hinweg



#### 4.2.2 Auswirkung der Erkrankungen auf die Langlebigkeit mittels linearer und generalisierter linearer Modelle (AG Tierzucht Gießen)

##### *Effekt der Erkrankungen auf die Länge der produktiven Lebensdauer*

Im Folgenden sind die Effekte der Erkrankungen auf das Merkmal LPL (**Tabelle 8**) und auf die Verbleiberate (**Tabelle 9**) dargestellt. Zur besseren Übersicht werden in der **Tabelle 8** und in **Tabelle 9** nur signifikante Ergebnisse ohne Signifikanzniveau aufgeführt. Bei den nicht ausgefüllten Subzellen handelt es sich um solche Erkrankungen, die nur in bestimmten Perioden eine Bedeutung hatten und deren Inzidenz in anderen Perioden gering war (Shabalina et al. 2020).

**Tabelle 8:** Effekte einzelner Erkrankungen auf die Länge der produktiven Lebensdauer (in Tagen)

Erkrankungen <sup>1</sup>	1. Laktation			2. Laktation			3. Laktation		
	1. Periode	2. Periode	3. Periode	1. Periode	2. Periode	3. Periode	1. Periode	2. Periode	3. Periode
MAST	-91,35	-111,57	-97,13	-112,66	-105,73	-50,24	-88,90	-95,47	-37,78
SM	-117,77	-110,12	n.s.	-136,04	-125,24	n.s.	-123,80	-93,11	n.s.
SG	-63,12	-29,40	-60,98	-50,59	n.s.	-34,72	n.s.	26,85	n.s.
DD	n.s.	60,19	n.s.	n.s.	60,20	n.s.	n.s.	61,54	47,11
WL	n.s.	n.s.	-58,09	-64,23	n.s.	n.s.	n.s.	32,51	n.s.
HYP	-79,17	n.s.	-53,15	n.s.	n.s.	-42,10	n.s.	n.s.	n.s.
ACID	-114,23			-94,24			-111,90		
KET	-49,77			-44,15			-39,04		
MFEV				-38,39					
ENDO	n.s.	-69,00		n.s.	-48,78		12,81	n.s.	
OS	n.s.			n.s.			35,03		
CYST	-34,63			-18,29			13,78		
CLP	n.s.			n.s.			32,84		

<sup>1</sup>MAST = Mastitis; SM = subklinische Mastitis; SG = Sohlengeschwür; DD = Dermatitis Digitalis; WL = Weiße-Linie-Defekt; HYP = Hyperplasia interdigitalis (Limax); ACID = Pansenazidose; KET = Ketose; MFEV = Milchfieber; ENDO = Endometritis; OS = Ovarielle Zyklusstörungen; CYST = Ovarialzysten; CLP = Corpus luteum persistens; n.s. = nicht signifikant ( $p > 0,05$ )

Kühe, die an einer klinischen oder subklinischen Mastitis erkrankten, lebten signifikant kürzer, als die Tiere, die bezüglich dieser Krankheit als "gesund" eingestuft wurden. Eine kürzere LPL bei Vorliegen einer Mastitis-Diagnose wurde bereits von Neerhof et al. (2000) und Pinedo et al. (2010) beschrieben. Auch auf die Verbleiberate hatte eine Mastitis-Diagnose einen großen Effekt. Die Auswirkung einer subklinischen Mastitis, sowohl auf die LPL als auch auf die Verbleiberate, war jeweils in der letzten Periode einer Laktation nicht signifikant.

Die Einflüsse von Klauenerkrankungen auf die LPL variierten in den unterschiedlichen Laktationsperioden. Sohlengeschwüre, Weiße-Linie-Defekte und Limax hatten in der 1. und 2. Laktation negative Effekte auf die LPL. Charfeddine und Pérez-Cabal (2017) beschrieben eine Verkürzung der LPL bei Vorliegen eines Sohlengeschwüres oder eines Weiße-Linie-Defektes um 59 bzw. 71 Tage. Dermatitis Digitalis nimmt jedoch einen positiven Einfluss auf die Nutzungsdauer, analog zu der Studie von Booth et al. (2004). Der Grund dafür kann eine starke negative Korrelation zwischen Dermatitis Digitalis und der Milchproteinmenge sein (Gernand und König 2014). Abgesehen vom Einfluss von Sohlengeschwüren in der 1. und 2. Laktation, waren die Effekte anderer Klauenerkrankungen auf die Verbleiberate in den 1. Perioden nicht signifikant (**Tabelle 9**). Eine Erklärung für diese Tendenzen ist möglicherweise darin zu sehen, dass die Landwirte die Tiere primär in den ersten beiden Perioden für Klauenerkrankungen behandeln, während Behandlungen solcher Tiere, die am Ende der Laktation geschlachtet werden, in den Hintergrund rücken (Booth et al. 2004).

Stoffwechselerkrankungen hatten einen starken negativen Einfluss auf die LPL und auf die Verbleiberate. Zu ähnlichen Ergebnissen kamen auch Probo et al. (2018), die für Ketose und Milchfieber ein erhöhtes Abgangsrisiko in ihrer Studie schätzten.

**Tabelle 9:** Effekte einzelner Erkrankungen auf die Verbleiberate

Erkrankungen <sup>1</sup>	1. Laktation			2. Laktation			3. Laktation		
	1. Periode	2. Periode	3. Periode	1. Periode	2. Periode	3. Periode	1. Periode	2. Periode	3. Periode
MAST	-1.66	-5.44	-6.88	-1.01	-7.59	-5.88	-0.88	-8.33	-6.16
SM	-2,53	-4,01	n.s.	n.s.	-7,58	n.s.	-2,61	-5,88	n.s.
SG	0.67	n.s.	-6.44	-1.09	1.97	-5.34	n.s.	3.51	-5.48
DD	n.s.	4.78	-3.94	n.s.	5.72	n.s.	n.s.	7.34	n.s.
WL	n.s.	n.s.	-8.56	n.s.	4.14	-6.29	n.s.	4.04	n.s.
HYP	n.s.	2.30	-6.24	n.s.	3.33	-4.57	n.s.	2.96	n.s.
ACID	-2.50			-1.70			-2.88		
KET	-1.93			-2.14			-2.91		
MFEV				-1.27			n.s.		
ENDO	0.88	n.s.		0.75	n.s.		1.35	n.s.	
OS	1.42			1.31			3.43		
CYST	1.57			1.63			2.58		
CLP	1.65			1.97			3.65		

<sup>1</sup>MAST = Mastitis; SM = subklinische Mastitis; SG = Sohlengeschwür; DD = Dermatitis Digitalis; WL = Weiße-Linie-Defekt; HYP = Hyperplasia interdigitalis (Limax); ACID = Pansenazidose; KET = Ketose; MFEV = Milchfieber; ENDO = Endometritis; OS = Ovarielle Zyklusstörungen; CYST = Ovarialzysten; CLP = Corpus luteum persistens; n.s. = nicht signifikant (p > 0,05)

Fertilitätsstörungen hatten einen negativen Effekt auf die LPL in der 1. und 2. Laktation, während die LPL bei Kühen mit Fertilitätsstörungen in der 3. Laktation um 13 bis 35 Tage länger war. Beaudéau et al. (1995) beobachteten, dass zwischen dem 22. und 49. Laktationstag diagnostizierte Endometritiden keine signifikanten Einflüsse auf die LPL hatten, während später auftretende Endometritiden die LPL verkürzten. Die vorliegenden Berechnungen zeigten ähnliche Ergebnisse in der 1. und 2. Laktation, nicht jedoch in der 3. Laktation. Ein negativer Einfluss von Ovarialzysten auf das Überleben einer Kuh wurde auch von Oltenacu et al. (1990) beschrieben. Auf die Verbleiberate zeigten die Fertilitätsstörungen eine schwach positive Wirkung.

### ***Heritabilitäten und Korrelationen***

Die Heritabilitäten der Erkrankungen variierten in Abhängigkeit der Periode. Die Erbllichkeit einer klinischen Mastitis bewegte sich in den verschiedenen Perioden in einem Bereich zwischen 0,05-0,08. Die Ergebnisse sind vergleichbar mit den von Neuenschwander et al. (2012), Pritchard et al. (2013b) und Parker Gaddis et al. (2014) geschätzten Heritabilitäten für Mastitis. Für die Sohlengeschwüre lag die Heritabilität zwischen 0,06 und 0,12 und deckte sich mit den Ergebnissen anderer Studien (Gernand et al. 2012; Häggman und Juga 2013). Für Dermatitis Digitalis lag die Heritabilität zwischen 0,09 und 0,13 und für den Weiße-Linie-Defekt zwischen 0,11 und 0,19. Ähnliche Ergebnisse wurden in Studien von König et al. (2008) und Gernand et al. (2012) gefunden. Für das Merkmal Limax wurde eine mittlere Heritabilität zwischen 0,15 und 0,24 geschätzt. Höhere Heritabilitäten für Limax im Vergleich zu denen anderer Klauenerkrankungen wurden ebenfalls bereits in früheren Studien beschrieben (Gernand et al. 2012; Gernand und König 2014). Für Azidose lagen die Heritabilitäten nahe 0 in unserer Studie. Die Heritabilitäten für Ketose bewegten sich im Bereich zwischen 0,08 und 0,13. Ähnliche Werte für dieses Merkmal beschrieben auch Zwald et al. (2004a) und Parker Gaddis et al. (2014). Die Erbllichkeiten für Milchfieber lagen im Bereich von 0,08 bis 0,13 und deckte sich mit den Ergebnissen von Heringstad et al. (2005). Die Heritabilitäten für Endometritis reichten von 0,04 bis 0,07. Vergleichbare Werte wurden in anderen Studien beschrieben (Zwald et al. 2004a; Heringstad 2010; Gernand et al. 2012). Die Erbllichkeiten von ovariellen Zyklusstörungen und Ovarialzysten lagen bei 0,04 bis 0,06 und von einem Corpus luteum persistens bei 0,07. Die Heritabilität der LPL lag bei 0,06 ( $\pm 0,006$ ). Forabosco et al. (2009) schätzten Heritabilitäten für die direkte Langlebigkeit von 0,02 bis 0,11. Für Tschechische Holstein-Kühe beschrieben Zavadilová und Štípková (2011) und Zavadilová und Zink (2013) Heritabilitäten für die LPL von 0,03 und 0,09. Für spanische Holstein-Kühe lagen die Werte zwischen 0,08 und 0,10 (Pérez-

Cabal und Alenda 2003; Pérez-Cabal et al. 2006). Auch für Holstein-Populationen im Vereinigten Königreich und in den Vereinigten Staaten wurde eine Erbllichkeit von 0,06 bis 0,10 geschätzt (Pritchard et al. 2013b; Tsuruta et al. 2005).

Die Heritabilität des binären Merkmals Verbleiberate betrug 0,05 bis 0,06 je nach Periode, mit Standardfehlern zwischen 0,008 bis 0,033, welche mit denen frühere Studien mit geschätzten Heritabilitäten zwischen 0,04 und 0,11 vergleichbar sind (González-Recio und Alenda 2007; Holtsmark et al. 2008; Tsuruta et al. 2015).

Die Korrelationen zwischen der LPL bzw. der Verbleiberate und den Erkrankungen variierten je nach Periode und waren in den meisten Schätzungen negativ. Negative genetische Korrelation zwischen der LPL und Mastitis in unterschiedlichen Perioden (von -0,28 bis -0,69) und zwischen der Verbleiberate und Mastitis (von -0,26 bis -0,77) zeigen, dass eine Selektion gegen Mastitis die Langlebigkeit verbessern kann. Pritchard et al. (2013a) und Sander Nielsen et al. (1999) beschrieben ebenfalls negative genetische Korrelationen zwischen Mastitis und der LPL und zwischen Mastitis und der Verbleiberate. Die genetischen Korrelationen zwischen Klauenerkrankungen und der LPL oder Verbleiberate lagen zumeist im negativen Bereich. Negative Korrelationen zwischen einem Überleben der 2. Laktation und Sohlengeschwüren bzw. Limax wurden von Sander Nielsen et al. (1999) beschrieben. Im Gegensatz zur phänotypischen Korrelation war die genetische Korrelation zwischen Dermatitis Digitalis und der LPL oder Verbleiberate negativ. Für den Weiße-Linie-Defekt wurden sowohl positive als auch negative genetische Korrelationen mit der LPL und Verbleiberate geschätzt. Für diese Korrelationen wurden jedoch höhere Standardfehler geschätzt, welche sich möglicherweise durch die niedrigeren Inzidenzen dieser Klauenerkrankung erklären lassen. Stoffwechselerkrankungen, insbesondere Azidose und Ketose, zeigten, analog zu den Studien von Sander Nielsen et al. (1999) und Zwald et al. (2004b), stark negative Korrelationen mit der LPL und Verbleiberate. Beide Merkmale der Langlebigkeit, LPL und Verbleiberate, korrelierten negativ mit Fruchtbarkeitsstörungen. Sander Nielsen et al. (1999) und Zwald et al. (2004b) ermittelten ebenfalls negative Korrelationen zwischen Fertilitätsstörungen (Endometritis und Ovarialzysten) und der Langlebigkeit.

### 4.2.3 Lebensdaueranalyse mittels Programmpaket Survival-Kit (AG Tierzucht Gießen)

#### *Effekt der Erkrankungen auf Risikorateen der Abgänge*

Die durchschnittliche LPL von Kühen mit Abgangsdaten betrug 977,10 Tage ( $\pm 626,77$  Tage). Der geschätzte Weibull-Parameter  $\rho$  (bestimmt die Form der Verteilung) variierte von 2,51 bis zu 2,27 für M3P in unterschiedlichen Laktationen und lag für M9P bei 4,55. Ein geschätzter Wert für  $\rho > 1$  zeigt an, dass das Risiko einer Merzung mit der Zeit zunimmt. Für die Modelle ohne Gesundheitsinformation variierten die  $\rho$ -Werte von 1,54 bis 2,13 für M3PoGS. Für M9PoGS betrug der  $\rho$ -Wert 1,48. Ähnliche Werte (1,21-1,89) zeigten Studien an anderen Holstein-Populationen (Hultgren und Svensson 2009; M'hamdi et al. 2010; Garcia-Ruiz et al. 2016).

Die Effekte von Erkrankungen auf die LPL, die mit M3P und M9P geschätzt wurden, waren ähnlich. Deswegen wurden in **Tabelle 10** nur die Risikorateen der Abgänge für die verschiedenen Erkrankungen von M3P dargestellt. Dabei wurden die Risikorateen in Relation zu den gesunden Kühen (Basalwert = 1) in den jeweiligen Laktationsstadien angegeben. Bei den nicht ausgefüllten Subzellen handelt es sich um solche Erkrankungen, die nur in bestimmten Laktationsabschnitten eine Bedeutung hatten und deren Inzidenz in den anderen Perioden gering war (Shabalina et al. 2020).

Die höchsten Risikorateen für Abgänge aufgrund von Mastitis wurden in der Mitte und zum Ende der jeweiligen Laktation identifiziert (**Tabelle 10**). Die Werte für die Risikorateen stiegen mit zunehmender Laktationsnummer an. Pinedo et al. (2010) beschrieben, dass die höchsten Risikorateen bei Kühen auftraten, bei denen eine Mastitis in der 2. Periode (70.-160. Laktationstag) diagnostiziert war. Ähnliche Beobachtungen machten auch Roxström und Strandberg (2002). Gleiche Trends wurden für subklinische Mastitiden geschätzt. Dies wird durch Ergebnisse von Samoré et al. (2003), basierend auf der somatischen Zellzahl, wiedergespiegelt.

Das Risiko eines Abgangs aufgrund von Klauenerkrankungen stieg mit zunehmender Laktationsperiode und Laktationsnummer an (**Tabelle 10**). Ein allgemein erhöhtes Abgangsrisiko aufgrund von Lahmheiten wurde von Rajala-Schultz und Gröhn (1999) beschrieben. Cramer et al. (2009) schätzten Risikorateen von 1,72 für den Weiße-Linie-Defekt und von 1,26 für Kühe mit der Diagnose Sohlengeschwür. Kühe mit einer Dermatitis Digitalis-Diagnose hatten ein höheres Risiko geschlachtet zu werden, wobei Booth et al. (2004) ein geringeres Risiko für an Dermatitis Digitalis erkrankte Kühe im Vergleich zu gesunden Kühen schätzten.

**Tabelle 10:** Risikoraten der Abgänge für verschiedene Erkrankungen in verschiedenen Laktationsstadien

Erkrankungen <sup>1</sup>	1. Laktation			2. Laktation			3. Laktation		
	1. Periode	2. Periode	3. Periode	1. Periode	2. Periode	3. Periode	1. Periode	2. Periode	3. Periode
MAST	1,11	1,64	1,95	1,44	2,01	1,82	1,77	2,43	1,88
SM	n.s.	1,60	1,90	1,54	2,26	2,25	2,03	2,40	1,94
SG	n.s.	1,15	1,42	1,32	1,57	1,65	1,44	1,85	1,68
DD	n.s.	1,13	1,47	n.s.	1,36	1,49	1,38	1,59	1,50
WL	n.s.	1,33	1,97	1,44	1,48	1,68	1,44	1,67	1,70
HYP	n.s.	n.s.	2,05	1,29	1,39	1,71	1,48	1,71	1,62
ACID	1,85			2,27			2,57		
KET	1,16			1,68			2,14		
MFEV				1,45			1,65		
ENDO	0,90	1,52		1,26	1,62		1,75	1,67	
OS	1,17					1,59		1,97	
CYST	1,35					1,58		1,81	
CLP	1,32					1,53		1,79	

<sup>1</sup>MAST = Mastitis; SM = subklinische Mastitis; SG = Sohlengeschwür; DD = Dermatitis Digitalis; WL = Weiße-Linie-Defekt; HYP = Hyperplasia interdigitalis (Limax); ACID = Pansenazidose; KET = Ketose; MFEV = Milchfieber; ENDO = Endometritis; OS = Ovarielle Zyklusstörungen; CYST = Ovarialzysten; CLP = Corpus luteum persistens; n.s. = nicht signifikant (p > 0,05)

Das Risiko geschlachtet zu werden stieg für Kühe mit Stoffwechselerkrankungen mit zunehmender Laktationsnummer an (**Tabelle 10**). Die Abgangsrisikoraten wegen einer Ketose (1,16-2,14) und Milchfieber (1,45-1,65) spiegeln die Ergebnisse aus früheren Studien zu Überlebensanalysen wieder (Beaudeau et al. 1995; Gröhn et al. 1998).

Endometritiden wirkten sich in den einzelnen Phasen der Laktation unterschiedlich aus. In der 1. Periode der 1. Laktation hatten erkrankte Kühe ein geringes Abgangsrisiko. Dieses Risiko stieg in späteren Laktationsabschnitten an. Beaudeau et al. (1995) schätzten Risikoraten von 1,5 und 1,4 für Kühe mit einer Endometritis nach 50 Laktationstagen in der 1. und 2. Laktation. Dies ist mit den hier gezeigten Ergebnissen vergleichbar. Ein Grund für erhöhte Risikoraten zum Beginn und Ende der Laktation liegt in der Epidemiologie von Endometritiden begründet. Zu Beginn der Laktation treten Endometritiden häufig als Folge von Schweregeburten auf, wohingegen bakterielle Infektionen die primäre Ursache für Endometritiden in späteren Laktationsperioden sind (Sheldon und Owens 2017). Ähnlich den hier gezeigten erhöhten Abgangsrisiken für Kühe mit Ovarialzysten fielen auch die Ergebnisse von Gröhn et al. (1998) aus.

### ***Heritabilitäten für die Länge der produktiven Lebensdauer***

Nach Yazdi et al. (2002) können Heritabilitäten im Weibull-Modell entweder auf einer logarithmischen Skala oder als effektive und äquivalente Heritabilität auf einer originalen Skala geschätzt werden. Heritabilitäten auf der logarithmischen Skala können schwer interpretiert werden, da sie nicht mit den Heritabilitäten von linearen Modellen vergleichbar sind (Ducrocq 1999). Deswegen werden im Folgenden die Heritabilitäten als effektive und äquivalente Heritabilität für die unterschiedlichen Modelle dargestellt (**Tabelle 11**).

Die genetische Varianz und die Heritabilitäten im Modell M3P sind in der 1. und 3. Laktation höher als im Modell für die drei Perioden ohne Berücksichtigung des Gesundheitsstatus einzelner Erkrankungen (M3PoGS). Roxström und Strandberg (2002) fanden auch eine höhere genetische Varianz und höhere Heritabilitäten bei Kühen, die aufgrund einer Mastitis geschlachtet wurden, als bei Kühen, deren Abgangsursache im Modell nicht berücksichtigt wurde.

Die unterschiedlichen Krankheiten hatten einen unterschiedlich starken Effekt auf die genetische Varianz der LPL. Im Modell M3P lagen die genetischen Varianzen für die LPL in der 1. Laktation im Bereich von 0,28 (mit Dermatitis Digitalis) bis 0,90 (mit Endometritis). In höheren Laktationen waren die genetischen Varianzen für die LPL, berechnet mit unterschiedlichen Erkrankungen, ähnlicher. Auch in Modell M9P wurde die höchste genetische Varianz für die LPL unter Einbeziehung von Endometritiden (0,90) geschätzt und die niedrigste genetische Varianz unter Einbeziehung von Klauenerkrankungen (0,60). Blieb der Gesundheitsstatus der Tiere unberücksichtigt, ergaben sich niedrigere genetische Varianzen.

Die effektive und äquivalente Heritabilität der LPL in Modell M3P waren in der 1. Laktation höher als 0,20 und in der 3. Laktation niedriger als 0,05. Andere Studien z.B. Loker et al. (2011) beschrieben auch Veränderungen der genetischen Varianzen und der Heritabilitäten mit der Zeit. Die Berücksichtigung erklärender Variablen in verschiedenen Perioden (hier: Krankheiten) tragen zu Veränderungen der genetischen Parameter für das abhängige Merkmal bei. Aus praktischer Sicht ist es daher notwendig die Erkrankungen in Modellen einzubeziehen. In diesem Zusammenhang wurde das Modell M9P vorgeschlagen, da in diesem Modell die Krankheiten aus verschiedenen Perioden gleichzeitig berücksichtigt werden können. Allerdings waren die Heritabilitäten für die LPL von M9P signifikant höher als bei anderen Modellierungsansätzen, was auf eine potenzielle Verzerrung hindeutet.

**Tabelle 11:** Schätzung der genetischen Parameter für die Länge der produktiven Lebensdauer

Parameter <sup>1</sup>		Modelle <sup>2</sup>			
		M3P	M3PoGS	M9P	M9PoGS
Laktation 1	$\sigma_g^2$	0,39	0,02		
	$h_{equ}^2$	0,21	0,01		
	$h_{eff}^2$	0,28	0,02		
Laktation 2	$\sigma_g^2$	0,21	0,23		
	$h_{equ}^2$	0,10	0,10		
	$h_{eff}^2$	0,17	0,19		
Laktation 3	$\sigma_g^2$	0,04	0,06		
	$h_{equ}^2$	0,02	0,01		
	$h_{eff}^2$	0,04	0,06		
Laktationen 1-3	$\sigma_g^2$			0,79	0,02
	$h_{equ}^2$			0,36	0,01
	$h_{eff}^2$			0,44	0,02

<sup>1</sup> $\sigma_g^2$  = Mittelwert der genetischen Varianz für unterschiedliche Krankheiten;  $h_{equ}^2$  = äquivalente Heritabilität;  $h_{eff}^2$  = effektive Heritabilität

<sup>2</sup> M3P = Modell mit Gesundheitsstatus in drei Perioden einer Laktation gemeinsam, unterschiedliche Rechenläufe für unterschiedliche Laktationen; M3PoGS = Modell ohne Gesundheitsstatus, unterschiedliche Rechenläufe für unterschiedliche Laktationen; M9P = Modell mit Gesundheitsstatus in neun Perioden aus drei Laktationen gemeinsam; ein Rechenlauf für alle drei Laktationen; M9PoGS = Modell ohne Gesundheitsstatus, ein Rechenlauf für alle drei Laktationen

#### 4.2.4 Inzidenzen und Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzung für Gesundheitsmerkmale (AG Tierzucht Halle)

**Tabelle 12** zeigt die Inzidenzen in der 1. Laktation von Tieren aus Testherden Brandenburgs (BB), Sachsen-Anhalts (ST) und Mecklenburg-Vorpommerns (MV) und aus den ökologisch wirtschaftenden sechs Projektbetrieben mit einer Abkalbung im Zeitraum von Januar 2016 bis Juni 2018. Die Inzidenzen in den Testherden lagen im Bereich von 3,8 % (Stoffwechselstörungen) und 39,6 % (Fruchtbarkeitsstörungen), wohingegen die Inzidenzen in den ökologisch bewirtschafteten Betrieben zwischen 0,0 % (Stoffwechselstörungen) und 56,6 % (Klauenerkrankungen) lagen. Gernand et al. (2012) beschrieben für Testherden aus Thüringen Inzidenzen für Mastitis von 31,1 %, für Fruchtbarkeitstörungen von 53,4 % (Endometritiden 18 %, Zyklusstörungen 29,4 %), für Klauenerkrankungen von 18,2 % (eitrige 15,7 %, nicht eitrig 9,1 %) und für Stoffwechselstörungen von 3,5 %. In vielen Merkmalen lagen die Inzidenzen der Thüringer Testherden somit auf einem ähnlichen Niveau wie die der Testherden in BB, ST und MV. Abweichungen gibt es bei Mastitis, Fruchtbarkeitsstörungen, Klauenerkrankungen und eitrigem Klauenerkrankungen. Bei einem Vergleich der zwei Bewirtschaftungssysteme wird deutlich, dass große Abweichungen insbesondere bei den Klauenerkrankungen auftraten. Dies kann an einer tatsächlich höheren Inzidenz liegen oder einer



besonders guten Dokumentation in den ökologisch wirtschaftenden Betrieben. Vaarst et al. (1998) untersuchten Klauenpflegedaten aus sieben konventionell und sechs ökologisch wirtschaftenden Betrieben. Die Autoren fanden ebenfalls eine höhere Inzidenz an Klauenerkrankungen in ökologisch wirtschaftenden Betrieben. Die Inzidenz von Mastitiden liegt auf einem ähnlichen Niveau. Hardeng und Edge (2001) untersuchten die Mastitis-Inzidenz in beiden Wirtschaftssystemen an norwegischem Kühen und Levison et al. (2016) in kanadischen Herden. Beide Auswertungen beschrieben eine niedrigere Inzidenz für Mastitis. Nach Sundrum (2001) wurde in verschiedenen Studien jedoch eine ähnlich hohe oder höhere Inzidenz in ökologisch bewirtschafteten Betrieben beschrieben. Das geringere Auftreten von Stoffwechselerkrankungen in ökologisch bewirtschafteten Milchviehherden wird auf eine niedrigere Milchleistung der Tiere zurückgeführt (Sundrum 2001).

**Tabelle 12:** Inzidenzen der einzelnen Gesundheitsmerkmale in konventionellen (Testherden) und ökologisch wirtschaftenden Betrieben (Erstlaktierende mit Abkalbungen von Januar 2016 bis Juni 2018)

Gesundheitsmerkmale	Testherden (n=49.011)	Öko-Betriebe (n=590)
Euterentzündungen	20,2	22,2
Fruchtbarkeitsstörungen	39,6	39,0
Endometritiden	19,9	10,5
Zyklusstörungen	26,1	32,4
Klauenerkrankungen	33,9	56,6
eitriges Klauenerkrankungen	29,0	49,2
nichteitriges Klauenerkrankungen	9,8	21,5
Stoffwechselstörungen	3,8	0,0

Die Abweichungen in den Inzidenzen der AG Tierzucht Halle zu den Inzidenzen der AG Tierzucht Gießen entstehen vermutlich durch eine andere, in diesem Fall schärfere Editierung. Die Betriebe mussten in den wichtigen Kategorien Fruchtbarkeitsstörungen, Klauenerkrankungen und Euterentzündungen digitalisiert Gesundheitsdaten erfassen. Die Mindestinzidenz wurde auf 2 % festgesetzt, sodass jene Betriebe nicht berücksichtigt wurden, die diese Erkrankungen nur sporadisch oder gar nicht notieren. So wurden in der AG Tierzucht Halle nur sechs statt wie in Gießen sieben Betriebe berücksichtigt.

Im Rahmen der Untersuchungen von Heritabilitäten und Korrelationen von Gesundheitsmerkmalen in der 1. Laktation zu Milchleistungsmerkmalen wurden die in **Tabelle 13** dargestellten Ergebnisse geschätzt. Durch das kleine Datenmaterial sind Varianzkomponentenschätzungen jedoch problematisch. Für einige Gesundheitsmerkmale

ließen sich dennoch Heritabilitäten schätzen. Ohne Einbeziehung der Milchleistung lagen die Heritabilitäten im Ein-Merkmalsmodell zwischen 0,030 und 0,213. Das reduzierte Zwei-Merkmalsmodell zeigte Heritabilitäten, die näher an Literaturangaben für binäre Merkmalsdefinitionen der Gesundheitsmerkmale angelehnt waren (Gernand et al. 2012) als Werte aus dem Ein-Merkmalsmodell und lagen im Bereich von 0,005 und 0,163. Die Korrelationen zur Milchleistung in der 1. Laktation waren, soweit schätzbar, positiv, allerdings mit hohen Standardfehlern.

**Tabelle 13:** Ergebnisse der Varianzkomponentenschätzung für die Anzahl Neuerkrankungen in der 1. Laktation in Öko-Betrieben

Merkmal (Anzahl Neuerkrankungen innerhalb der 1. Laktation)	Heritabilitäten (alle Tiere)	Heritabilität des Gesundheitsmerkmals und Korrelation zu Milchleistung im Zwei-Merkmalsmodell (>240 d)	
	$h^2$ ( $\pm$ SE)	$h^2$ ( $\pm$ SE)	$r_g$ ( $\pm$ SE)
Fruchtbarkeitsstörungen	0,213 ( $\pm$ 0,103)	0,163 ( $\pm$ 0,105)	0,220 ( $\pm$ 0,376)
• Endometritiden	0,079 ( $\pm$ 0,084)	0,089 ( $\pm$ 0,088)	0,152 ( $\pm$ 0,500)
• Zyklusstörungen	0,117 ( $\pm$ 0,084)	0,087 ( $\pm$ 0,097)	0,357 ( $\pm$ 0,512)
Klauenerkrankungen	n. konv.	n. konv.	n. konv.
• eitrige	0,131 ( $\pm$ 0,090)	0,097 ( $\pm$ 0,110)	0,104 ( $\pm$ 0,483)
• nichteitrig	n. konv.	0,035 ( $\pm$ 0,030)	n. konv.
Euterentzündungen	n. konv.	0,014 ( $\pm$ 0,029)	n. konv.
Anzahl verschiedener Erkrankungen	n. konv.	0,005 ( $\pm$ 0,012)	n. konv.
Erkrankungen gesamt	0,030 ( $\pm$ 0,070)	0,005 ( $\pm$ 0,008)	n. konv.
Milchleistung			
1. Laktation (>240 Tage, n=594)	0,382 ( $\pm$ 0,151)		
Milchleistung			
1. Laktation (305 Tage, n=381)	0,358 ( $\pm$ 0,193)		

n. konv. = nicht konvergiert

### 4.3 AP IV - Schätzung von Linieneffekten (AG Tierzucht Halle)

Die Schätzungen der Mutterlinieneffekte für einzelne Gesundheitsmerkmale aus Modell 8 sind in Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden. dargestellt. Hierbei sind alle Laktationen für Kühe ab Erstkalbejahr 2012 in das Datenmaterial eingeflossen. Die maternale Linienvarianz  $I^2$  liegt für die Gesundheitsmerkmale in der Merkmalsdefinition Anzahl Erkrankungen im Bereich von 0,002 bis 0,030 und in der binären Merkmalsdefinition im Bereich von 0,000 bis 0,012. Am größten war die maternale Linienvarianz für Anzahl Fruchtbarkeitsstörungen.

Bisher gibt es wenig Literatur, die sich mit dem Zusammenhang zwischen der zytoplasmatischen Vererbung und der Gesundheit von Rindern befasst. Bei der Fruchtbarkeit ist beschrieben worden, dass es zu einer unterschiedlich hohen Anzahl an mtDNA-Kopien in einigen Spezies kommen kann, die mit einer herabgesetzten Fruchtbarkeit der Eizellen einhergehen können (El Shourbagy et al. 2006; May-Panloup et al. 2005; Reynier et al. 2001). Dies wurde jedoch nicht für Rinder bestätigt, da sich die Anzahl der Kopien auch nach künstlichem Herabsetzen selbständig wieder hoch zu regulieren scheint (Chiaratti et al. 2010). Sutarno et al. (2002) beschrieben jedoch einen signifikanten Unterschied in der Kalbefrequenz von Hereford-Rindern und Kreuzungstieren bei Vorliegen unterschiedlicher Varianten an zwei Genorten der mtDNA. Ein direkter Zusammenhang zwischen einzelnen Fruchtbarkeitsstörungen und verschiedenen mtDNA-Haplotypen oder unterschiedlichen Mutterlinien ist nach unserem Wissen bisher nicht beschrieben. Stoffwechselstörungen waren aufgrund des geringen Auftretens nicht leicht auswertbar und zeigten im vorliegenden Datenmaterial nur einen Einfluss der Linienvarianz von 0,7 %. Kinoshita et al. (2018) untersuchten den Zusammenhang zwischen mtDNA-Haplotypen und phänotypischen Merkmalen bei 16 Holstein-Kühen in der Leber. Hier wurde einen Tag nach der Kalbung für Haplotyp H2 eine erhöhte Glycerol-Konzentration beschrieben. Auch der Anteil der Leberfett-Konzentration war in diesem Haplotyp bis 21 Tage post partum erhöht. Dies wies auf eine erhöhte Fettmobilisation bei Kühen mit Haplotyp H2 hin (Kinoshita et al. 2018).

Für die Merkmale Krankheiten gesamt und Anzahl Krankheitskomplexe lagen die  $I^2$  bei 0,006 und 0,000. Schutz et al. (1994) untersuchten den Einfluss verschiedener mtDNA-Varianten auf die Höhe der Behandlungskosten. Hier beschrieben die Autoren Unterschiede für einzelne Variationen im Displacement-Loop (D-Loop) der mtDNA bezogen auf die Behandlungskosten insgesamt aber auch bezogen auf die Kosten für Euterbehandlungen (Euterentzündungen und Euterverletzungen). Dieses Ergebnis würde den leichten Einfluss der Mutterlinie auf die Gesundheit bekräftigen. Beim Menschen sind eine Vielzahl mitochondrialer Erkrankungen bekannt, die durch Mutationen in der mtDNA ausgelöst werden können (Gorman et al. 2016).

Das Mutationen in der mtDNA auch von Kühen weitergegeben werden, die dann zu Erkrankungen der Nachkommen führen, kann daher nicht ausgeschlossen werden.

Zu beachten ist, dass für die Schätzungen der Linienvarianz in den Gesundheitsmerkmalen als Anzahl Erkrankungen bei der Berücksichtigung aller Laktationen kaum der Effekt der permanenten Umwelt (PU) innerhalb einer Laktation zum PU-Effekt über Laktationen hinweg abgrenzbar war. Dieses Problem besteht für ein binäres Merkmal nicht.

**Tabelle 14:** Schätzung des Mutterlinieneffekts als Anteil der maternalen Linienvarianz an der Gesamtvarianz für Gesundheitsmerkmale unter Berücksichtigung aller Laktationen mit Gesundheitsdaten ab 2012 (n = 4.884)

Merkmal	maternale Linienvarianz ( $I^2$ )	
	Merkmal als Anzahl Erkrankungen	0/1-Merkmal
Fruchtbarkeitsstörungen	0,030	0,004
• Endometritiden	0,002	0,002
• Zyklusstörungen	0,019	0,008
Klauenerkrankungen	0,006	0,000
• eitrige	0,025	0,012
• nichteitrig	0,007	0,000
Euterentzündungen	0,015	0,005
Stoffwechselstörungen	0,007	0,007

Aus Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden. können die maternale Linienvarianz und die Heritabilität für ausgewählte Leistungsparameter und die Länge der produktiven Lebensdauer entnommen werden. Am größten ist die maternale Linienvarianz für die Laktationsleistung in kg. Diese lag mit 1,4 % etwas über der an Testherden aus Mecklenburg-Vorpommern geschätzten Linienvarianz von 0,0018 für das Merkmal Milchmenge (kg/Tag) bei Swalve und Wensch-Dorendorf (2016). Spehar et al. (2017) untersuchten Linienvarianzen für Leistungsmerkmale in kroatischen Holstein-Kühen. In deren Studie lagen die Linienvarianzen im Bereich von 0,02 bis 0,03 für alle Leistungsmerkmale. Boettcher und Gibson (1997) schätzten Linienvarianzen für kanadische Holstein-Kühe und gaben für alle Leistungsmerkmale eine maternale Linienvarianz von <0,05 % an. Dies deckt sich mit den hier dargestellten Ergebnissen, wobei Boettcher und Gibson (1997) die höchste Varianz für Eiweißgehalt und Eiweißmenge schätzten. Während bei Swalve und Wensch-Dorendorf (2016) die höchste maternale Linienvarianz für Fettgehalt ermittelt wurde, kann dies in der vorliegenden Studie nicht bestätigt werden. Abweichungen zwischen Ergebnissen der Literatur und den in **Tabelle 15** dargestellten

Ergebnissen können sich neben der Auswirkung einer anderen Population auch durch eine andere Merkmalsdefinition ergeben.

Boettcher et al. (1996) untersuchten Variationen im D-Loop der mtDNA von Holstein-Kühen und ermittelten signifikante Unterschiede in Leistungsmerkmalen zwischen Linien mit dem Wildtyp (größter Anteil) und Linien, die ein oder mehrere Mutationen im D-Loop aufwiesen. Die Mutationen führten zu einer niedrigeren Leistung in den Milchleistungsmerkmalen.

**Tabelle 15:** Schätzung des Mutterlinieneffekts als Anteil der maternalen Linienvarianz an der Gesamtvarianz und der Heritabilität für Leistungsparameter und die Länge der produktiven Lebensdauer

Merkmal	n	maternale Linienvarianz ( $l^2$ )	Heritabilität ( $h^2$ )
Laktationsleistung (kg)	19.804	0,014	0,295
• Fettmenge (kg) in Laktation	19.804	0,004	0,292
• Fettgehalt (%) in Laktation	19.804	0,004	0,671
• Eiweißmenge (kg) in Laktation	19.804	0,003	0,263
• Eiweißgehalt (%) in Laktation	19.804	0,000	0,605
Laktationsleistung als energiekorrigierte Milch (kg)	19.804	0,006	0,243
Länge produktiven Lebens	5.716	0,002	0,114

Die vorliegenden Heritabilitäten für Eiweißgehalt und Milchleistung decken sich annähernd mit denen von Swalve und Wensch-Dorendorf (2016), und Spehar et al. (2017) während die Heritabilität für Fettgehalt in den vorliegenden Ergebnissen mit 0,671 gegenüber 0,423 bzw. 0,415 deutlich erhöht war. Bei Spehar et al. (2017) waren die Heritabilitäten für Milchleistung, Fettmenge und Eiweißmenge auf einem ähnlichen Niveau gemessen an den Ergebnissen aus ökologisch wirtschaftenden Betrieben, während die Heritabilitäten für Fettgehalt und Eiweißgehalt mit 0,46 und 0,47 niedriger lagen. Bei Roughsedge et al. (2000) bewegten sich die Heritabilitäten bei britischen Holstein Kühen in den Merkmalen Fettgehalt und Eiweißgehalt auf einem vergleichbaren Niveau. Die Heritabilitäten für Milchleistung, Fettmenge und Eiweißmenge lagen bei Roughsedge et al. (2000) jedoch höher. Dies geht auch aus der Studie von Nauta et al. (2006) an ökologisch gehaltenen Kühen hervor. Die Autoren Roughsedge et al. (2000) unterschieden bei der Auswertung im Datenmaterial nach Mindestanzahl Kühe pro Linie. Der Zugewinn bei einer größeren Anzahl Kühe pro Linie war für die Heritabilitäten negativ und für die Mutterlinienvarianz schwach positiv. Insgesamt bewegten sich die Linienvarianzen im

Bereich von 0,0 und 4,4 % je nach Merkmal und Anzahl Tieren pro Linie. Dies deckt sich somit insgesamt mit den in **Tabelle 15** gezeigten Ergebnissen.

Wie schon Swalve und Wensch-Dorendorf (2016) schlussfolgerten, scheint auch in dem Datenmaterial aus ökologisch bewirtschafteten Herden der Einfluss der Mutterlinie und somit der mtDNA in allen betrachteten Merkmalen weitestgehend unbedeutend zu sein.

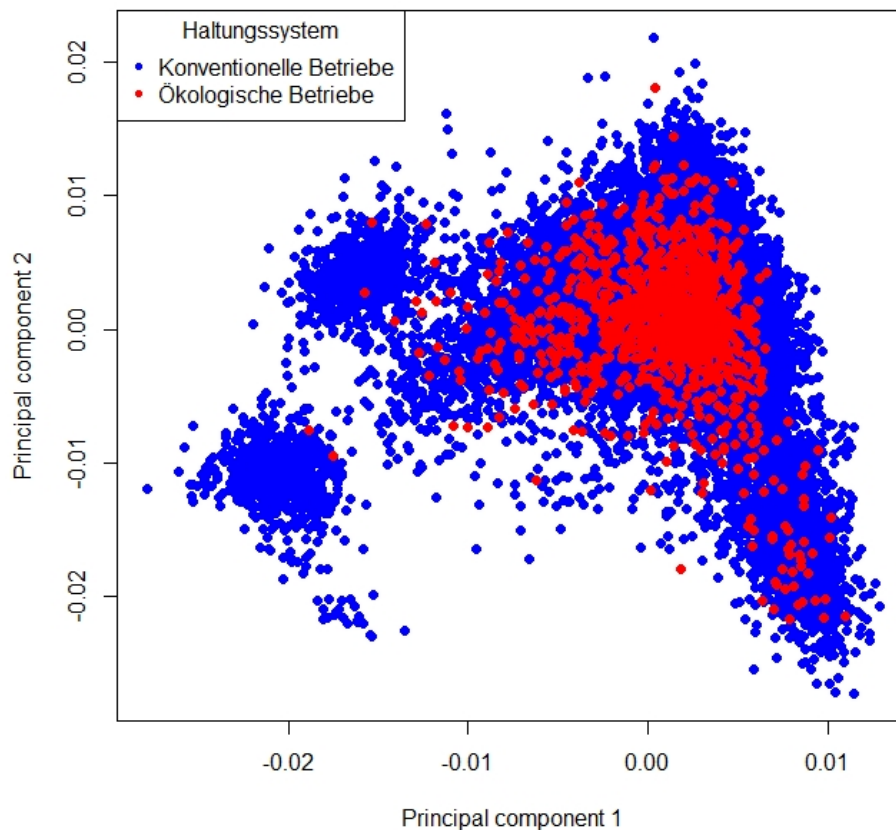
Problematisch könnte im Datenmaterial die geringe Anzahl Tiere pro Mutterlinie in vielen Linien sein. Lediglich 64 % der Mutterlinien hatten zwischen ein und drei Mitgliedern im Datensatz ab Kalbejahr 2000. Nur 10 % der Mutterlinien hatten 11 oder mehr Mitglieder. Die Höchstzahl lag bei 189 Mitgliedern. Unvollständige oder falsche Pedigrees bewirkten möglicherweise zusätzlich eine Unterschätzung des maternalen Linieneffektes (Roughsedge et al. 2001), da viele der Kühe als neue Gründerkühe betrachtet werden mussten oder ein falscher Abstammungseintrag nicht ausgeschlossen werden kann. Des Weiteren wird bei der hier beschriebenen Methode unterstellt, dass die mtDNA in den Mutterlinien unverändert weitergegeben wird, also konserviert ist. Das dem nicht immer so sein muss, zeigten Ashley et al. (1989) und Koehler et al. (1991), die die Vererbung der mtDNA bei Rindern untersuchten. In beiden Studien wurden Abweichungen (z. B. in Form von Mutationen) zwischen Generationen einer Mutterlinie beschrieben.

Nach Klunker et al. (2002) kann die Linienvarianz auch stark von Betrieb zu Betrieb variieren. Die Autoren beschrieben hier Unterschiede zwischen 0,0 und 4,4 % in Abhängigkeit vom Merkmal. Dies wurde aufgrund der geringen Herdengrößen in der Mehrzahl der Betriebe nicht getestet.

Um einen Einfluss der mtDNA und somit der mütterlichen Linie sicherer untersuchen zu können, wäre die Haplogruppen-Information möglicherweise ein wertvolleres Instrument. In Studien von Benedictis et al. (1999), Benedictis et al. (2000) und Niemi et al. (2003) wurden Haplogruppen beim Menschen gebildet und deren Häufigkeit innerhalb verschiedener Altersgruppen ermittelt. Hier lag das besondere Augenmerk auf den Neunzig- und Hundertjährigen. In diesen Bevölkerungsgruppen fanden sich gehäuft bestimmte Haplogruppen. Ließe sich dies auch bei Rindern zeigen, wären Rückschlüsse auf einen Einfluss der mtDNA auf die Langlebigkeit von Kühen unter Umständen leichter zu ziehen. Eine Untersuchung anhand von Haplotypen erfolgte beispielsweise durch Qin et al. (2012). Die Autoren untersuchten die mtDNA von chinesischen Holstein-Kühen und ordneten sie sechs Haplotypen zu. Dabei zeigten sich signifikante Unterschiede in der Milchleistung der sechs Gruppen.

#### 4.4 AP V und VI Nachweis von Genotyp-Umwelt-Interaktionen auf Basis quantitativ-genetischer Modelle und SNP-Markerdaten (AG Tierzucht Gießen)

Auf Basis der SNP-Daten wurde eine Hauptkomponenten-Analyse durchgeführt. In **Abbildung 15** wird ersichtlich, dass sich die Kühe aus den ökologischen und konventionellen Betrieben genomisch nicht sehr stark voneinander unterscheiden.



**Abbildung 17:** Darstellung der beiden ersten Hauptkomponenten (Principal component 1 und 2) von Kühen aus ökologischen und konventionellen Haltungssystemen

#### *Heritabilitäten und genetische Korrelationen*

Die Heritabilitäten in den beiden Haltungsumwelten und genetische Korrelationen zwischen ökologischen und konventionellen Haltungsumwelten, gerechnet sowohl mit Pedigree- als auch SNP-basierten Verwandtschaftsmatrizen, sind in **Tabelle 16** dargestellt. Die Heritabilitäten der Milchleistung in ökologischen und konventionellen Haltungsumwelten unterschieden sich nur geringfügig. Bei österreichischen Fleckvieh-Rindern wurden ähnliche Heritabilitäten für die Milchleistung in ökologischen (0,63) und konventionellen Produktionssystemen mit niedriger und hoher Managementintensität (0,59 und 0,65) geschätzt (Pfeiffer et al. 2017). Sundberg et al.

(2010) beschrieb ähnliche Heritabilitäten für schwedische Holstein-Kühe. Der Fettgehalt in den beiden Haltungsumwelten „Öko“ vs. „konventionelle“ weist eine hohe Erblichkeit auf, was mit den Ergebnissen anderer Studien mit Fokus auf den Vergleich der beiden Haltungssysteme übereinstimmt (Nauta et al. 2006; Hayes et al. 2010).

**Tabelle 16:** Pedigree- und SNP-basierte Heritabilitäten mit Standardfehler (SE) in ökologischen ( $h^2_{\text{öko}}$ ) und konventionellen ( $h^2_{\text{konv}}$ ) Betrieben sowie genetische Korrelationen ( $r_g$ )

Merkmal <sup>1</sup>	Pedigree-basiert			SNP-basiert		
	$h^2_{\text{öko}}$	$h^2_{\text{konv}}$	$r_g$	$h^2_{\text{öko}}$	$h^2_{\text{konv}}$	$r_g$
Milch, kg	0,43 (0,02)	0,48 (0,01)	0,59 (0,06)	0,44 (0,05)	0,36 (0,01)	0,82 (0,06)
Fett, %	0,71 (0,02)	0,74 (0,01)	0,85 (0,03)	0,75 (0,03)	0,70 (0,01)	0,99 (0,02)
PL, Tage	0,12 (0,02)	0,08 (0,01)	0,67 (0,13)	0,18 (0,14) <sup>2</sup>	0,21 (0,01) <sup>2</sup>	0,13 (0,18) <sup>2</sup>
MAST	0,11 (0,03)	0,06 (0,01)	0,41 (0,21)	0,06 (0,06)	0,03 (0,01)	0,44 (0,45)
OS	0,15 (0,03)	0,07 (0,01)	0,34 (0,18)	0,07 (0,07)	0,02 (0,01)	0,64 (0,52)
DD	0,33 (0,04)	0,08 (0,01)	0,30 (0,14)	0,10 (0,06)	0,05 (0,01)	0,51 (0,30)

<sup>1</sup>MAST = Mastitis; OS = Ovarielle Störungen; DD = Dermatitis Digitalis

<sup>2</sup>Für die Berechnung der genetischen Varianz für die LPL mit SNP-basierten Beziehungen wurden de-regressierte Zuchtwerte verwendet

Die Erblichkeit für die LPL, geschätzt mittels Pedigree-basierter Beziehungen, lag bei 0,12 (0,02) in den ökologischen und bei 0,08 (0,01) in den konventionellen Betrieben. Diese Ergebnisse sind vergleichbar mit geschätzten Heritabilitäten von Ahlman et al. (2011). Die Heritabilitäten der LPL unter Verwendung SNP-basierter Beziehungen basieren auf transformierten Zuchtwerten und waren daher in Analogie zu den Studien von Garrick et al. (2009) etwas höher.

Die geschätzten Heritabilitäten für die Erkrankungen waren niedrig bis moderat (0,02 bis 0,64). Die Erblichkeit für Mastitis in den konventionellen Betrieben deckte sich mit der von Parker Gaddis et al.(2014), geschätzt mittels Pedigree- und SNP-basierter Verwandtschaftsmatrizen. Heringstad (2010) und Gernand et al. (2012) schätzten eine Heritabilität von 0,06 für ovarielle Störungen. Die geschätzten Heritabilitäten für das Merkmal Dermatitis Digitalis (außer  $h^2_{\text{öko}}$  gerechnet mit Pedigree-basierten Verwandtschaftsmatrizen) waren niedrig und vergleichbar mit den Ergebnissen anderer Studien (König et al. 2008; Gernand et al. 2012). Zwischen ökologischen und konventionellen Haltungssystemen wurden deutliche Unterschiede in den Heritabilitäten für die Erkrankungen MAST, OS und DD geschätzt, mit doppelt bis dreifach höheren Heritabilitäten in den ökologischen Betrieben im Vergleich zu konventionellen Betrieben (**Tabelle 16**). Als eine mögliche Ursache ist die niedrigere Residuen-Varianz in den ökologischen Betrieben in Betracht zu ziehen. Für alle drei Erkrankungen wurden höhere



Heritabilitäten auf Basis von Pedigree-Daten im Gegensatz zu den Berechnungen auf Basis von SNP-Daten geschätzt. Veerkamp et al. (2011) und Haile-Mariam et al. (2013) beschrieben ebenfalls höhere Heritabilitäten basierend auf Pedigree-Daten im Vergleich zu SNP-basierten Heritabilitäten für verschiedenste Produktionsmerkmale, funktionale Merkmale und für Exterieur-Merkmale. Als ein Grund kann eine zu niedrige Markerdichte der SNP-Daten in Betracht gezogen werden (Haile-Mariam et al. 2013).

Eine genetische Korrelation von  $\leq 0,8$  gilt als Indikator für GUI (Robertson 1959). Die genetische Korrelation zwischen ökologischen und konventionellen Produktionssystemen für die Milchleistung lag bei 0,59 für Pedigree-basierte und bei 0,82 für SNP-basierte Verwandtschaftsmatrizen. Dies deutet darauf hin, dass Bullen aus konventionellen Produktionssystem hinsichtlich ihrer Leistung in ökologischen Betrieben neu eingestuft werden müssen. Nauta et al. (2006) schätzten genetische Korrelationen von 0,79 bis 0,99 für die Milchleistung zwischen unterschiedlichen Haltungssystemen. Kearney et al. (2004b) schätzten eine genetische Korrelation von 0,89 zwischen Betrieben mit Weidehaltung und Stallhaltung. Für den Fettgehalt wurde eine genetische Korrelation von 0,85 auf Basis von Pedigree-Daten und 0,99 auf Basis von SNP-Daten geschätzt. Dieses Ergebnis zeigt, dass zwischen ökologischen und konventionellen Haltungsumwelten für den Milchfettgehalt offensichtlich keine GUI vorliegen. In der Studie von Nauta et al. (2006) wurden hohe Korrelationen für den Fettgehalt zwischen verschiedenen Produktionssystemen geschätzt, was darauf hindeutet, dass für den Fettgehalt die gleichen Gene in unterschiedlichen Haltungsumwelten wirken.

Für die LPL lag die genetische Korrelation bei 0,67 und die genomische Korrelation bei 0,13. Dies deutet auf starke GUI zwischen ökologischen und konventionellen Produktionssystemen hin. Im Gegensatz zu unseren Ergebnissen wiesen Ahlman et al. (2011) in schwedischen Holsteins und Pfeiffer et al. (2016) beim österreichischen Fleckvieh keine GUI für unterschiedliche Langlebighkeitsmerkmale in ökologischen und konventionellen Betrieben nach. Ein Grund dafür könnten unterschiedliche Bio-Standards in den verschiedenen Ländern sein.

Die genetischen und genomischen Korrelationen waren für die Erkrankungen niedriger als für die Produktionsmerkmale und bewegten sich in einem Bereich von 0,30 bis 0,64, allerdings mit hohen Standardfehlern (0,14-0,52). Ein Grund dafür kann die kleine Anzahl an Beobachtungen in den ökologischen Betrieben (Haile-Mariam et al. 2008) oder niedrige Heritabilitäten der Gesundheitsmerkmale (Craig et al. 2018) sein, was sich in den in diesem Projekt geschätzten Heritabilitäten bestätigt (siehe **Tabelle 16**). Auch Calus et al. (2004) berichteten, dass GUI für Merkmale mit niedriger Heritabilität im Vergleich zu Merkmalen mit hoher Heritabilität schwieriger nachzuweisen sind.

Die genetischen Korrelationen zwischen dem funktionalen Merkmal LPL und den verschiedenen Krankheiten lagen unter 0,65. Daher kann es für den Zuchtfortschritt vorteilhafter sein, zwei getrennte Zuchtprogramme für die ökologische und die konventionelle Produktionsumgebung anzuwenden (Slagboom et al. 2019).

### ***Genomweite Assoziationsstudien***

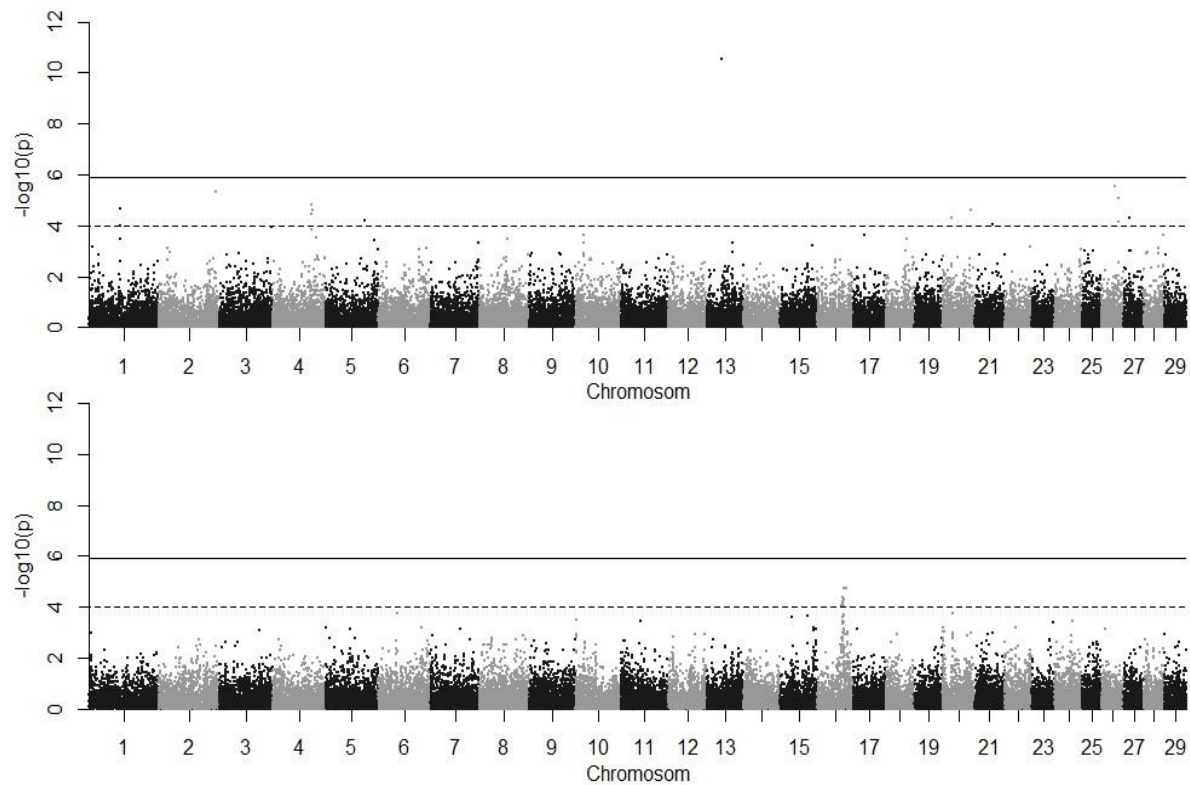
Es wurden genomweite Assoziationsanalysen für die Länge der produktiven Lebensdauer, Mastitis, ovarielle Störungen und Dermatitis Digitalis durchgeführt. Nur einzelne SNP überschritten die Bonferroni-korrigierte Signifikanzschwelle ( $P_{\text{Bonf}} = 1.22 \times 10^{-6}$ ), daher wurde zusätzlich eine wenig konservative Signifikanzschwelle für potenzielle Kandidatengene ( $P_{\text{Kand}} = 1 \times 10^{-4}$ ) gesetzt (Kurz et al. 2019). Die **Abbildungen 18, 19, 20** und **21** zeigen die  $-\log_{10}(p\text{-Werte})$  der SNP-Marker auf den jeweiligen Chromosomen, dargestellt als Manhattan-Plot. Gene, die  $\pm 100.000$  Basenpaare (bp) neben einem SNP-Marker lagen, wurden als potenzielle Kandidatengene berücksichtigt. Die **Tabellen 17, 18, 19** und **20** zeigen alle SNP-Marker, die  $P_{\text{Bonf}}$  bzw.  $P_{\text{Kand}}$  überschritten, mit der zugehörigen chromosomalen Position in Basenpaaren, deren Name sowie der Position des identifizierten Gens.

Die signifikant assoziierten SNP für LPL im konventionellen Haltungssystem zeigen eine weite Streuung über das gesamte Genom und sind auf insgesamt neun Chromosomen verteilt (**Tabelle 17**). Der am höchsten assoziierteste SNP im konventionellen Haltungssystem (*Hapmap59420-ss46527113*) liegt auf BTA13 und nahe des Kandidatengens *MTPAP*, welches eine zentrale Rolle bei dem biologischen Prozess der von Mitophagie (gezielter Abbau von beschädigten Mitochondrien) spielt (Furuya et al. 2018). Demensprechend schützt dieses Gen vor mitochondrialen Fehlfunktionen, die an der Entstehung einer Vielzahl von Erkrankungen beteiligt sind (Wallace 2012; Pagano et al. 2014). In der Studie von Nayeri et al. (2017) wurden ebenfalls SNP für die funktionale Nutzungsdauer auf BTA13 identifiziert. Auf BTA26 liegen drei assoziierte SNP im Bereich von 32,5 Megabasen (Mb) bis 39,1 Mb. Raven et al. (2014) und Kolbehdari et al. (2009) identifizierten SNP auf BTA26 in einem nahe liegenden Bereich, welche mit dem Proteingehalt und der somatischen Zellzahl assoziiert waren. Das für zwei unserer auf BTA26 identifizierten SNP annotierte Kandidatengen *CACUL1* (**Tabelle 17**) wurde zuvor beim Nellore-Rind mit dem Erstkalbealter in Verbindung gebracht (Nascimento et al. 2018).

Van Tassell et al. (2000) konnten einen SNP auf BTA2 bei 122,8 Mb mit der produktiven Lebensdauer assoziieren, welcher nahe einem in unserer Studie identifizierten SNP auf BTA2; auf der Position von 128,3 Mb liegt. Das mit diesem SNP assoziierte Gen *NCMAP* ist in Nellore-Rindern als die Sterblichkeit vor dem Absetzen beeinflussendes Gen gefunden worden (Garzon

2019). Das potenzielle Kandidatengen *DLG1* (BTA1; 71,5-71,8 Mb) codiert für Proteine und Moleküle, welche bei der Vermittlung der Immunantwort eine Rolle spielen. Yoshida et al. (2008) berichteten über die Mitwirkung *DLG1* zur Entstehung der Leukämie beim Menschen.

### **Langlebigkeit**



**Abbildung 18:** Manhattan-Plot für die Länge der produktiven Lebensdauer im konventionellen (oben) und ökologischen (unten) Produktionssystem. Die durchgezogene Linie repräsentiert den Bonferroni-korrigierten Schwellenwert ( $P_{\text{Bonf}} = 1,22 \times 10^{-6}$ ), die gestrichelte Linie repräsentiert den Kandidaten-Schwellenwert ( $P_{\text{Kand}} = 1 \times 10^{-4}$ )

Ein weiteres Kandidatengen ist *LEP* (BTA4; 92,4 Mb), welches im Fettstoffwechsel eine Rolle spielt. Metin Kiyici et al. (2019) berichteten einen Zusammenhang von *LEP* mit der somatischen Zellzahl und Szyda et al. (2011) identifizierten einen Polymorphismus in diesem Gen mit Wirkung auf die Langlebigkeit bei Kühen. Für zwei assoziierte SNP auf BTA4 im 88,7-88,8 Mb Bereich wurden keine Kandidatengene detektiert. Für Chromosom 4 beschrieben Raven et al. (2014) und Heyen et al. (1999) einen Zusammenhang mit der Fruchtbarkeit und mit der Nutzungsdauer für Milchkühe, jedoch waren die dort identifizierten SNP andere als diejenigen in unserer Studie. Der mit der LPL assoziierte SNP auf BTA5 (88,5 Mb) liegt im Gen *LDHB*. Xu et al. (2019) beschrieben das Gen *LDHB* als vielversprechendes Kandidatengen für die Milch-, Fett-, Protein- und Laktose-Synthese bei Milchrindern. Saowaphak et al. (2017) fanden ebenfalls

mit dem Merkmal LPL assoziierte SNP auf BTA5 beim Rind. Auf BTA20 wurde das potenzielle Kandidatengen *SEMA5A* gefunden. Sugimoto et al. (2006) identifizierten *SEMA5A* als die Mastitis-Resistenz beeinflussendes Gen. Kolbehdari et al. (2008) konnten Quantitative Trait loci (QTL) für die Nutzungsdauer von Holstein-Kühen auf BTA20 nachweisen. Der auf BTA27 assoziierte SNP wurde zuvor nicht beschrieben.

**Tabelle 17:** Signifikante SNP-Marker und potenzielle Kandidatengene für die Länge der produktiven Lebensdauer für Kühe aus konventionellen Haltungssystemen

SNP-Name	BTA <sup>1</sup>	SNP-Position (bp) <sup>2</sup>	Log10 (p-Werte)	Gen-Name	Gen-Position (bp) <sup>2</sup>
Hapmap51434-BTA-34642	1	71.760.764	4,65	<i>DLG1</i>	71.513.093 - 71.780.855
				<i>NCMAP</i>	128.320.578 - 128.334.929
ARS-BFGL-NGS-8433	2	128.377.966	5,35	<i>RCAN3</i>	128.388.785 - 128.422.500
BTB-01323560	4	88.686.550	4,44		
Hapmap51964-BTA-100658	4	88.783.875	4,84		
ARS-BFGL-NGS-34894	4	92.474.426	4,61	<i>LEP</i>	92.436.922 - 92.453.653
				<i>RBM28</i>	92.499.373 - 92.531.680
Hapmap59389-rs29023212	5	88.560.515	4,22	<i>LDHB</i>	88.544.523 - 88.562.783
Hapmap59420-ss46527113	13	35.229.941	10,54	<i>MTPAP</i>	35.229.884 - 35.260.074
Hapmap49633-BTA-50009	20	19.983.821	4,31	<i>PDE4D</i>	20.014.955 - 20.315.593
BTB-00022582	20	63.746.476	4,60	<i>SEMA5A</i>	63.654.369 - 64.216.207
ARS-BFGL-NGS-116938	21	43.691.590	4,05		
BTB-00938770	26	32.533.877	5,55		
BTA-93527-no-rs	26	39.050.907	4,15	<i>CACULI</i>	38.953.563 - 39.017.643
ARS-BFGL-NGS-84251	26	39.112.026	5,08		
BTB-00951635	27	12.235.101	4,32		

<sup>1</sup>BTA = *Bos taurus* Autosom

<sup>2</sup>Positionen im bovinen Referenzgenom UMD3.1

Für das Merkmal LPL wurden für Kühe aus dem ökologischen Haltungssystem lediglich auf Chromosom (BTA) 16 im 53,5-64,8 Mb Bereich assoziierte SNP gefunden (**Abbildung 18, Tabelle 18**). Die Kandidatengene *KIAA0040*, *COP1*, *RALGPS2* und *RASAL2* wurden sowohl beim Mensch als auch beim Tier mit einer Kanzerogenität und Nicht-Kanzerogenität assoziiert (Peng et al. 2008; Marine 2012; Santos et al. 2016; Zhou et al. 2019). Das Gen *BRINP2* wurde in Versuchen an Mäusen mit Störungen der Nervenzellbildung in Verbindung gebracht (Berkowicz et al. 2016). Li et al. (2018) fanden Assoziationen zwischen *BRINP2* und der Fruchtbarkeit von Büffeln. Das ebenfalls auf BTA16 identifizierte Kandidatengen *RASAL2* ist bei Fleischrindern mit dem Muskelwachstum assoziiert (Doyle et al. 2020). Das Gen *RGL1* wurde in einer thailändischen Milchviehpopulation als Kandidatengen für die Milchproduktion beschrieben (Yodklaew et al. 2017).

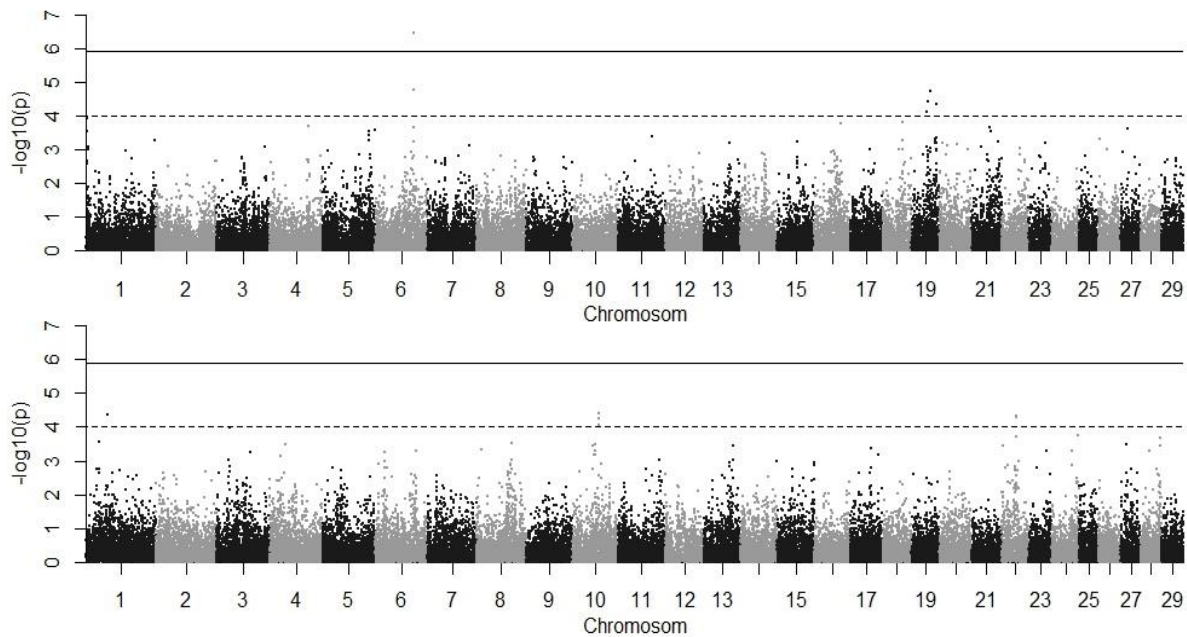
**Tabelle 18:** Signifikante SNP-Marker und potenzielle Kandidatengene für die Länge der produktiven Lebensdauer für Kühe aus ökologischen Haltungssystemen

SNP-Name	BTA <sup>1</sup>	SNP-Position (bp) <sup>2</sup>	Log10 (p-Werte)	Gen-Name	Gen-Position (bp) <sup>2</sup>
ARS-BFGL-NGS-53540	16	53.585.655	4,08		
BTA-39611-no-rs	16	56.426.595	4,20	<i>KIAA0040</i>	56.399.984 - 56.400.286
ARS-BFGL-NGS-108847	16	57.101.068	4,12		
ARS-BFGL-NGS-1152	16	57.144.029	4,39	<i>COP1</i>	57.201.765 - 57.426.155
ARS-BFGL-NGS-129	16	58.590.390	4,30	<i>BRINP2</i>	58.500.206 - 58.558.936
ARS-BFGL-NGS-21162	16	59.652.144	4,26	<i>RASAL2</i>	59.629.859 - 59.878.925
BTB-01492749	16	59.841.996	4,03		
BTB-00650214	16	60.355.931	4,71	<i>RALGPS2</i>	60.124.735 - 60.284.409
				<i>FAM20B</i>	60.375.301 - 60.417.812
ARS-BFGL-NGS-90008	16	64.795.470	4,73	<i>RGL1</i>	64.794.721 - 64.961.884

<sup>1</sup>BTA = *Bos taurus* Autosom

<sup>2</sup>Positionen im bovinen Referenzgenom UMD3.1

### *Mastitis*



**Abbildung 19:** Manhattan-Plot für Mastitis im konventionellen (oben) und ökologischen (unten) Produktionssystem. Die durchgezogene Linie repräsentiert den Bonferroni-korrigierten Schwellenwert ( $P_{\text{Bonf}} = 1,22 \times 10^{-6}$ ), die gestrichelte Linie repräsentiert den Kandidaten-Schwellenwert ( $P_{\text{Kand}} = 1 \times 10^{-4}$ )

**Abbildung 19** zeigt die Manhattan-Plots für mit Mastitis assoziierte SNP in den konventionellen und ökologischen Haltungssystemen. In den konventionellen Haltungssystemen wurden signifikante SNP auf BTA6 und 19 gefunden (**Tabelle 19**), wobei ein SNP über dem Bonferroni-korrigierten Schwellenwert liegt. In den ökologischen Haltungssystemen wurden signifikant assoziierte SNP auf BTA1, 10 und 22 identifiziert (**Tabelle 20**). Die Kandidatengene *SLC4A4*, *GC* und *NPF2R2* wurden bereits in früheren Studien als Mastitis-Gene beschrieben (Sahana et al. 2014; Wu et al. 2015; Cai et al. 2018; Weller et al. 2018). Jiang et al. (2019) und Nayeri et al. (2019) assoziierten diese Gene mit der Milchleistung, dem Proteingehalt und mit Ketose. Melendez et al. (2019) konnten das in unserer GWAS für Mastitis identifizierte Gen *SKAP1* mit der Fettablagerung in Holstein-Kühen in Zusammenhang bringen. In Übereinstimmung mit den Untersuchungen von Sahana et al. (2014) und Wu et al. (2015) konnten in unserer GWAS ebenfalls SNP auf BTA19 mit einer verbesserten Mastitis-Resistenz assoziiert werden.

**Tabelle 19:** Signifikante SNP-Marker und potenzielle Kandidatengene für Mastitis aus konventionellen Haltungssystem

SNP-Name	BTA <sup>1</sup>	SNP-Position (bp) <sup>2</sup>	Log10 (p-Werte)	Gen-Name	Gen-Position (bp) <sup>2</sup>
ARS-BFGL-NGS-118182	6	86.860.291	6,44	<i>SLC4A4</i>	86.381.836 - 86.809.131
				<i>GC</i>	86.953.984 - 87.007.062
BTB-01654826	6	87.156.735	4,76	<i>NPFFR2</i>	87.248.937 - 87.325.253
ARS-BFGL-NGS-105337	19	34.924.937	4,12	<i>FLCN</i>	34.915.672 - 34.932.182
BTB-01941088	19	38.115.441	4,44	<i>SKAPI</i>	38.060.253 - 38.364.401
ARS-BFGL-NGS-27742	19	43.345.214	4,74	<i>ARL4D</i>	43.342.402 - 43.344.318
				<i>DHX8</i>	43415313 - 43443775
Hapmap38228-BTA-46092	19	56.601.799	4,35	<i>TMEM104</i>	56.577.202 - 56.647.063

<sup>1</sup>BTA = *Bos taurus* Autosom

<sup>2</sup>Positionen im bovinen Referenzgenom UMD3.1

Die GWAS in ökologischen Produktionssystemen lieferte sieben potenzielle Kandidatengene für das Merkmal Mastitis. Das *ALCAM* Gen ist beim Deutschen Schwarzbunten Niederungsrind als Kandidatengenen für eine verbesserte Endoparasitenresistenz beschrieben (May et al. 2019). Das *ALCAM* für Zelladhäsionsmoleküle codiert, welche bei der Kommunikation von T- und B-Helferzellen eine entscheidende Rolle in vielen Immunabwehrprozessen im Körper spielt, kann auch bei einer durch bakterielle Infektionen hervorgerufene Mastitis von einer erhöhten *ALCAM*-Expression ausgegangen werden. Pant et al. (2010) und Mallikarjunappa et al. (2018) konnten zeigen, dass die hier in den ökologischen Betrieben mit Mastitis assoziierten Gene *GLDN*, *USP8*, *GABPB1* und *HDC* auch im Zuge von Paratuberkulose-Infektionen bei Holstein-Rindern eine wichtige Funktion einnehmen. Bei Paratuberkulose handelt es sich, wie bei Mastitis, um eine durch bakterielle Erreger hervorgerufene Infektion beim Rind. Die Kandidatengene *GLDN* und *CYP19A1* sind in einer kürzlich erschienenen Studie mit der Schlachtkörperqualität beim Schweizer Braunvieh assoziiert worden (Fang und Pausch 2019), und das Gen *FAM19A1* mit dem Schlachtkörpergewicht in koreanischen Hanwoo Rindern (Edea et al. 2018). Polymorphismen im *CYP19A1* Gen führen zu einer Inaktivität der Eierstöcke in weiblichen Wasserbüffeln (El-Bayomi et al. 2018).

**Tabelle 20:** Signifikante SNP-Marker und potenzielle Kandidatengene für Mastitis aus ökologischen Haltungssystem

SNP-Name	BTA <sup>1</sup>	SNP-Position (bp) <sup>2</sup>	Log10 (p-Werte)	Gen-Name	Gen-Position (bp) <sup>2</sup>
BTB-01165120	1	50.064.432	4,36	<i>ALCAM</i>	49.930.775 - 50.160.291
ARS-BFGL-NGS-12407	10	59.026.013	4,26	<i>GLDN</i>	58.951.441 - 59.006.267
BTA-72298-no-rs	10	59.055.406	4,41	<i>CYP19A1</i>	59.102.240 – 59.156.607
Hapmap57627-rs29027143	10	59.785.440	4,04	<i>USP8</i>	59.758.633 - 59.849.849
Hapmap44561-BTA-72345	10	59.977.416	4,04	<i>GABPB1</i>	59.890.308 - 59.967.550
				<i>HDC</i>	59.982.866 – 60.004.776
ARS-BFGL-NGS-110665	22	33.306.246	4,31	<i>FAM19A1</i>	32.966.389 - 33.471.943
ARS-BFGL-BAC-4845	22	33.329.374	4,30		

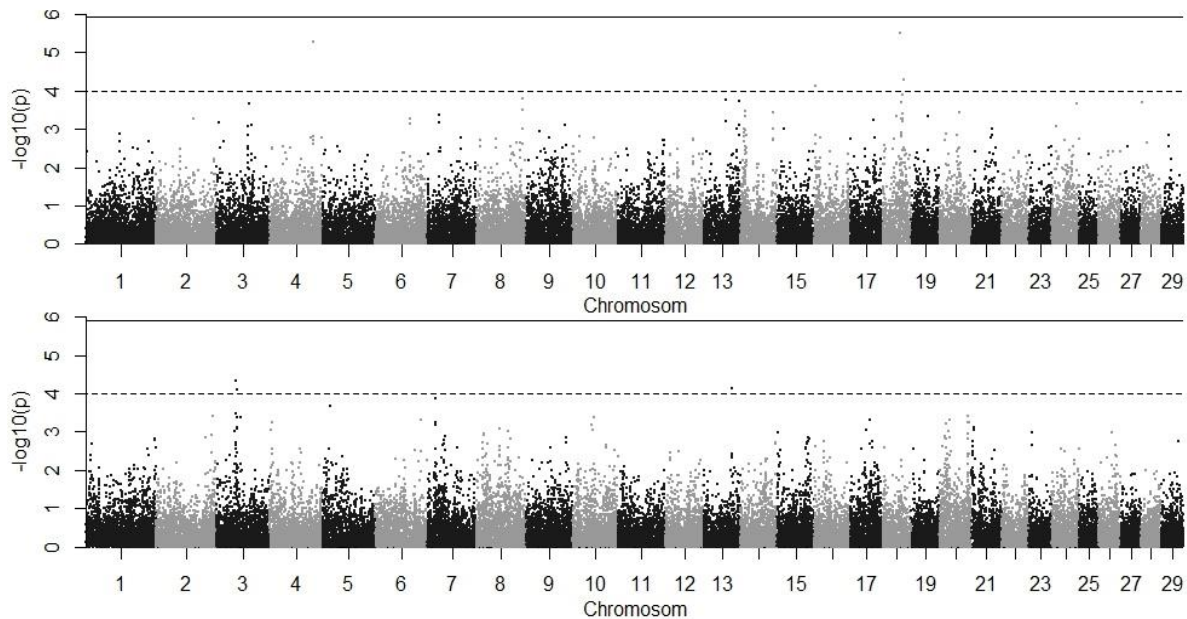
<sup>1</sup>BTA = *Bos taurus* Autosom

<sup>2</sup>Positionen im bovinen Referenzgenom UMD3.1

Der Vergleich der GWAS für Mastitis konventioneller und ökologischer Haltungssysteme zeigt, dass die für ökologische Betriebe identifizierten Kandidatengene bislang nicht spezifisch mit Euterentzündungen in Verbindung gebracht wurden, jedoch mit anderen bakteriellen und parasitären Infektionen. Daraus lässt sich ableiten, dass die in ökologischen Haltungssystemen identifizierten Marker und Gene bei entsprechender Zucht nicht nur die Mastitis-Resistenz, sondern auch die Resistenz für weitere, durch pathogene Erreger hervorgerufene Erkrankungen verbessert und damit zu einer insgesamt verbesserten Robustheit der Kühe beiträgt. Auch ist davon auszugehen, dass in ökologischen Betrieben im Rahmen einer zukünftigen genomischen Selektion auf verbesserte Mastitis-Resistenz möglicherweise andere SNP-Marker und Gene zu berücksichtigen sind als in konventionellen Betrieben.



### *Ovarielle Störungen*



**Abbildung 20:** Manhattan-Plot für ovarielle Störungen im konventionellen (oben) und ökologischen (unten) Produktionssystem. Die durchgezogene Linie repräsentiert den Bonferroni-korrigierten Schwellenwert ( $P_{\text{Bonf}} = 1,22 \times 10^{-6}$ ), die gestrichelte Linie repräsentiert den Kandidaten-Schwellenwert ( $P_{\text{Kand}} = 1 \times 10^{-4}$ )

Die Manhattan-Plots für ovarielle Störungen in konventionellen und ökologischen Haltungssystemen sind in **Abbildung 20** dargestellt. Signifikant assoziierte SNP fanden sich in den konventionellen Betrieben auf BTA4, 16 und 18 (**Tabelle 21**) und in den Kühen ökologischer Betriebe auf BTA3 und 13 (**Tabelle 22**), wobei kein SNP die Bonferroni-korrigierte Signifikanzschwelle überschritt. Yang et al. (2016) beschrieben einen Effekt des Kandidatengens *AKR1B1* auf den Abbau des Gelbkörpers in den Eierstöcken, was sich mit unserem Ergebnis deckt. Das Kandidatengens *MDM4* wurde von Danovi et al. (2004) und Gao et al. (2019) als kanzerogenes Gen beschrieben. Das Kandidatengens *ZNF23* induziert den Zelltod in menschlichen Eierstock-Krebszellen (Huang et al. 2008).

**Tabelle 21:** Signifikante SNP-Marker und potenzielle Kandidatengene für ovarielle Störungen in konventionellen Haltungssystem

SNP-Name	BTA <sup>1</sup>	SNP-Position (bp) <sup>2</sup>	Log10 (p-Werte)	Gen-Name	Gen-Position (bp) <sup>2</sup>
ARS-BFGL-NGS-77010	4	98.180.851	5,26	<i>AKR1B1</i>	98.115.288 - 98.132.148
				<i>AKR1B10</i>	98.217.455 - 98.239.457
Hapmap27200-BTA-154249	16	2.288.457	4,13	<i>MDM4</i>	2.255.641 - 2.292.885
ARS-BFGL-NGS-104890	18	39.636.977	5,50	<i>ZNF23</i>	39.613.326 - 39.627.072
				<i>CALB2</i>	39.673.114 - 39.702.531
ARS-BFGL-BAC-35026	18	47.927.237	4,27	<i>SIPA1L3</i>	47.786.571 - 48.022.839

<sup>1</sup>BTA = *Bos taurus* Autosome

<sup>2</sup>Positionen im bovinen Referenzgenom UMD3.1

Das Kandidatengen *PLPPR4* ist in die Follikelbildung involviert und könnte damit auch eine ursächliche Funktion bei ovariellen Störungen haben (Yu et al. 2019). Chen et al. (2019) dagegen schrieben dem Gen *PLPPR4* eine regulatorische Rolle im Wachstumsprozess beim Huhn zu. Wang et al. (2016) beschrieb das *EPB41L1* Gen als einen potentiellen Tumorsuppressor.

Obwohl die Assoziationen für ovarielle Störungen in konventionellen und ökologischen Haltungssystemen auf unterschiedlichen Chromosomen liegen, sind Kandidatengene aus beiden Betriebstypen bereits mit Fruchtbarkeitsstörungen oder ovariellen Funktionen in Verbindung gebracht worden.

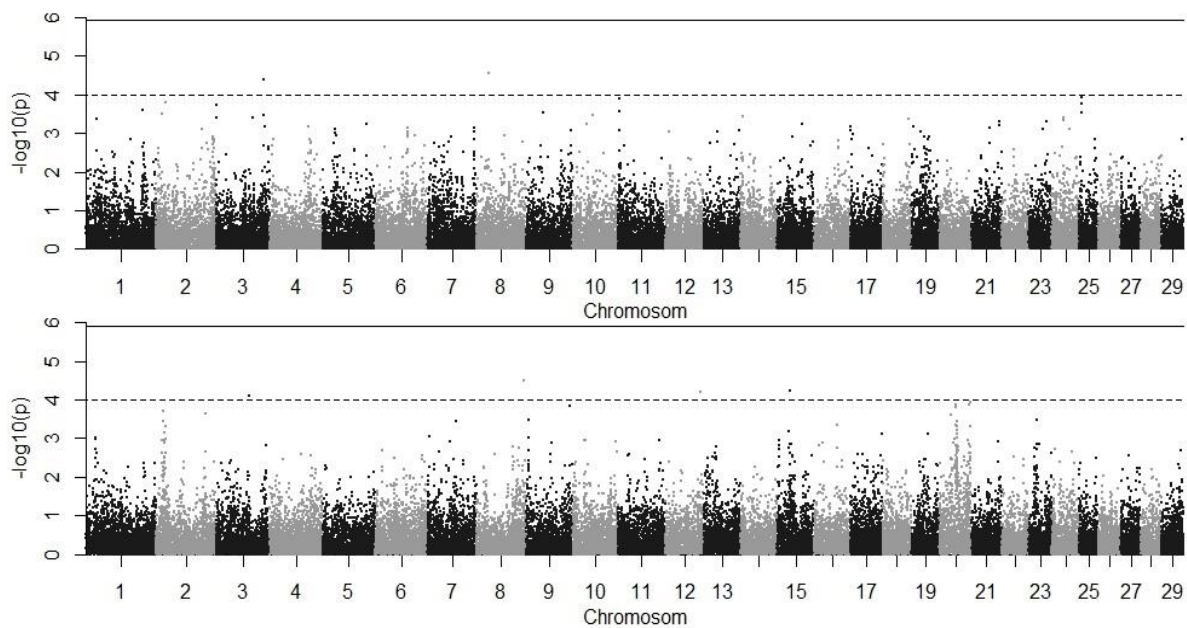
**Tabelle 22:** Signifikante SNP-Marker und potenzielle Kandidatengene für ovarielle Störungen aus ökologischen Haltungssystem

SNP-Name	BTA <sup>1</sup>	SNP-Position (bp) <sup>2</sup>	Log10 (p-Werte)	Gen-Name	Gen-Position (bp) <sup>2</sup>
ARS-BFGL-NGS-4513	3	44.017.413	4,32	<i>PLPPR4</i>	43.921.627 - 43.976.646
BTA-20774-no-rs	3	46.986.210	4,09		
ARS-BFGL-NGS-70015	13	65.240.366	4,14	<i>EPB41L1</i>	65.221.138 - 65.353.703

<sup>1</sup>BTA = *Bos taurus* Autosom

<sup>2</sup>Positionen im bovinen Referenzgenom UMD3.1

### *Dermatitis Digitalis*



**Abbildung 21:** Manhattan-Plot für Dermatitis Digitalis im konventionellen (oben) und ökologischen (unten) Produktionssystem. Die durchgezogene Linie repräsentiert den Bonferroni-korrigierten Schwellenwert ( $P_{\text{Bonf}} = 1,22 \times 10^{-6}$ ), die gestrichelte Linie repräsentiert den Kandidaten-Schwellenwert ( $P_{\text{Kand}} = 1 \times 10^{-4}$ )

Die Manhattan-Plot für das Merkmal Dermatitis Digitalis in konventionellen und ökologischen Haltungssystemen sind in der **Abbildung 21** dargestellt. In den konventionellen Betrieben befanden sich signifikant assoziierte SNP auf BTA3 und 8 (**Tabelle 23**), während diese in den ökologischen Haltungssystemen auf BTA3, 8, 12 und 15 zu finden waren (**Tabelle 24**). Keiner dieser SNP überschritt die Bonferroni-korrigierte Signifikanzschwelle.

**Tabelle 23:** Signifikante SNP-Marker und potenzielle Kandidatengene für Dermatitis Digitalis im konventionellen Haltungssystem

SNP-Name	BTA <sup>1</sup>	SNP-Position (bp) <sup>2</sup>	Log10 (p-Werte)	Gen-Name	Gen-Position (bp) <sup>2</sup>
ARS-BFGL-NGS-87394	3	108.523.825	4,40		
BTB-01271445	8	27.700.660	4,55	<i>BNC2</i>	27.468.468 - 27.944.404

<sup>1</sup>BTA = *Bos taurus* Autosom

<sup>2</sup>Positionen im bovinen Referenzgenom UMD3.1

Peters et al.(2014) wiesen Assoziationen zwischen dem Gen *BNC2* und der Fruchtbarkeit in Brangus Färsen nach. In andere GWAS-Studien für Klauenerkrankungen wurden keine SNP-Marker gefunden, die mit unseren Ergebnissen für die konventionellen Betriebe übereinstimmen (Wu et al. 2016; Malchiodi et al. 2018).

**Tabelle 24:** Signifikante SNP-Marker und potenzielle Kandidatengene für Dermatitis Digitalis im ökologischen Haltungssystem

SNP-Name	BTA <sup>1</sup>	SNP-Position (bp) <sup>2</sup>	Log10 (p-Werte)	Gen-Name	Gen-Position (bp) <sup>2</sup>
Hapmap55103-rs29011390	3	74.438.439	4,10		
ARS-BFGL-NGS-884	8	107.482.423	4,49		
ARS-BFGL-NGS-118171	12	80.191.366	4,19		
BTB-00590347	15	31.026.940	4,22	<i>ARHGEF12</i>	30.922.864 - 31.090.062

<sup>1</sup>BTA = *Bos taurus* Autosom

<sup>2</sup>Positionen im bovinen Referenzgenom UMD3.1

Kirsanova et al. (2020) beschrieben das Gen *ARHGEF12* als Kandidatengene für subklinische Mastitis in der Rasse Norwegisches Rotvieh. Daher scheint dieses Gen für Moleküle der Immunantwort und Entzündungsreaktion zu codieren, wie sie auch im Zuge der bakteriell induzierten Erkrankung Dermatitis Digitalis eine Rolle spielen. Sánchez-Molano et al. (2019) haben ebenfalls assoziierte SNP für Dermatitis Digitalis auf BTA3 gefunden. Van der Spek et al. (2015) fanden keine mit Dermatitis Digitalis, allerdings mit Sohlengeschwüren assoziierte SNP auf BTA8.

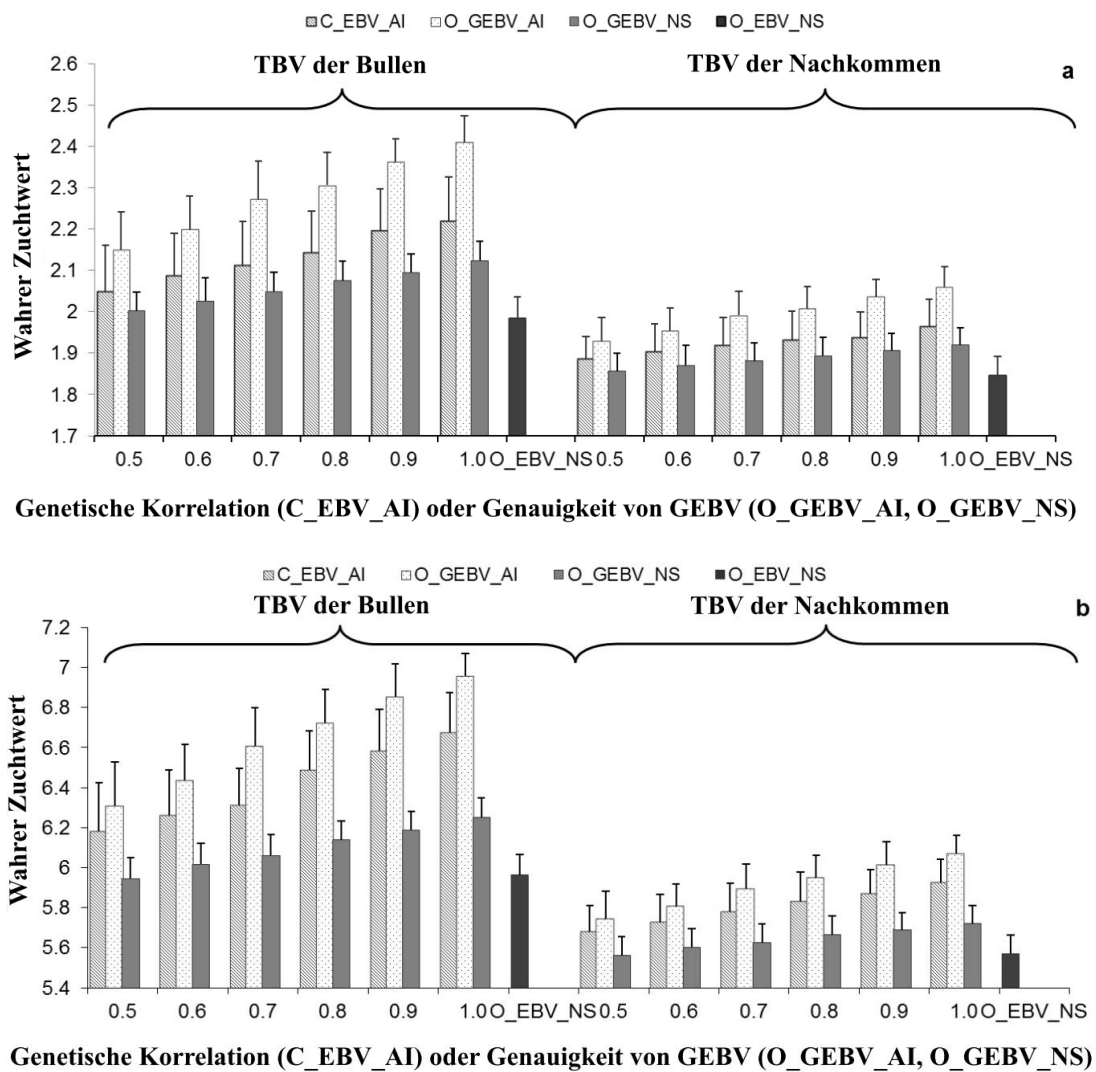
Die bis dato in GWAS für Dermatitis Digitalis identifizierten SNP-Marker konnten in unseren Analysen nicht bestätigt werden. Sánchez-Molano et al. (2019) berichteten beispielsweise Assoziation für Dermatitis Digitalis auf BTA11 und 27 und Kopke (2019) auf BTA1, 6, 10, 11, 19, 25 und 29. Die niedrige Inzidenz für Dermatitis Digitalis in den von uns genotypisierten Kühen könnte diese Differenzen möglicherweise begründen.

#### 4.5 AP VII und AP VIII – Deterministische und stochastische Zuchtplanungssoftware (AG Tierzucht Gießen)

*Wahre Zuchtwerte selektierter Bullen und ihrer Nachkommen*

**Abbildung 22** zeigt den Vergleich der durchschnittlichen wahren Zuchtwerte und der durchschnittlichen modifizierten Zuchtwerte selektierter Bullen und deren Nachkommen nach einer Anpaarungsrunde mit Kühen aus ökologischer Haltung für die vier verschiedenen Szenarien C\_EBV\_AI, O\_GEBV\_AI, O\_GEBV\_NS und O\_EBV\_NS mit einer Erblichkeit von a) 5 % und b) 30 %. Die Ergebnisse von Szenario C\_GEBV\_AI sind in **Abbildung 23** dargestellt. Dabei wurde ein Anstieg der wahren Zuchtwerte bei gleichzeitigem Anstieg der genetischen Korrelation (für C\_EBV\_AI) bzw. Genauigkeit der genomischen Zuchtwerte sowohl für das niedrig (a) als auch für das hoch erbliche (b) Merkmal beobachtet. In Bezug auf die durchschnittlichen wahren Zuchtwerte war der Zuchtfortschritt wie erwartet höher für das Merkmal mit der hohen Heritabilität. Die höchsten wahren Zuchtwerte zeigten sich für Szenario O\_GEBV\_AI für eine Erblichkeit von 5 % mit einer Genauigkeit von über 70 % und für eine Erblichkeit von 30 % mit einer Genauigkeit von über 80 %. Für eine Verbesserung niedrig erblicher Merkmale ist daher anzunehmen, dass die Selektion von 5 Bullen mit einer Genauigkeit der genomischen Zuchtwerte von über 70 % in ökologischen Populationen und einer anschließenden Nutzung für die künstliche Besamung den höchsten Selektionsfortschritt erzielt. Für Szenario O\_GEBV\_AI waren die durchschnittlichen wahren Zuchtwerte mit einer Genauigkeit von 70 % etwas höher im Vergleich zu einem klassischen Jungbullenzuchtprogramm in der konventionellen Population, sofern GUI nicht mitberücksichtigt wurden ( $r_g = 1$ ). Für identische Genauigkeiten der genomischen Zuchtwerte und eine direkte Selektion der Bullen für die ökologische Haltungsumwelt erreichte Szenario O\_GEBV\_AI immer den besseren Zuchtfortschritt im Vergleich zu Szenario O\_GEBV\_NS. Für beide Merkmale (Heritabilität mit 5 und 30 %) und alle Zuchtszenarien waren die durchschnittlichen wahren Zuchtwerte der Bullen immer höher als die wahren Zuchtwerte ihrer Nachkommen. Eine Selektion von nur 5 Bullen der 74.400 Kandidaten in der konventionellen Population, und von 5 Bullen aus 600 Kandidaten in der ökologischen Population, führt zu sehr hohen Selektionsintensitäten von  $i = 4,05$  und  $i = 2,73$ . König et al. (2011) konnten einen Anstieg der wahren Zuchtwerte bei sehr intensiver Selektion von Jungbullen für die künstliche Besamung zeigen. Weitere theoretische Studien stellten bereits die dominierende Rolle der väterlichen Seite in Milchviehzuchtprogrammen heraus (u.a. van Tassell und van Vleck 1991). In diesen Studien wurden die Bullen jedoch anhand ihrer Pedigree-Zuchtwerte oder genomischen Zuchtwerte für einzelne Merkmale selektiert, wohingegen die realisierten Selektionsintensitäten in Realität

aufgrund einer Vielzahl zusätzlicher phänotypischer Selektionskriterien niedriger sind (König et al. 2011). Die Selektionsintensität der Kühe war im vorliegenden Datenmaterial niedriger ( $i = 0,55$ ) im Vergleich zu den Bullen. Dies deutet darauf hin, dass Kühe mit einem niedrigen genetischen Wert mit Jungbullen angepaart wurden. Als Resultat sind die durchschnittlichen wahren Zuchtwerte der Nachkommen niedriger als die wahren Zuchtwerte ihrer Väter.



**Abbildung 22:** Durchschnitt und Standardabweichung wahrer Zuchtwerte selektierter Bullen und deren Nachkommen für vier verschiedene Szenarien (s. **Tabelle 6**) für a) eine Heritabilität von 5 % und b) eine Heritabilität von 30 %; TBV = Wahrer Zuchtwert

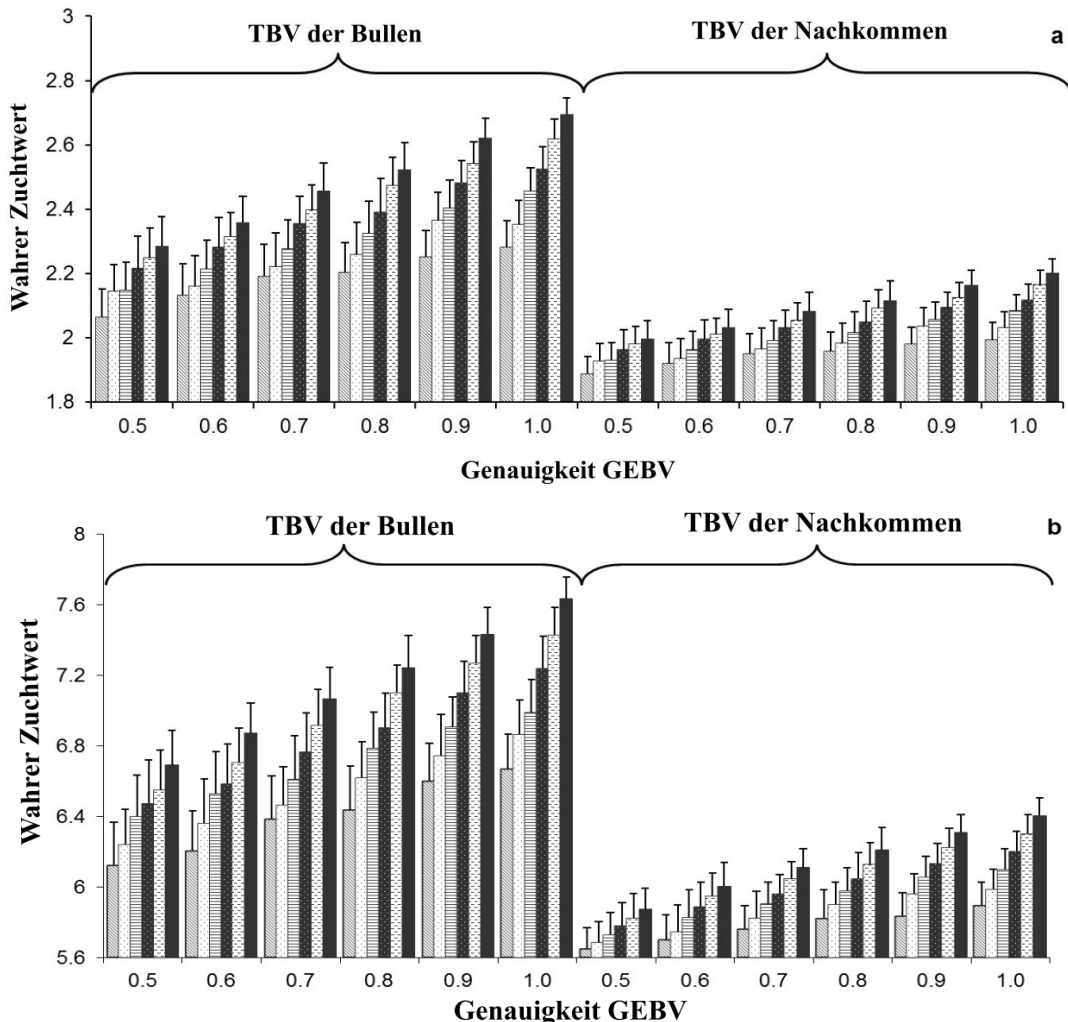
Die Szenarien für Natursprungbullen waren insgesamt nicht vergleichbar mit den Zuchtszenarien unter Einbezug der Besamungsbullen. Nur für ausgeprägte GUI zwischen ökologischen und konventionellen Haltungsumwelten ( $r_g = 0,5$ ) und hohe Genauigkeiten der genomischen Zuchtwerte von über 90 % waren die durchschnittlichen wahren Zuchtwerte in Szenario C\_EBV\_AI niedriger als in Szenario O\_GEBV\_NS. Allerdings sind die niedrigen genetischen

Korrelationen für gleiche Merkmale in unterschiedlichen Produktionssystemen (= Vorhandensein von GUI) und die hohen Genauigkeiten der genomischen Zuchtwerte nicht in Übereinstimmung mit Studien unter Verwendung reeller, nichtsimulierter Daten (Kearney et al. 2004a; König et al. 2005), welche insgesamt höhere genetische Korrelationen schätzten.

Die Genauigkeit genomischer Zuchtwerte ist moderat bis hoch, wenn die genomische Selektion auf einer großen Gruppe von Bullen innerhalb einer Kalibrierungsgruppe basiert. Insbesondere für neue funktionale Merkmale in seltenen Rassen oder kleinen Populationen in „low input“ Systemen existieren keine großen Kalibrierungsgruppen für Bullen mit hohen und zuverlässigen Pedigree-Zuchtwerten. Alternativ könnte eine Kalibrierungsgruppe für die genomische Selektion auf Basis von Kuh-Phänotypen basieren, erste Berechnungen dazu resultierten jedoch in niedrigen Genauigkeiten der genomischen Zuchtwerte. Veerkamp et al. (2011) schätzten Genauigkeiten von 40 bis 58 % für Milch-kg, Milchfett-kg und Milchprotein-kg unter Einbezug 1.841 genotypisierter Kühe und 194 genotypisierter Väter. In der Studie von Verbyla et al. (2010) bildeten 527 genotypisierte Holstein-Friesian Färsen mit Beobachtungen für seltene Phänotypen die Basis zur Schätzung direkter genomischer Werte für die Energiebilanz. Die kleine Anzahl Phänotypen in der Kalibrierungsgruppe resultierte in einer niedrigen Genauigkeit von 29 %. Die Genauigkeit der genomischen Zuchtwerte ist abhängig von der Anzahl an Phänotypen in der Kalibrierungsgruppe (Goddard 2009) und muss daher bei dem Vergleich der durchschnittlichen wahren Zuchtwerte selektierter Bullen in Szenario O\_GEBV\_AI bzw. O\_GEBV\_NS mit Szenario C\_EBV\_AI berücksichtigt werden (**Abbildung 22**). Neben der Größe der Kalibrierungsgruppen nimmt die Heritabilität nicht nur einen Einfluss auf die Genauigkeiten der genomischen Zuchtwerte, sondern auch auf die Genauigkeit konventioneller Zuchtwerte auf Pedigree-Basis. Die Korrelationen zwischen den Pedigree-Zuchtwerten und den wahren Zuchtwerten der nachkommengeprüften Bullen mit durchschnittlich 500 Töchtern in konventionellen Populationen waren 0,9 für eine Erblichkeit von 30 % und 0,75 für eine Erblichkeit von 5 %. Für genomische Zuchtwerte mit festgelegten Genauigkeiten sinkt die Anzahl an Tieren in der Kalibrierungsgruppe mit zunehmender Heritabilität (Goddard 2009).

Unter der Annahme hoher Genauigkeiten der genomischen Zuchtwerte in Kombination mit hohen genetischen Korrelationen zwischen den beiden Haltungsumwelten, wurden die höchsten durchschnittlichen wahren Zuchtwerte für Szenario C\_GEBV\_AI erreicht (**Abbildung 23a** und **b**). Vergleicht man Szenario O\_GEBV\_AI (**Abbildung 22a**) mit C\_GEBV\_AI (**Abbildung 23a**) unter Einbezug der gleichen Genauigkeiten und unter Annahme einer genetischen Korrelation zwischen 0,7 und 1, so zeigten sich höhere wahre Zuchtwerte wenn die Bullen in einer großen konventionellen Population selektiert wurden. Das Selektionsszenario O\_EBV\_NS (Selektion

von Natursprungbullen in ökologischen Haltungsumwelten basierend auf Pedigree-Index) resultierte in den niedrigsten durchschnittlichen wahren Zuchtwerten. Eine Selektion in Anlehnung an den Pedigree-Zuchtwert war nur vergleichbar für Szenario O\_GEBV\_NS unter Berücksichtigung einer niedrigen Genauigkeit von 50 % für die genomischen Zuchtwerte (**Abbildung 23a** und **b**).



**Abbildung 23:** Durchschnitt und Standardabweichung wahrer Zuchtwerte selektierter Bullen und deren Nachkommen für Szenario C\_GEBV\_AI (s. **Tabelle 6**) für a) eine Heritabilität von 5 % und b) eine Heritabilität von 30 %. Genetische Korrelation (Balken von links nach rechts): 0,5; 0,6; 0,7; 0,8; 0,9; TBV = Wahrerer Zuchtwert

*Inzuchtkoeffizienten selektierter Bullen und deren Nachkommen*

**Abbildung 24** zeigt die durchschnittlichen Werte und die Standardabweichung der Inzuchtkoeffizienten selektierter Bullen und deren Nachkommen für alle fünf Szenarien für eine Erblichkeit von 5 % (a) und für eine Erblichkeit von 30 % (b). Der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient für alle Szenarien lag bei 0,09 (SD = 0,02) für eine Erblichkeit von 5 % und bei 0,06 (SD = 0,01) für eine Erblichkeit von 30 %. Für alle Szenarien wurden höhere



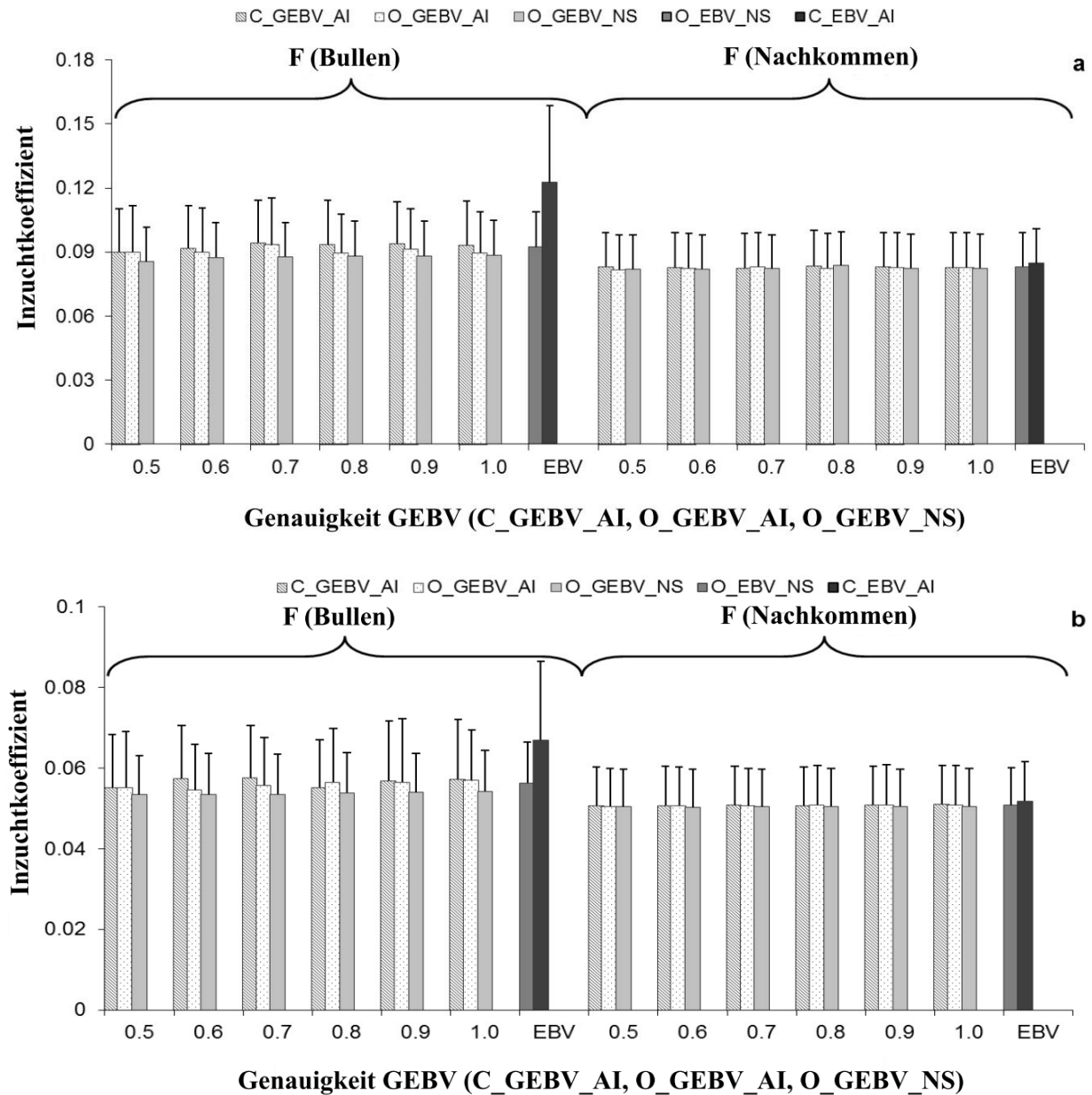
Inzuchtkoeffizienten für das niedrig erbliche Merkmal beobachtet. Aufgrund der höheren Gewichtung der Verwandtschaftsinformation im Vergleich zur Information für das Einzeltier, ist eine deutlichere Zunahme der Inzucht zu verzeichnen, wenn die Selektion auf ein niedrig erbliches Merkmal fokussiert (Strandén et al. 1991).

Die Szenarien der genomischen Selektion resultierten in niedrigeren Inzuchtkoeffizienten selektierter Bullen im Vergleich zu dem konventionellen Szenario C\_EBV\_AI (**Abbildung 24a und b**). Beispielweise betrug für eine Erblichkeit von 5 % der Inzuchtkoeffizient der selektierten Bullen 0,09 für Szenario C\_GEBV\_AI, O\_GEBV\_AI und O\_GEBV\_NS und 0,12 für Szenario C\_EBV\_AI. Lillehammer et al. (2011) konnten zeigen, dass genomische Zuchtprogramme im Vergleich zu konventionellen Zuchtprogrammen das Potential haben die Inzuchtrate bei gleichzeitiger Steigerung des genetischen Fortschrittes zu reduzieren.

Zuchtwerte auf Pedigree-Basis bildeten das Selektionskriterium für die Natursprungbullen innerhalb der Herden und für die 5 selektierten Jungbullen in der konventionellen Population. Die 120 Natursprungbullen in den ökologischen Haltungsumwelten bildeten eine breite genetische Diversität ab. Daher waren die Inzuchtkoeffizienten in Szenario O\_EBV\_NS niedriger im Vergleich zu Szenario C\_EBV\_AI. Die Inzuchtkoeffizienten für Szenario O\_EBV\_NS waren etwas höher im Vergleich zu Szenario O\_GEBV\_NS.

Verglichen zu den Inzuchtkoeffizienten der Bullen in der Startphase der genomischen Selektion ist die Entwicklung der Inzucht oder genomischen Verwandtschaft über eine längere Zeitspanne von Relevanz. Nach einer Anpaarungsrunde sind die Inzuchtkoeffizienten in der nächsten Generation mit der konventionellen Zuchtstrategie und der genomischen Selektion fast identisch, aber auf einem niedrigeren Level als in den selektierten Bullen. Dieses Ergebnis trifft sowohl auf das niedrig als auch auf das hoch erbliche Merkmal zu (**Abbildung 24a und b**).

Obwohl für Szenario O\_GEBV\_AI und O\_GEBV\_NS die gleichen Selektionskriterien berücksichtigt wurden, waren die Inzuchtkoeffizienten nur leicht höher für Szenario O\_GEBV\_AI, da hierbei 5 Bullen anstatt 120 Bullen bei Szenario O\_GEBV\_NS selektiert wurden. Dieses Ergebnis stimmt mit der Studie von Pryce et al. (2010) überein, welche herausfanden, dass die Anzahl selektierter Bullen einen sehr großen Einfluss auf das Inzuchtlevel hat.

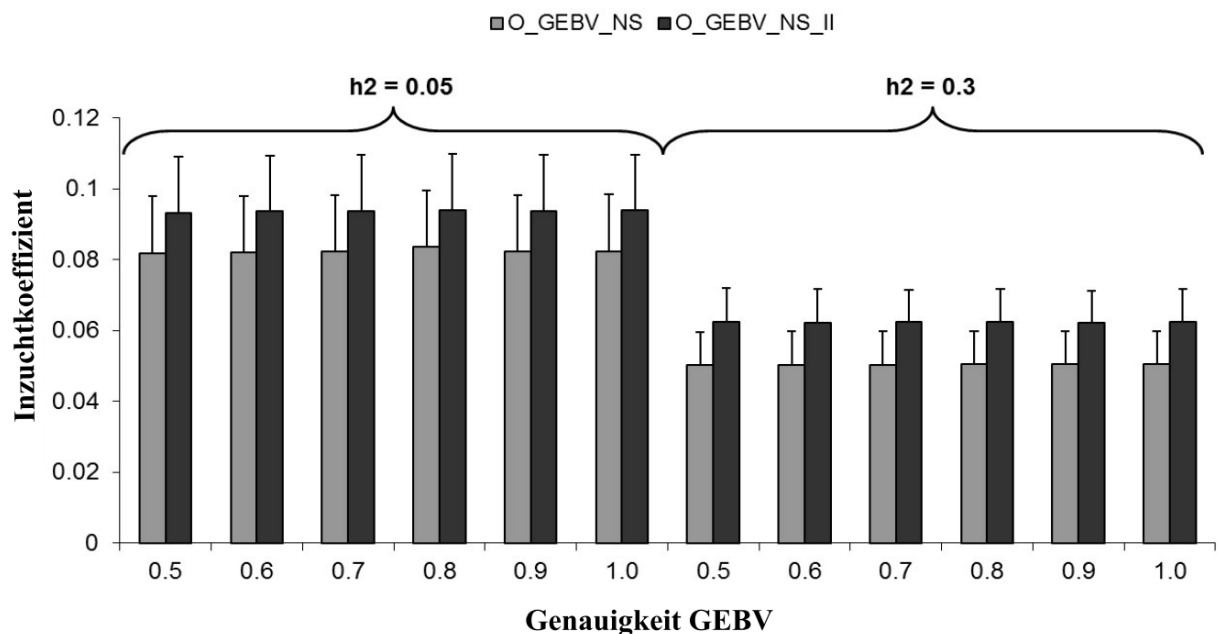


**Abbildung 24:** Durchschnitt und Standardabweichung der Inzuchtkoeffizienten selektierter Bullen und deren Nachkommen für fünf verschiedene Szenarien (s. **Tabelle 6**) für a) eine Heritabilität von 5 % und b) eine Heritabilität von 30 %

#### *Szenarien für genotypisierte Natursprungbullen*

In **Abbildung 25** sind die Inzuchtkoeffizienten der Szenarien O\_GEBV\_NS und O\_GEBV\_NS\_II für Nachkommen selektierter Bullen für ein niedriges und hoch erbliches Merkmal dargestellt. Für identische Erblichkeiten und gleiche Genauigkeiten der genomischen Zuchtwerte wurden keine Unterschiede in den wahren Zuchtwerten, allerdings in den Inzuchtkoeffizienten, zwischen den beiden Selektionsstrategien beobachtet. Die

Inzuchtkoeffizienten von Szenario O\_GEBV\_NS\_II waren 13,69 % und 23,91 % höher verglichen zu Szenario O\_GEBV\_NS für eine Erblichkeit von 5 % und 30 %.



**Abbildung 25:** Durchschnitt und Standardabweichung der Inzuchtkoeffizienten für Nachkommen selektierter Bullen für Szenario O\_GEBV\_NS (s. **Tabelle 6**) für eine Erblichkeit ( $h^2$ ) von 5 % und 30 % (Szenario O\_GEBV\_NS\_II ist identisch zu Szenario O\_GEBV\_NS, aber Anpaarungen zwischen eng verwandten Tieren sind eingeschlossen)

#### 4.6 AP IX - Entwicklung eines Gesamtzuchtwertes für Langlebigkeit (RZ-LongLife)

Bevor auszugsweise einige Ergebnisse für ausgewählte Merkmalskombinationen präsentiert werden, sei zunächst noch die verwendete Matrix der Heritabilitäten, genetischen und phänotypischen Korrelationen aufgeführt (**Tabelle 25**). Die dargestellten Heritabilitäten und genetischen Korrelationen entstammen sämtlich eigenen Schätzungen nach dem REML-Verfahren mit den jeweils angepassten bivariaten Modellen. Aufgrund von Konvergenzproblemen bei alleiniger Auswertung des Materials ökologisch wirtschaftender Betriebe musste allerdings auf das Material der konventionell wirtschaftenden Testherden von RBB und RinderAllianz zurückgegriffen werden. Es ist aufgrund eigener Erfahrungen im Projekt allerdings kaum zu erwarten, dass Schätzergebnisse für ein Material ökologischer Betriebe wesentliche Veränderungen zeigen würden.

**Tabelle 25:** Darstellung der berücksichtigten genetischen Korrelationen (oberhalb der Diagonalen), phänotypischen Korrelationen (unterhalb der Diagonalen) und Heritabilitäten (Diagonale) für den vollständigen Gesamtzuchtwert RZ-LongLife (alle neun Merkmale)

	LPL	MAST	KLAUE	SW	FRU	EKG	FUND	EUTER	KVMAT
LPL	0.09	-0.56	-0.20	-0.35	-0.26	-0.03	0.18	0.23	-0.03
MAST	-0.09	0.06	0.46	0.33	-0.07	0.18	-0.32	-0.43	-0.22
KLAUE	-0.04	0.02	0.10	0.13	-0.15	0.12	-0.40	0.12	-0.06
SW	-0.05	0.00	0.03	0.15	0.00	-0.20	0.00	0.00	-0.18
FRU	-0.08	0.02	0.05	0.05	0.08	0.03	0.01	0.10	0.38
EKG	0.02	-0.01	-0.04	-0.07	0.10	0.35	-0.03	-0.10	0.12
FUND	0.08	-0.02	-0.16	0.01	-0.04	0.06	0.15	0.26	-0.15
EUTER	0.08	-0.11	-0.05	-0.02	-0.03	0.02	0.16	0.30	0.10
KVMAT	-0.03	-0.01	-0.01	0.00	0.08	0.00	0.00	0.01	0.10

LPL = Länge der produktiven Lebensdauer (in Tagen); MAST = Mastitis-Ereignis je Laktation (0/1); KLAUE = Klauenerkrankung je Laktation (0/1); SW = Stoffwechselstörung je Laktation (0/1); FRU = Fruchtbarkeitsstörung je Laktation (0/1); EKG = Eiweißmenge je Laktation (kg); FUND = Fundamentnote (Punkte); EUTER = Euternote (Punkte); KVMAT = Kalbeverlauf maternal (4-Punkte Skale)

**Tabelle 26** gibt eine Auswahl der insgesamt 511 gerechneten Kombinationen wieder. Es zeigt sich, dass die Nutzungsdauer allein bereits 83 % des ökonomischen Potentials abdeckt; mit einem anderen Merkmal aus den zur Auswahl stehenden Merkmalen lässt sich dieses Ergebnis jedoch nicht annähernd erzielen. Die beste reduzierte Variante mit nur drei Merkmalen ist LPL-SW-EKG. Die Nutzungsdauer (bzw. LPL) sollte immer ein Zuchtzielmerkmal bleiben, auch bei den sieben Merkmalen MAST-KLAUE-SW-FRU-EKG-EUTER-KVMAT lässt sich die Nutzungsdauer nicht ersetzen. Eine sehr interessante Kombination mit nur vier Merkmalen ist LPL-MAST-EKG-EUTER, die dann aber auch durch die ohnehin vorhandenen weiteren Gesundheitsteilzuchtwerte und die ebenso vorhandene Fundamentnote komplettiert werden könnte. Das Merkmal Kalbeverlauf ist eigentlich immer nur von nachgeordneter Bedeutung. Die Ergebnisse können die Grundlage für eine Diskussion mit der Züchterschaft bilden, mit dem Ziel, einen eigenen Gesamtzuchtwert für ökologisch wirtschaftende Milchviehbetriebe zu kreieren.

**Tabelle 26:** Ausgewählte Kombinationen von Merkmalen für einen möglichen RZ-LongLife

	<b>Merkmale</b>	<b>ST'</b>	<b>rTT</b>
<b>1 Merkmal</b>	Nutzungsdauer	154.216	0.83727
	Eiweiß-kg (2.-beste 1er Version)	90.326	0.49040
	Mastitis (3. beste 1er Version)	60.313	0.32745
<b>2 Merkmale</b>	Nutzungsdauer, Eiweiß-kg (beste Kombi)	181.527	0.98555
	Nutzungsdauer, Mastitis (2.-beste Kombi)	157.386	0.85448
	Nutzungsdauer, Klauenerkrankung (3.-beste Kombi)	156.665	0.85057
	Mastitis, Eiweiß-kg (beste Kombi ohne ND)	119.509	0.64884
<b>3 Merkmale</b>	Nutzungsdauer, Stoffwechselstörung, Eiweiß-kg (beste Kombi)	182.597	0.99136
	Nutzungsdauer, Klauenerkrankung, Eiweiß-kg (2.-beste Kombi)	182.275	0.98945
	Nutzungsdauer, Eiweiß-kg, Euter (3.-beste Kombi)	182.245	0.98945
	Mastitis, Fruchtbarkeitsstörung, Eiweiß-kg (beste Kombi ohne ND)	128.527	0.69780
<b>4 Merkmale</b>	Nutzungsdauer, Mastitis, Eiweiß-kg, Euter (beste Kombi)	183.335	0.99536
	Nutzungsdauer, Stoffwechselstörung, Eiweiß-kg, Euter (2.-beste Kombi)	183.207	0.99467
	Nutzungsdauer, Klauenerkrankung, Stoffwechselstörung, Eiweiß-kg, (3.-beste Kombi)	183.188	0.99457
	Mastitis, Fruchtbarkeitsstörung, Eiweiß-kg, Euter (beste Kombi ohne ND)	130.729	0.70975
	Mastitis, Klauenerkrankung, Fruchtbarkeitsstörung, Stoffwechselstörung (nur Gesundheitsmerkmale)	85.788	0.46576
	Eiweiß-kg, Fundament, Euter, KVmat (ohne ND und Gesundheitsmerkmale)	106.810	0.57990
<b>5 Merkmale</b>	Nutzungsdauer, Mastitis, Stoffwechselstörung, Eiweiß-kg, Euter (beste Kombi)	183.859	0.99821
	Nutzungsdauer, Klauenerkrankung, Stoffwechselstörung, Eiweiß-kg, Euter (2.-beste Kombi)	183.617	0.99689
	Nutzungsdauer, Klauenerkrankung, Stoffwechselstörung, Eiweiß-kg, Fundament (3.-beste Kombi)	183.590	0.99675
	Nutzungsdauer, Eiweiß-kg, Fundament, Euter, KVmat (ohne Gesundheitsmerkmale)	182.384	0.99020

	<b>Merkmale</b>	<b>ST'</b>	<b>rTT</b>
<b>6 Merkmale</b>	Nutzungsdauer, Mastitis, Klauenerkrankung, Stoffwechselstörung, Fruchtbarkeitsstörung (ND und Gesundheitsmerkmale)	158.928	0.86285
	Mastitis, Stoffwechselstörung, Fruchtbarkeitsstörung, Eiweiß-kg, Euter (beste Kombi ohne ND)	131.315	0.71294
	Nutzungsdauer, Mastitis, Stoffwechselstörung, Eiweiß-kg, Fundament, Euter (beste Kombi)	183.952	0.99871
	Nutzungsdauer, Mastitis, Klauenerkrankung, Stoffwechselstörung, Eiweiß-kg, Euter (2.-beste Kombi)	183.922	0.99855
	Nutzungsdauer, Mastitis, Stoffwechselstörung, Fruchtbarkeitsstörung, Eiweiß-kg, Euter (3.-beste Kombi)	183.891	0.99838
	Nutzungsdauer, Mastitis, Klauenerkrankung, Stoffwechselstörung, Fruchtbarkeitsstörung, Eiweiß-kg (beste Kombi mit ND und Gesundheitsmerkmalen)	183.326	0.99531
<b>7 Merkmale</b>	Mastitis, Stoffwechselstörung, Fruchtbarkeitsstörung, Eiweiß-kg, Euter, KVmat (beste Kombi ohne ND)	132.007	0.71669
	Nutzungsdauer, Mastitis, Klauenerkrankung, Stoffwechselstörung, Eiweiß-kg, Fundament, Euter (beste Kombi)	184.114	0.99959
	Nutzungsdauer, Mastitis, Stoffwechselstörung, Fruchtbarkeitsstörung, Eiweiß-kg, Fundament, Euter (2.-beste Kombi)	183.988	0.99891
	Nutzungsdauer, Mastitis, Klauenerkrankung, Stoffwechselstörung, Fruchtbarkeitsstörung, Eiweiß-kg, Euter (3.-beste Kombi)	183.972	0.99882
	Mastitis, Klauenerkrankung, Stoffwechselstörung, Fruchtbarkeitsstörung, Eiweiß-kg, Euter, KVmat (beste Kombi ohne ND)	132.272	0.71813
	Mastitis, Klauenerkrankung, Stoffwechselstörung, Fruchtbarkeitsstörung, Eiweiß-kg, Euter, KVmat (ohne ND und Eiweiß-kg)	90.547	0.49160
<b>8 Merkmale</b>	Nutzungsdauer, Mastitis, Klauenerkrankung, Stoffwechselstörung, Fruchtbarkeitsstörung, Eiweiß-kg, Fundament, Euter (beste Kombi)	184.186	0.99998
	Mastitis, Klauenerkrankung, Stoffwechselstörung, Fruchtbarkeitsstörung, Eiweiß-kg, Fundament, Euter, KVmat (ohne ND)	132.560	0.71970
	Nutzungsdauer, Mastitis, Klauenerkrankung, Stoffwechselstörung, Fruchtbarkeitsstörung, Fundament, Euter, KVmat (ohne Eiweiß-kg)	161.201	0.87519

## Ausführliche Darstellung und Diskussion der wichtigsten Ergebnisse

---

	<b>Merkmale</b>	<b>ST'</b>	<b>FTT</b>
<b>9 Merkmale</b>	Nutzungsdauer, Mastitis, Klauenerkrankung, Stoffwechselstörung, Fruchtbarkeitsstörung, Eiweiß-kg, Fundament, Euter, KVmat	184.189	1.00000

---

## **5. Angaben zum voraussichtlichen Nutzen und zur Verwertbarkeit der Ergebnisse**

Es ist gelungen, einen Gesamtzuchtwert „RZ-LongLife“ zu entwickeln, welcher insbesondere von ökologisch wirtschaftenden Betrieben, aber auch von konventionellen Betrieben, als Selektionsinstrument genutzt werden kann, um die Langlebigkeit der Tiere im Betrieb züchterisch und nachhaltig zu verbessern. Die Weiterentwicklung und Implementierung dieses konzipierten Gesamtzuchtwertes für die Praxis ist vorgesehen und erlaubt die Vermarktung langlebiger Genetik, welche insbesondere kleinen, ökologisch wirtschaftenden Betriebe eine bessere Konkurrenzfähigkeit zu konventionellen Betrieben ermöglicht. Weiterhin konnten, basierend auf den durchgeführten genetischen und genomischen Parameterschätzungen für Langlebigkeit, Gesundheitsmerkmale und Produktionsmerkmale, deterministische und stochastische Zuchtplanungsinstrumente entwickelt werden, welche eine Evaluierung spezifischer Anpaarungsschemata für die ökologische Milchrinderzucht erlauben.

Es konnte gezeigt werden, dass die Langlebigkeit signifikant mit Merkmalen der Tiergesundheit, vor allem mit Euter-, Klaue-, und Stoffwechselerkrankungen, assoziiert ist. Die deterministischen Zuchtplanungen zur Konzipierung des Gesamtindex haben gezeigt, dass die alleinige Berücksichtigung von Merkmalen der Tiergesundheit in einem Selektionsindex das Merkmale Langlebigkeit bzw. Nutzungsdauer nicht ersetzen. Dennoch zeigten sich in den quantitativ-genetischen Analysen die besten Modelle, wenn der Gesundheitsstatus der Tiere in der Modellierung berücksichtigt wurde. Die erfassten Gesundheitsdaten bilden damit eine wichtige Basis zur Weiterentwicklung der hier entwickelten Selektionsinstrumente und um die Tiergesundheit in ökologischen Betrieben nachhaltig zu verbessern. Eine solche Datenerfassung zu Informationen der Tiergesundheit gilt es über das Projekt hinaus auch in weiteren ökologisch wirtschaftenden Betrieben zu implementieren. Die Ergebnisse zur Identifizierung von Merkmalen der Tiergesundheit, die einen Einfluss auf die Langlebigkeit der Kühe nehmen, veranschaulichen sehr praxisnah, dass sich insbesondere Euterentzündungen und Stoffwechselerkrankungen sehr nachteilig auf die Länge der produktiven Lebensdauer auswirken. Es konnte demnach gezeigt werden, dass Gesundheitsmerkmale wertvolle Indikatoren für die Langlebigkeit der Milchkuh sind und somit als Hilfsmerkmale genutzt werden können. Mittels „Survival-Analysen“ konnte das Abgangsrisiko der Kühe in verschiedenen Laktationen und Perioden geschätzt werden. Die Ergebnisse dieser Analysen liefern einen wichtigen Erkenntnisgewinn für die Praxis, da somit in bestimmten Lebensabschnitten der Tiere gezielt auf erste klinische Symptome entstehender Krankheiten geachtet und frühzeitig präventiv durch Änderungen im Management gegengesteuert werden kann.



Im Projekt konnte zudem eine Lernstichprobe für genotypisierte Kühe aus ökologisch wirtschaftenden Betrieben aufgebaut werden. Genomische Daten der Tiere ermöglichten es, den Nutzen und die mögliche Übertragbarkeit vorhandener konventioneller Selektionsinstrumente auf ökologisch wirtschaftende Betriebe zu evaluieren. Dabei zeigte sich, dass konventionelle Selektionsinstrumente auf Milchleistungskühe in ökologisch wirtschaftenden, eher kleinstrukturierten Betrieben nicht oder nur bedingt übertragbar sind und der Aufbau ökologischer Lernstichproben weiter intensiviert werden muss.

## **6. Geplante und erreichte Ziele; Hinweise auf weiterführende Fragestellungen**

Die Phänotypisierungen und Genotypisierungen in AP I und AP II konnten allesamt planmäßig durchgeführt werden. Bei den innovativen Phänotypen zur Tiergesundheit einigten sich beide Arbeitsgruppen darauf, den Fokus in den Analysen auf die Erkrankungskomplexe „Euterentzündungen“, „Klauenerkrankungen“, „Stoffwechselerkrankungen“ und „Fruchtbarkeitsstörungen“ zu legen, da die Inzidenzen für die anderen Erkrankungen insgesamt sehr niedrig waren. Wie geplant wurden die erstellten Fragebögen zu Angaben der Betriebscharakteristika von allen Betrieben ausgefüllt. Die an die ökologischen Betriebe gestellten Auswahlkriterien konnten nicht von allen Betrieben vollumfänglich erfüllt werden. Dies begründet sich darin, dass die Rekrutierung einer aussagekräftigen Anzahl ökologischer Betriebe mit bereits bestehender Gesundheitsdatenerfassung oder der Bereitschaft diese zu erfassen, schwierig war. Daher handelte es sich bei zweien der partizipierenden ökologischen Betriebe nicht um reine Holstein-Betriebe. Die Erfassung der Daten zur Tiergesundheit lief in den meisten der ökologisch wirtschaftenden Betriebe sehr gut, da diese in sieben der neun Betriebe bereits vor Projektstart fester Bestandteil des Managements war. In AP II war geplant 1000 Kühe zu genotypisieren. Final konnte eine Genotypisierung von 995 Kühen realisiert werden.

Die Analysen zur Identifizierung der Merkmale der Tiergesundheit in ökologisch geführten Betrieben, welche einen Einfluss auf die Langlebigkeit haben, konnten planmäßig durchgeführt werden und sind bereits in dem internationalen Journal „Journal of Dairy Science“ publiziert worden (Shabalina et al., 2020, s. Veröffentlichungen). Auch die Lebensdaueranalysen (AP III) wurden vollumfänglich abgeschlossen und sind kürzlich ebenfalls publiziert worden (Shabalina et al., 2020, s. Veröffentlichungen).

Die Schätzung von maternalen Linieneffekten in AP IV, welche durch die AG Tierzucht Halle erfolgten, wurden im zweiten Projektjahr planmäßig durchgeführt und finalisiert. Für das dritte Projektjahr waren Analysen in den Arbeitspaketen V und VI vorgesehen, die gemäß Vorhabenbeschreibung vollumfänglich erledigt wurden. Aufgrund des Cyber-Angriffs an der JLU Gießen war jedoch von Dezember 2019 bis Mitte Februar 2020 kein Zugriff auf die EDV bzw. auf das Rechenzentrum möglich. Daher mussten sämtliche Softwarepakete zum Arbeitspaket "Zuchtplanung" (AP VII und AP VIII) neu auf lokalen Rechnern installiert und die Rechenläufe neu gestartet werden, weshalb eine Projektlaufzeitverlängerung bis 31.05.2020 beantragt wurde. Die ausstehenden Analysen zu diesen Arbeitspaketen konnten aber gänzlich in der verlängerten Projektlaufzeit abgeschlossen werden.

Alle in der Vorhabenbeschreibung vorgesehenen Inhalte, nämlich die Identifizierung von Merkmalen der Tiergesundheit, die einen Einfluss auf die Langlebigkeit haben, die Schätzung von Linieneffekten für Merkmale der Tiergesundheit und für die Langlebigkeit sowie die Evaluierung der Übertragbarkeit konventioneller Selektionsinstrumente auf die ökologische Milchrinderzucht mitsamt der finalen Entwicklung des Gesamtzuchtwertes „RZ-LongLife“ konnten vollumfänglich abgearbeitet und umgesetzt werden. Zusätzlich konnten umfangreiche Zuchtzielszenarien simuliert und gezielt Anpaarungsschemata für ökologisch wirtschaftende Betriebe entwickelt werden, welche in einem weiteren Schritt in die Praxis überführt werden müssen. Dieses Ziel wird durch die Einbindung der wirtschaftlichen Projektpartner mit beratender Tätigkeit wie der Arbeitsgemeinschaft Lebenslinien (ALL), dem Hessischen Verband für Leistungs- und Qualitätsprüfung (HVL) sowie die Rinderzuchtverbände „Rinderallianz“ und „RBB“ realisiert, welche die Implementierung und Vermarktung des konzipierten Gesamtzuchtwertes für Langlebigkeit mit vorantreiben werden.

Aus wissenschaftlicher Sicht bietet das Projekt gute Möglichkeiten für Folgeprojekte. Der Aufbau einer genomischen Lernstichprobe für Leistungskühe aus ökologischer Haltung bietet das Potential zur detaillierten Untersuchung und züchterischen Verbesserung weiterer funktionaler Merkmale (z.B. Erkrankungen mit besonderer Disposition in Weidehaltung). Auch die identifizierten genetischen Marker, welche mit Merkmalen der Langlebigkeit und Tiergesundheit assoziiert wurden, könnten in Folgeprojekten in Richtung der Entwicklung von Genotypisierungs-Chips speziell für ökologisch ausgerichtete Betriebe Anwendung finden.

### 7. Zusammenfassung

Die ökologische Milchviehhaltung verzeichnet einen wachsenden Trend in Deutschland. Im Vergleich zu konventionellen Haltungssystemen stellt die ökologische Haltung andere Anforderungen an die Eigenschaften einer Milchkuh. So stehen Robustheit, Langlebigkeit und eine gute Tiergesundheit in der ökologischen Milchrinderzucht stärker im Fokus als in der konventionellen Zucht. Ziel von „LongLife“ war es daher, Zuchtstrategien und Selektionsinstrumente für Verbesserungen der Langlebigkeit, als zentrales Merkmal der ökologischen Milchrinderzucht, zu entwickeln.

Langlebigkeit wird am besten über eine Verbesserung des Gesundheitsstatus der Tiere im Betrieb realisiert. Daher wurden in neun ökologisch wirtschaftenden Betrieben Merkmale der Tiergesundheit nach Zentralem Tiergesundheitsschlüssel erfasst und deren Einfluss auf die Nutzungsdauer bzw. Langlebigkeit der Milchkühe analysiert. Die Ergebnisse der Modellanalysen ergaben, dass Kühe mit klinischen oder subklinischen Euterentzündungen eine um bis zu 113 Tage signifikant kürzere Lebensdauer im Vergleich zu nicht erkrankten Tieren hatten. Ein Vergleich der Inzidenzen einzelner Erkrankungen in ökologischen Betrieben mit denjenigen der konventionellen Betriebe ergab, dass insbesondere für Klauenerkrankungen höhere Inzidenzen in den ökologisch wirtschaftenden Betrieben im Vergleich zu den konventionellen Betrieben zu verzeichnen waren. Klauenerkrankungen (u.a. Sohlengeschwüre) und Stoffwechselerkrankungen (u.a. Ketose) hatten jedoch sowohl in den ökologischen als auch konventionellen Betrieben einen stark negativen Einfluss auf die Lebensdauer und Verbleiberate der Kühe. Die Ergebnisse der Lebensdaueranalysen im Programmpaket ‚Survival-Kit‘ zeigten, dass die Risikorate für Abgänge aufgrund von Erkrankungen in der 2. und 3. Laktation höher als in der 1. Laktation sind und in der Mitte bzw. am Ende einer jeweiligen Laktation erhöht sind.

Für die Inzidenz der einzelnen Gesundheitsmerkmale (Anzahl an Neuerkrankungen in der 1. Laktation) wurden Heritabilitäten zwischen 0,01 und 0,21 im Ein- und Zwei-Merkmalsmodell geschätzt. Für die Länge der produktiven Lebensdauer (LPL) wurden die höchsten genetischen Varianzen in den Modellen geschätzt, welche den Gesundheitsstatus der Tiere inkludierten. Moderate bis hohe negative genetische Korrelationen (-0,26 bis -0,77) zwischen der Länge der produktiven Lebensdauer bzw. der Verbleiberate und den erfassten Erkrankungen zeigen, dass eine züchterische Verbesserung der Langlebigkeit durch die Integration von Merkmalen der Tiergesundheit in einen Gesamtzuchtwert realisiert werden kann. Bei der Betrachtung der ökologischen Zuchtssysteme steht zudem die weibliche Seite der Selektion, also die langlebige Kuhfamilie, im Vordergrund. Ein weiteres Ziel von „LongLife“ war es daher,

Mutterlinieneffekte zu schätzen und deren finale Integration in Selektionsschemata zu evaluieren. Die mittels quantitativ-genetischer Modelle geschätzte maternale Linienvarianz war für Merkmale der Langlebigkeit und Tiergesundheit insgesamt niedrig (0,0 bis 3,0 %) und scheint daher bei der Entwicklung praktischer Selektionsschemata zur Verbesserung der Langlebigkeit für ökologisch wirtschaftende Betriebe von eher geringer Bedeutung zu sein.

Weiterhin sollte im Projekt die Übertragbarkeit konventioneller Selektionsinstrumente in ökologische Produktionssysteme für Langlebigkeit und Merkmale der Tiergesundheit evaluiert werden. Dafür wurden 995 Kühe der ökologisch wirtschaftenden Betriebe im Projekt genotypisiert und somit eine erste genomische Lernstichprobe für Kühe aus ökologischen Haltungsumwelten aufgebaut. Als Daten konventioneller Selektionsinstrumente dienten genomische Zuchtwerte und SNP-Markereffekte des Vorgängerprojektes Kuh-L. Auf Basis dieser Daten wurde evaluiert, ob die an Jungkuhpopulation geschätzten SNP-Effekte, wie sie in den derzeitigen Lernstichproben vorliegen, auch auf Dauerleistungskühe (insbesondere in ökologisch wirtschaftenden Betrieben) übertragbar sind. Die Schätzung genetischer Korrelationen (auf Basis von Pedigree- und SNP-Daten) zwischen ökologischen und konventionellen Haltungsumwelten für das Merkmal Langlebigkeit und Merkmale der Tiergesundheit geben Aufschluss über mögliche Genotyp-Umwelt-Interaktionen (GUI). In diesen Analysen wurden deutliche GUI für das Merkmal LPL als auch für Gesundheitsmerkmale nachgewiesen (Indikator: genetische Korrelation  $\leq 0,8$ ), nicht jedoch für die Milchleistungsmerkmale Milch-kg und Fett-%. Interessanterweise betrug die genetische Korrelation für das Merkmal LPL auf Basis von Pedigree-Daten 0,67, wohingegen sie mit 0,13 unter Verwendung der genomischen Daten deutlich niedriger lag.

Genomweite Assoziationsstudien ermöglichten die Identifizierung von SNP und Kandidatengenen für LPL und Merkmale der Tiergesundheit in den ökologischen Betrieben. Als besonders interessantes Ergebnis lässt sich festhalten, dass sich die identifizierten Gene von Kühen in ökologischer Haltung von denen bei Kühen in konventioneller Haltung unterscheiden. In den konventionellen Betrieben konnten zehn Gene auf neun verschiedenen Chromosomen nachgewiesen werden, wohingegen in den ökologischen Betrieben alle sieben identifizierten Gene auf BTA16 lagen. Auch für die analysierten Gesundheitsmerkmale Mastitis, Dermatitis Digitalis und ovarielle Störungen wurden divergierende Gene in ökologischen und konventionellen Betrieben gefunden. Demnach sind in ökologischen Betrieben im Rahmen zukünftiger, genomischer Selektionsstrategien für eine verbesserte Krankheitsresistenz andere SNP-Marker und Gene zu berücksichtigen als in konventionellen Betrieben. Auch zeigt dieses

Ergebnis, dass gezielte Schätzungen an einer ‚ökologischen Lernstichprobe‘ notwendig sind und konventionelle Selektionsinstrumente nicht 1:1 in die ökologische Milchrinderzucht übertragbar sind.

In einem weiteren Teil des Projektes erfolgte eine Weiterentwicklung der deterministischen und stochastischen Zuchtplanungssoftware. Unter Verwendung der Software QMSim wurden genomische Zuchtwerte und GUI für verschiedene Zuchtszenarien für die ökologische Milchrinderzucht simuliert. Dabei wurde auch der Einfluss genotypisierter Bullen auf den Zuchtfortschritt und Inzuchtkoeffizienten in ökologischen Zuchtprogrammen unter Berücksichtigung niedrig und hoch erblicher Merkmale evaluiert. In der deterministischen Zuchtplanungsrechnung zur Konzipierung des Gesamtzuchtwertes ‚RZ-LongLife‘ zeigte sich, dass die Nutzungsdauer (bzw. LPL) als alleiniges Merkmal bereits 83 % des ökonomischen Potentials abdeckt und damit ganz klar ein Zuchtzielmerkmal bleiben sollte. Das Merkmal Kalbeverlauf war in allen Berechnungen von untergeordneter Bedeutung. Final ist es gelungen, einen Gesamtzuchtwert für Langlebigkeit (‚RZ-LongLife‘) unter Berücksichtigung der untersuchten Merkmale (u.a. Gesundheitsmerkmale) zu entwickeln, um auf dessen Basis zielgerichtet auf Langlebigkeit von Milchkühen züchten zu können. Die Kombination der Merkmale LPL, Eiweißmenge (in kg), Mastitis sowie der Euternote stellte sich als die beste Kombination für einen Gesamtzuchtwert für Langlebigkeit heraus. Damit ist die erste Basis für die Weiterentwicklung bzw. Konzipierung eines eigenen Gesamtzuchtwertes für ökologisch wirtschaftende Betriebe gelegt.

## Literaturverzeichnis

Ahlman, T.; Berglund, B.; Rydhmer, L.; Strandberg, E. (2011): Culling reasons in organic and conventional dairy herds and genotype by environment interaction for longevity. In: *Journal of dairy science* 94 (3), S. 1568–1575. DOI: 10.3168/jds.2010-3483.

Albuquerque, L. G.; Keown, J. F.; van Vleck, L. D. (1998): Variances of Direct Genetic Effects, Maternal Genetic Effects, and Cytoplasmic Inheritance Effects for Milk Yield, Fat Yield, and Fat Percentage<sup>1</sup>. In: *Journal of dairy science* 81 (2), S. 544–549. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(98)75606-1.

Alkhoder, H. (2013): Schätzung von Zuchtwerten und genetischen Parametern für Klauengesundheit beim Milchrind mit der BLUP-Methode. Dissertation. Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle (Saale).

Ashley, M. V.; Laipis, P. J.; Hauswirth, W. W. (1989): Rapid segregation of heteroplasmic bovine mitochondria. In: *Nucleic acids research* 17 (18), S. 7325–7331. DOI: 10.1093/nar/17.18.7325.

Bakels, F.; Postler, G. (1986): Grundlagen einer Rinderzucht auf Lebensleistung. In: *Ökologische Tierhaltung. Alternative Konzepte* 53. Karlsruhe: Verlag C.F. Müller GmbH, S. 81–88.

Barth, K.; Brinkmann, J.; March, S. (Hg.) (2011): Gesundheit und Leistungsfähigkeit von Milchkühen im ökologischen Landbau interdisziplinär betrachtet – eine (Interventions-) Studie zu Stoffwechselstörungen und Eutererkrankungen unter Berücksichtigung von Grundfuttererzeugung, Fütterungsmanagement und Tierhaltung. Schlussbericht. Unter Mitarbeit von I. Abograra, K. Aulrich, K. Barth, M. Becker, C. Berendonk, A. Bormann et al. Bundesprogramm ökologischer Landbau und andere Formen nachhaltiger Landwirtschaft (BÖLN), zuletzt geprüft am 05.05.2020.

Bates, D.; Vazquez, A. I. (2009): Package ‘pedigreemm’. R package version 0.2-4. Online verfügbar unter <http://cran.r-project.org/web/packages/pedigreemm/pedigreemm.pdf>, zuletzt geprüft am 07.12.2011.

Beaudeau, F.; Ducrocq, V.; Fourichon, C.; Seegers, H. (1995): Effect of Disease on Length of Productive Life of French Holstein Dairy Cows Assessed by Survival Analysis. In: *Journal of dairy science* 78 (1), S. 103–117. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(95)76621-8.

- Benedictis, G. de; Carrieri, G.; Varcasia, O.; Bonafè, M.; Franceschi, C. (2000): Inherited variability of the mitochondrial genome and successful aging in humans. In: *Annals of the New York Academy of Sciences* 908, S. 208–218. DOI: 10.1111/j.1749-6632.2000.tb06648.x.
- Benedictis, G. de; Rose, G.; Carrieri, G.; Luca, M. de; Falcone, E.; Passarino, G. et al. (1999): Mitochondrial DNA inherited variants are associated with successful aging and longevity in humans. In: *FASEB journal : official publication of the Federation of American Societies for Experimental Biology* 13 (12), S. 1532–1536. DOI: 10.1096/fasebj.13.12.1532.
- Berkowicz, S. R.; Featherby, T. J.; Whisstock, J. C.; Bird, P. I. (2016): Mice Lacking Brinp2 or Brinp3, or Both, Exhibit Behaviors Consistent with Neurodevelopmental Disorders. In: *Frontiers in behavioral neuroscience* 10, S. 196. DOI: 10.3389/fnbeh.2016.00196.
- Boettcher, P. J.; Freeman, A. E.; Johnston, S. D.; Smith, R. K.; Beitz, D. C.; McDaniel, B. T. (1996): Relationships Between Polymorphism for Mitochondrial Deoxyribonucleic Acid and Yield Traits of Holstein Cows. In: *Journal of dairy science* 79 (4), S. 647–654. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(96)76410-X.
- Boettcher, P. J.; Gibson, J. P. (1997): Estimation of Variance of Maternal Lineage Effects Among Canadian Holsteins. In: *Journal of dairy science* 80 (9), S. 2167–2176. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(97)76164-2.
- Booth, C. J.; Warnick, L. D.; Gröhn, Y. T.; Maizon, D. O.; Guard, C. L.; Janssen, D. (2004): Effect of Lameness on Culling in Dairy Cows. In: *Journal of dairy science* 87 (12), S. 4115–4122. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(04)73554-7.
- Buenger, A.; Ducrocq, V.; Swalve, H. H. (2001): Analysis of Survival in Dairy Cows with Supplementary Data on Type Scores and Housing Systems from a Region of Northwest Germany. In: *Journal of dairy science* 84 (6), S. 1531–1541. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(01)70187-7.
- Cai, Z.; Guldbrandtsen, B.; Lund, M. S.; Sahana, G. (2018): Prioritizing candidate genes post-GWAS using multiple sources of data for mastitis resistance in dairy cattle. In: *BMC genomics* 19 (1), S. 656. DOI: 10.1186/s12864-018-5050-x.
- Calus, M. P. L.; Bijma, P.; Veerkamp, R. F. (2004): Effects of data structure on the estimation of covariance functions to describe genotype by environment interactions in a reaction norm model. In: *Genetics Selection Evolution* 36 (5), S. 489–507. DOI: 10.1186/1297-9686-36-5-489.



- Charfeddine, N.; Pérez-Cabal, M. A. (2017): Effect of claw disorders on milk production, fertility, and longevity, and their economic impact in Spanish Holstein cows. In: *Journal of dairy science* 100 (1), S. 653–665. DOI: 10.3168/jds.2016-11434.
- Chen, F.; Wu, P.; Shen, M.; He, M.; Chen, L.; Qiu, C. et al. (2019): Transcriptome Analysis of Differentially Expressed Genes Related to the Growth and Development of the Jinghai Yellow Chicken. In: *Genes* 10 (7). DOI: 10.3390/genes10070539.
- Chiaratti, M. R.; Bressan, F. F.; Ferreira, C. R.; Caetano, A. R.; Smith, L. C.; Vercesi, A. E.; Meirelles, F. V. (2010): Embryo mitochondrial DNA depletion is reversed during early embryogenesis in cattle. In: *Biology of reproduction* 82 (1), S. 76–85. DOI: 10.1095/biolreprod.109.077776.
- Cox, D. R.; Oakes, D. (1984): *Analysis of Survival Data*. London: Chapman & Hall.
- Craig, H. J. B.; Stachowicz, K.; Black, M.; Parry, M.; Burke, C. R.; Meier, S.; Amer, P. R. (2018): Genotype by environment interactions in fertility traits in New Zealand dairy cows. In: *Journal of dairy science* 101 (12), S. 10991–11003. DOI: 10.3168/jds.2017-14195.
- Cramer, G.; Lissemore, K. D.; Guard, C. L.; Leslie, K. E.; Kelton, D. F. (2009): The association between foot lesions and culling risk in Ontario Holstein cows. In: *Journal of dairy science* 92 (6), S. 2572–2579. DOI: 10.3168/jds.2008-1532.
- Danovi, D.; Meulmeester, E.; Pasini, D.; Migliorini, D.; Capra, M.; Frenk, R. et al. (2004): Amplification of Mdmx (or Mdm4) directly contributes to tumor formation by inhibiting p53 tumor suppressor activity. In: *Molecular and cellular biology* 24 (13), S. 5835–5843. DOI: 10.1128/MCB.24.13.5835–5843.2004.
- Doyle, J. L.; Berry, D. P.; Veerkamp, R. F.; Carthy, T. R.; Evans, R. D.; Walsh, S. W.; Purfield, D. C. (2020): Genomic regions associated with muscularity in beef cattle differ in five contrasting cattle breeds. In: *Genetics Selection Evolution* 52 (1), S. 2. DOI: 10.1186/s12711-020-0523-1.
- Ducrocq, V. (1999): Two years of experience with the French genetic evaluation of dairy bulls on production-adjusted longevity of their daughters. In: *Interbull Bulletin* 21, S. 60–68.
- Ducrocq, V.; Sölkner, J. (1998): 'The Survival Kit V3.0' - a package for large analyses of survival data. In: *Proceedings of the World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Armidale, Australia, 11.-16.01.1998* (27), S. 447–448.

- Edea, Z.; Jeoung, Y. H.; Shin, S.-S.; Ku, J.; Seo, S.; Kim, I.-H. et al. (2018): Genome-wide association study of carcass weight in commercial Hanwoo cattle. In: *Asian-Australasian journal of animal sciences* 31 (3), S. 327–334. DOI: 10.5713/ajas.17.0276.
- Egger-Danner, C.; Cole, J. B.; Pryce, J. E.; Gengler, N.; Heringstad, B.; Bradley, A.; Stock, K. F. (2015): Invited review: overview of new traits and phenotyping strategies in dairy cattle with a focus on functional traits. In: *Animal : an international journal of animal bioscience* 9 (2), S. 191–207. DOI: 10.1017/S1751731114002614.
- El Shourbagy, S. H.; Spikings, E. C.; Freitas, M.; St John, J. C. (2006): Mitochondria directly influence fertilisation outcome in the pig. In: *Reproduction (Cambridge, England)* 131 (2), S. 233–245. DOI: 10.1530/rep.1.00551.
- El-Bayomi, K. M.; Saleh, A. A.; Awad, A.; El-Tarabany, M. S.; El-Qaliouby, H. S.; Afifi, M. et al. (2018): Association of CYP19A1 gene polymorphisms with anoestrus in water buffaloes. In: *Reproduction, fertility, and development* 30 (3), S. 487–497. DOI: 10.1071/RD16528.
- Fang, Z.-H.; Pausch, H. (2019): Multi-trait meta-analyses reveal 25 quantitative trait loci for economically important traits in Brown Swiss cattle. In: *BMC genomics* 20 (1), S. 695. DOI: 10.1186/s12864-019-6066-6.
- Forabosco, F.; Jakobsen, J. H.; Fikse, W. F. (2009): International genetic evaluation for direct longevity in dairy bulls. In: *Journal of dairy science* 92 (5), S. 2338–2347. DOI: 10.3168/jds.2008-1214.
- Furuya, N.; Kakuta, S.; Sumiyoshi, K.; Ando, M.; Nonaka, R.; Suzuki, A. et al. (2018): NDP52 interacts with mitochondrial RNA poly(A) polymerase to promote mitophagy. In: *EMBO reports* 19 (12). DOI: 10.15252/embr.201846363.
- Gao, C.; Xiao, G.; Bargonetti, J. (2019): Contemplations on MDMX (MDM4) driving triple negative breast cancer circulating tumor cells and metastasis. In: *Oncotarget* 10 (49), S. 5007–5010. DOI: 10.18632/oncotarget.27134.
- Garcia-Ruiz, A.; Ruiz-Lopez, F. J.; Vazquez-Pelaez, C. G.; Valencia-Posadas, M. (2016): Impact of conformation traits on genetic evaluation of length of productive life of holstein cattle. In: *International Journal of Livestock Production* 7 (9), S. 66–75. DOI: 10.5897/IJLP2016.0301.
- Garrick, D. J.; Taylor, J. F.; Fernando, R. L. (2009): Deregressing estimated breeding values and weighting information for genomic regression analyses. In: *Genetics Selection Evolution* 41, S. 55. DOI: 10.1186/1297-9686-41-55.

- Garzon, N. A. M. (2019): Genomic analysis for preweaning calf mortality in Nellore cattle. Master thesis. São Paulo State University, São Paulo. Online verfügbar unter [https://repositorio.unesp.br/bitstream/handle/11449/183544/garzon\\_nam\\_me\\_jabo\\_sub.pdf?sequence=5&isAllowed=y](https://repositorio.unesp.br/bitstream/handle/11449/183544/garzon_nam_me_jabo_sub.pdf?sequence=5&isAllowed=y), zuletzt geprüft am 16.04.2020.
- Gernand, E.; König, S. (2014): Short communication: Genetic relationships between claw disorders, protein yield, and somatic cell score by days in milk. In: *Journal of dairy science* 97 (9), S. 5872–5879. DOI: 10.3168/jds.2013-7612.
- Gernand, E.; Rehbein, P.; Borstel, U. U. von; König, S. (2012): Incidences of and genetic parameters for mastitis, claw disorders, and common health traits recorded in dairy cattle contract herds. In: *Journal of dairy science* 95 (4), S. 2144–2156. DOI: 10.3168/jds.2011-4812.
- Goddard, M. (2009): Genomic selection: prediction of accuracy and maximisation of long term response. In: *Genetica* 136 (2), S. 245–257. DOI: 10.1007/s10709-008-9308-0.
- González-Recio, O.; Alenda, R. (2007): Genetic relationship of discrete-time survival with fertility and production in dairy cattle using bivariate models. In: *Genetics Selection Evolution* 39 (4), S. 391. DOI: 10.1186/1297-9686-39-4-391.
- Gorman, G. S.; Chinnery, P. F.; DiMauro, S.; Hirano, M.; Koga, Y.; McFarland, R. et al. (2016): Mitochondrial diseases. In: *Nature reviews. Disease primers* 2, S. 16080. DOI: 10.1038/nrdp.2016.80.
- Groeneveld, E. (2006): PEST User's Manual: FAL.
- Gröhn, Y. T.; Eicker, S. W.; Ducrocq, V.; Hertl, J. A. (1998): Effect of Diseases on the Culling of Holstein Dairy Cows in New York State. In: *Journal of dairy science* 81 (4), S. 966–978. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(98)75657-7.
- Gyllensten, U.; Wharton, D.; Wilson, A. C. (1985): Maternal inheritance of mitochondrial DNA during backcrossing of two species of mice. In: *The Journal of heredity* 76 (5), S. 321–324. DOI: 10.1093/oxfordjournals.jhered.a110103.
- Häggman, J.; Juga, J. (2013): Genetic parameters for hoof disorders and feet and leg conformation traits in Finnish Holstein cows. In: *Journal of dairy science* 96 (5), S. 3319–3325. DOI: 10.3168/jds.2012-6334.
- Haile-Mariam, M.; Carrick, M. J.; Goddard, M. E. (2008): Genotype by environment interaction for fertility, survival, and milk production traits in Australian dairy cattle. In: *Journal of dairy science* 91 (12), S. 4840–4853. DOI: 10.3168/jds.2008-1084.

- Haile-Mariam, M.; Nieuwhof, G. J.; Beard, K. T.; Konstatinov, K. V.; Hayes, B. J. (2013): Comparison of heritabilities of dairy traits in Australian Holstein-Friesian cattle from genomic and pedigree data and implications for genomic evaluations. In: *Journal of Animal Breeding and Genetics* 130 (1), S. 20–31. DOI: 10.1111/j.1439-0388.2013.01001.x.
- Hardeng, F.; Edge, V. L. (2001): Mastitis, Ketosis, and Milk Fever in 31 Organic and 93 Conventional Norwegian Dairy Herds. In: *Journal of dairy science* 84 (12), S. 2673–2679. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(01)74721-2.
- Hayes, B. J.; Pryce, J.; Chamberlain, A. J.; Bowman, P. J.; Goddard, M. E. (2010): Genetic architecture of complex traits and accuracy of genomic prediction: coat colour, milk-fat percentage, and type in Holstein cattle as contrasting model traits. In: *PLoS genetics* 6 (9), e1001139. DOI: 10.1371/journal.pgen.1001139.
- Heise, J.; Liu, Z.; Stock, K. F.; Rensing, S.; Reinhardt, F.; Simianer, H. (2016): The genetic structure of longevity in dairy cows. In: *Journal of dairy science* 99 (2), S. 1253–1265. DOI: 10.3168/jds.2015-10163.
- Heise, J.; Stock, K. F.; Rensing, S.; Simianer, H. (2018): Potenzial der Nutzung von Routinemeldungen der Abgangsursachen für die Milchrinderzucht. In: *Züchtungskunde* 90 (1), S. 13–26.
- Heringstad, B. (2010): Genetic analysis of fertility-related diseases and disorders in Norwegian Red cows. In: *Journal of dairy science* 93 (6), S. 2751–2756. DOI: 10.3168/jds.2009-2879.
- Heringstad, B.; Chang, Y. M.; Gianola, D.; Klemetsdal, G. (2005): Genetic Analysis of Clinical Mastitis, Milk Fever, Ketosis, and Retained Placenta in Three Lactations of Norwegian Red Cows. In: *Journal of dairy science* 88 (9), S. 3273–3281. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(05)73010-1.
- Heyen, D. W.; Weller, J. I.; Ron, M.; Band, M.; Beever, J. E.; Feldmesser, E. et al. (1999): A genome scan for QTL influencing milk production and health traits in dairy cattle. In: *Physiological genomics* 1 (3), S. 165–175. DOI: 10.1152/physiolgenomics.1999.1.3.165.
- Holtsmark, M.; Heringstad, B.; Madsen, P.; Ødegård, J. (2008): Genetic relationship between culling, milk production, fertility, and health traits in Norwegian red cows. In: *Journal of dairy science* 91 (10), S. 4006–4012. DOI: 10.3168/jds.2007-0816.

- Hörning, B.; Aibel, E.; Simantke, C. (2004): Ökologische Milch- und Rindfleischproduktion; Struktur, Entwicklung, Probleme, politischer Handlungsbedarf. Schlussbericht. Hg. v. Geschäftsstelle Bundesprogramm ökologischer Landbau in der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE). Online verfügbar unter <https://orgprints.org/13434/1/13434-02OE348-ble-uni-kassel-2003-rinderproduktion.pdf>, zuletzt geprüft am 05.05.2020.
- Huang, C.; Yang, S.; Ge, R.; Sun, H.; Shen, F.; Wang, Y. (2008): ZNF23 induces apoptosis in human ovarian cancer cells. In: *Cancer letters* 266 (2), S. 135–143. DOI: 10.1016/j.canlet.2008.02.059.
- Hultgren, J.; Svensson, C. (2009): Heifer rearing conditions affect length of productive life in Swedish dairy cows. In: *Preventive veterinary medicine* 89 (3-4), S. 255–264. DOI: 10.1016/j.prevetmed.2009.02.012.
- Hutchison, C. A.; Newbold, J. E.; Potter, S. S.; Edgell, M. H. (1974): Maternal inheritance of mammalian mitochondrial DNA. In: *Nature* 251 (5475), S. 536–538. DOI: 10.1038/251536a0.
- Ivemeyer, S.; Brinkmann, J.; March, S.; Simantke, C.; Winckler, C.; Knierim, U. (2018): Major organic dairy farm types in Germany and their farm, herd, and management characteristics. In: *Organic Agriculture* 8 (3), S. 231–247. DOI: 10.1007/s13165-017-0189-3.
- Jiang, J.; Ma, L.; Prakapenka, D.; VanRaden, P. M.; Cole, J. B.; Da, Y. (2019): A Large-Scale Genome-Wide Association Study in U.S. Holstein Cattle. In: *Frontiers in genetics* 10, S. 412. DOI: 10.3389/fgene.2019.00412.
- Kearney, J. F.; Schutz, M. M.; Boettcher, P. J. (2004a): Genotype  $\times$  Environment Interaction for Grazing vs. Confinement. II. Health and Reproduction Traits. In: *Journal of dairy science* 87 (2), S. 510–516. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(04)73190-2.
- Kearney, J. F.; Wall, E.; Villanueva, B.; Coffey, M. P. (2004b): Inbreeding Trends and Application of Optimized Selection in the UK Holstein Population. In: *Journal of dairy science* 87 (10), S. 3503–3509. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(04)73485-2.
- Kehr, C.; Fischer, R.; Fiedler, K.; Bergfeld, U.; Klunker, M. (2007): Analyse genetischer Einflussfaktoren auf Gesundheitsmerkmale beim Milchrind und Ableitung züchterischer Maßnahmen. In: *Schriftenreihe der Sächsischen Landesanstalt für Landwirtschaft* (8), S. 1–82.

- Kinoshita, A.; Kenéz, Á.; Hasselmann, M.; Dänicke, S.; Huber, K. (2018): Inter-individual variation in adaptive capacity at onset of lactation: Linking metabolic phenotype with mitochondrial DNA haplotype in Holstein dairy cows. In: *Scientific reports* 8 (1), S. 15439. DOI: 10.1038/s41598-018-33853-6.
- Kirsanova, E.; Heringstad, B.; Lewandowska-Sabat, A.; Olsaker, I. (2020): Identification of candidate genes affecting chronic subclinical mastitis in Norwegian Red cattle: combining genome-wide association study, topologically associated domains and pathway enrichment analysis. In: *Animal genetics* 51 (1), S. 22–31. DOI: 10.1111/age.12886.
- Klunker, M.; Schüler, L.; Bergfeld, U.; Müller, U. (2002): Zur Bedeutung der Familienzucht bei Milchrindern. In: *Archiv für Tierzucht, Dummerstorf Sonderheft*, S. 27–37. Online verfügbar unter <https://www.arch-anim-breed.net/AAB-Sonderheft-2002.pdf>, zuletzt geprüft am 06.05.2020.
- Koehler, C. M.; Lindberg, G. L.; Brown, D. R.; Beitz, D. C.; Freeman, A. E.; Mayfield, J. E.; Myers, A. M. (1991): Replacement of bovine mitochondrial DNA by a sequence variant within one generation. In: *Genetics* 129 (1), S. 247–255.
- Kolbehdari, D.; Wang, Z.; Grant, J. R.; Murdoch, B.; Prasad, A.; Xiu, Z. et al. (2008): A whole-genome scan to map quantitative trait loci for conformation and functional traits in Canadian Holstein bulls. In: *Journal of dairy science* 91 (7), S. 2844–2856. DOI: 10.3168/jds.2007-0585.
- Kolbehdari, D.; Wang, Z.; Grant, J. R.; Murdoch, B.; Prasad, A.; Xiu, Z. et al. (2009): A whole genome scan to map QTL for milk production traits and somatic cell score in Canadian Holstein bulls. In: *Journal of Animal Breeding and Genetics* 126 (3), S. 216–227. DOI: 10.1111/j.1439-0388.2008.00793.x.
- Kommission der europäischen Gemeinschaften (25.09.2008): Verordnung (EG) Nr. 889/2008 der Kommission, vom 05.09.2008. Online verfügbar unter <https://eur-lex.europa.eu/eli/reg/2008/889/oj>, zuletzt geprüft am 04.05.2020.
- König, S. (2009a): Die weibliche Seite der Selektion, von Kuhfamilien mit hohen Lebensleistungen. Vortragstagung "Rinderzucht im Umbruch". Haus Riswick, Kleve, 17.12.2009.
- König, S.; Dietl, G.; Raeder, I.; Swalve, H. H. (2005): Genetic Relationships for Dairy Performance Between Large-Scale and Small-Scale Farm Conditions. In: *Journal of dairy science* 88 (11), S. 4087–4096. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(05)73093-9.

- König, S.; Schmidt, L.; Borstel, U. U. von; Brügemann, K.; Schade, W.; Christmann, L. (2010): Maternal lineage effects on dressage and show jumping performances of Hannoverian sport horses. In: Book of Abstracts. 61st Annual Meeting of the EAAP. Heraklion, Greece, 23-27.08.2010: Wageningen Academic Pub (16), S. 86.
- König, S.; Simianer, H.; Willam, A. (2009b): Economic evaluation of genomic breeding programs. In: *Journal of dairy science* 92 (1), S. 382–391. DOI: 10.3168/jds.2008-1310.
- König, S.; Wu, X. L.; Gianola, D.; Heringstad, B.; Simianer, H. (2008): Exploration of Relationships Between Claw Disorders and Milk Yield in Holstein Cows via Recursive Linear and Threshold Models. In: *Journal of dairy science* 91 (1), S. 395–406. DOI: 10.3168/jds.2007-0170.
- König, S.; Yin, T.; Wensch-Dorendorf, M.; Swalve, H. H. (2011): Selection of young sires in genomic breeding programs. In: *Interbull Bulletin* 44, S. 134–137.
- Kopke, G. (2019): Genomische und genetisch-statistische Analyse zur Anfälligkeit für Dermatitis digitalis beim Holstein-Rind. Inaugural-Dissertation. Universität Leipzig, Leipzig.
- Kurz, J. P.; Yang, Z.; Weiss, R. B.; Wilson, D. J.; Rood, K. A.; Liu, G. E.; Wang, Z. (2019): A genome-wide association study for mastitis resistance in phenotypically well-characterized Holstein dairy cattle using a selective genotyping approach. In: *Immunogenetics* 71 (1), S. 35–47. DOI: 10.1007/s00251-018-1088-9.
- Levison, L. J.; Miller-Cushon, E. K.; Tucker, A. L.; Bergeron, R.; Leslie, K. E.; Barkema, H. W.; DeVries, T. J. (2016): Incidence rate of pathogen-specific clinical mastitis on conventional and organic Canadian dairy farms. In: *Journal of dairy science* 99 (2), S. 1341–1350. DOI: 10.3168/jds.2015-9809.
- Li, J.; Liu, J.; Campanile, G.; Plastow, G.; Zhang, C.; Wang, Z. et al. (2018): Novel insights into the genetic basis of buffalo reproductive performance. In: *BMC genomics* 19 (1), S. 814. DOI: 10.1186/s12864-018-5208-6.
- Lillehammer, M.; Meuwissen, T. H. E.; Sonesson, A. K. (2011): A comparison of dairy cattle breeding designs that use genomic selection. In: *Journal of dairy science* 94 (1), S. 493–500. DOI: 10.3168/jds.2010-3518.

- Loker, S.; Bastin, C.; Miglior, F.; Sewalem, A.; Schaeffer, L. R.; Jamrozik, J.; Osborne, V. (2011): Short communication: Estimates of genetic parameters of body condition score in the first 3 lactations using a random regression animal model. In: *Journal of dairy science* 94 (7), S. 3693–3699. DOI: 10.3168/jds.2010-4122.
- Madsen, P.; Jensen, J. (2013): A User's Guide to DMU - a package for analysing multivariate mixed models. Version 6 (release 5.2).
- Malchiodi, F.; Brito, L. F.; Schenkel, F. S.; Christen, A. M.; Kelton, D. F.; Miglior, F. (2018): Genome-wide association study and functional analysis of infectious and horn type hoof lesions in Canadian Holstein cattle. In: Proceedings of the World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. 11th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Auckland, New Zealand, 11.-16.02.2018.
- Mallikarjunappa, S.; Sargolzaei, M.; Brito, L. F.; Meade, K. G.; Karrow, N. A.; Pant, S. D. (2018): Short communication: Uncovering quantitative trait loci associated with resistance to *Mycobacterium avium* ssp. paratuberculosis infection in Holstein cattle using a high-density single nucleotide polymorphism panel. In: *Journal of dairy science* 101 (8), S. 7280–7286. DOI: 10.3168/jds.2018-14388.
- Marine, J.-C. (2012): Spotlight on the role of COP1 in tumorigenesis. In: *Nature reviews. Cancer* 12 (7), S. 455–464. DOI: 10.1038/nrc3271.
- Martin, G. F. (2012): Analyse von Behandlungsdaten zur Entwicklung eines Zuchtwertschätzverfahrens für Eutergesundheit beim Milchrind. Dissertation. Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle (Saale).
- May, K.; Weimann, C.; Scheper, C.; Strube, C.; König, S. (2019): Allele substitution and dominance effects of CD166/ALCAM gene polymorphisms for endoparasite resistance and test-day traits in a small cattle population using logistic regression analyses. In: *Mammalian genome: official journal of the International Mammalian Genome Society* 30 (9-10), S. 301–317. DOI: 10.1007/s00335-019-09818-z.
- May-Panloup, P.; Chrétien, M. F.; Jacques, C.; Vasseur, C.; Malthièry, Y.; Reynier, P. (2005): Low oocyte mitochondrial DNA content in ovarian insufficiency. In: *Human reproduction (Oxford, England)* 20 (3), S. 593–597. DOI: 10.1093/humrep/deh667.



- Melendez, P.; Poock, S. E.; Pithua, P.; Pinedo, P.; Manriquez, D.; Moore, S. G. et al. (2019): Genome-wide study to detect single nucleotide polymorphisms associated with visceral and subcutaneous fat deposition in Holstein dairy cows. In: *Animal : an international journal of animal bioscience* 13 (3), S. 487–494. DOI: 10.1017/S1751731118001519.
- Mészáros, G.; Sölkner, J.; Ducrocq, V. (2013): The Survival Kit: software to analyze survival data including possibly correlated random effects. In: *Computer methods and programs in biomedicine* 110 (3), S. 503–510. DOI: 10.1016/j.cmpb.2013.01.010.
- Metin Kiyici, J.; Akyüz, B.; Kaliber, M.; Arslan, K.; Aksel, E. G.; Çınar, M. U. (2019): LEP and SCD polymorphisms are associated with milk somatic cell count, electrical conductivity and pH values in Holstein cows. In: *Animal biotechnology*, S. 1–6. DOI: 10.1080/10495398.2019.1628767.
- M'hamdi, N.; Aloulou, R.; Bouallegue, M.; Brar, S. K.; Hamouda, M. B. (2010): Study on functional longevity of Tunisian Holstein dairy cattle using a Weibull proportional hazard model. In: *Livestock Science* 132 (1-3), S. 173–176. DOI: 10.1016/j.livsci.2010.05.011.
- Müller-Rätz, V. (2019): Untersuchungen zur genetischen Verankerung von Störungen der Reproduktionsorgane der Milchkuh anhand von Gesundheitsdaten des GKUHplus Projekts. Dissertation. Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle (Saale).
- Nascimento, A. V. do; Romero, Â. R. da S.; U., Yuri T.; Utsunomiya, A. T. H.; Cardoso, D. F.; Neves, H. H. R. et al. (2018): Genome-wide association study using haplotype alleles for the evaluation of reproductive traits in Nelore cattle. In: *PloS one* 13 (8), e0201876. DOI: 10.1371/journal.pone.0201876.
- Nauta, W. J.; Veerkamp, R. F.; Brascamp, E. W.; Bovenhuis, H. (2006): Genotype by Environment Interaction for Milk Production Traits Between Organic and Conventional Dairy Cattle Production in The Netherlands. In: *Journal of dairy science* 89 (7), S. 2729–2737. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(06)72349-9.
- Nayeri, S.; Sargolzaei, M.; Abo-Ismael, M. K.; Miller, S.; Schenkel, F.; Moore, S. S.; Stothard, P. (2017): Genome-wide association study for lactation persistency, female fertility, longevity, and lifetime profit index traits in Holstein dairy cattle. In: *Journal of dairy science* 100 (2), S. 1246–1258. DOI: 10.3168/jds.2016-11770.
- Nayeri, S.; Schenkel, F.; Fleming, A.; Kroezen, V.; Sargolzaei, M.; Baes, C. et al. (2019): Genome-wide association analysis for  $\beta$ -hydroxybutyrate concentration in Milk in Holstein dairy cattle. In: *BMC genetics* 20 (1), S. 58. DOI: 10.1186/s12863-019-0761-9.

- Neerhof, H. J.; Madsen, P.; Ducrocq, V. P.; Vollema, A. R.; Jensen, J.; Korsgaard, I. R. (2000): Relationships Between Mastitis and Functional Longevity in Danish Black and White Dairy Cattle Estimated Using Survival Analysis. In: *Journal of dairy science* 83 (5), S. 1064–1071. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(00)74970-8.
- Neuenschwander, T. F.-O.; Miglior, F.; Jamrozik, J.; Berke, O.; Kelton, D. F.; Schaeffer, L. R. (2012): Genetic parameters for producer-recorded health data in Canadian Holstein cattle. In: *Animal : an international journal of animal bioscience* 6 (4), S. 571–578. DOI: 10.1017/S1751731111002059.
- Neumaier, A.; Groeneveld, E. (1998): Restricted maximum likelihood estimation of covariances in sparse linear models. In: *Genetics Selection Evolution* 30 (1), S. 3. DOI: 10.1186/1297-9686-30-1-3.
- Niebel, E., Rittler, A., Fewson, D. (1972): Selektionswürdigkeit der Merkmale. Hohenheimer Arbeiten 64, Reihe: Tierische Produktion, Teil B. Eugen Ulmer Verlag, Stuttgart.
- Niemi, A.-K.; Hervonen, A.; Hurme, M.; Karhunen, P. J.; Jylhä, M.; Majamaa, K. (2003): Mitochondrial DNA polymorphisms associated with longevity in a Finnish population. In: *Human genetics* 112 (1), S. 29–33. DOI: 10.1007/s00439-002-0843-y.
- Oltenacu, P. A.; Frick, A.; Lindhé, B. (1990): Epidemiological study of several clinical diseases, reproductive performance and culling in primiparous Swedish cattle. In: *Preventive veterinary medicine* 9 (1), S. 59–74. DOI: 10.1016/0167-5877(90)90042-G.
- Oltenacu, P. A.; Young, C. W. (1974): Genetic Optimization of a Young Bull Sampling Program in Dairy Cattle. In: *Journal of dairy science* 57 (8), S. 894–897. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(74)84983-0.
- Onken, F. (1995): Populationsgenetische Untersuchungen zur zytoplasmatischen Vererbung beim Milchrind. Dissertation. Georg-August-Universität Göttingen, Göttingen.
- Pagano, G.; Talamanca, A. A.; Castello, G.; Cordero, M. D.; d'Ischia, M.; Gadaleta, M. N. et al. (2014): Oxidative stress and mitochondrial dysfunction across broad-ranging pathologies: toward mitochondria-targeted clinical strategies. In: *Oxidative medicine and cellular longevity* 2014, S. 541230. DOI: 10.1155/2014/541230.

- Pant, S. D.; Schenkel, F. S.; Verschoor, C. P.; You, Q.; Kelton, D. F.; Moore, S. S.; Karrow, N. A. (2010): A principal component regression based genome wide analysis approach reveals the presence of a novel QTL on BTA7 for MAP resistance in holstein cattle. In: *Genomics* 95 (3), S. 176–182. DOI: 10.1016/j.ygeno.2010.01.001.
- Parker Gaddis, K. L.; Cole, J. B.; Clay, J. S.; Maltecca, C. (2014): Genomic selection for producer-recorded health event data in US dairy cattle. In: *Journal of dairy science* 97 (5), S. 3190–3199. DOI: 10.3168/jds.2013-7543.
- Peng, W.; Wang, H. Y.; Miyahara, Y.; Peng, G.; Wang, R.-F. (2008): Tumor-associated galectin-3 modulates the function of tumor-reactive T cells. In: *Cancer research* 68 (17), S. 7228–7236. DOI: 10.1158/0008-5472.CAN-08-1245.
- Pérez-Cabal, M.A.; Alenda, R. (2003): Lifetime profit as an individual trait and prediction of its breeding values in Spanish Holstein cows. In: *Journal of dairy science* 86, S. 4115-4122.
- Pérez-Cabal, M.A.; García, C.; González-Recio, O.; Alenda, R. (2006): Genetic and phenotypic relationships among locomotion type traits, profit, production, longevity, and fertility in Spanish dairy cows. In: *Journal of dairy science* 89, S. 1776-1783.
- Peters, S. O.; Kizilkaya, K.; Garrick, D. J.; Fernando, R. L.; Reecy, J. M.; Imumorin, I. G.; Thomas, M. G. (2014): Genome-wide Association Study of First Service Conception Rate in Brangus Heifers using Probit, Robit and Logit Models. In: Proceedings of the World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Vancouver, Canada, 17.-22.08.2014.
- Pfeiffer, C.; Fuerst, C.; Schwarzenbacher, H.; Fuerst-Waltl, B. (2016): Genotype by environment interaction in organic and conventional production systems and their consequences for breeding objectives in Austrian Fleckvieh cattle. In: *Livestock Science* 185, S. 50–55. DOI: 10.1016/j.livsci.2016.01.011.
- Pfeiffer, C.; Reiter, E.; Fuerst, C.; Fuerst-Waltl, B. (2017): Genetic parameters of Austrian Fleckvieh cattle in organic and conventional production systems with different levels of management intensity. In: *Agriculturae Conspectus Scientificus* (2), S. 93–96.
- Pinedo, P. J.; Vries, A. de; Webb, D. W. (2010): Dynamics of culling risk with disposal codes reported by Dairy Herd Improvement dairy herds. In: *Journal of dairy science* 93 (5), S. 2250–2261. DOI: 10.3168/jds.2009-2572.

- Pritchard, T.; Coffey, M.; Mrode, R.; Wall, E. (2013a): Genetic parameters for production, health, fertility and longevity traits in dairy cows. In: *Animal : an international journal of animal bioscience* 7 (1), S. 34–46. DOI: 10.1017/S1751731112001401.
- Pritchard, T.; Coffey, M.; Mrode, R.; Wall, E. (2013b): Understanding the genetics of survival in dairy cows. In: *Journal of dairy science* 96 (5), S. 3296–3309. DOI: 10.3168/jds.2012-6219.
- Probo, M.; Pascottini, O. Bogado; LeBlanc, S.; Opsomer, G.; Hostens, M. (2018): Association between metabolic diseases and the culling risk of high-yielding dairy cows in a transition management facility using survival and decision tree analysis. In: *Journal of dairy science* 101 (10), S. 9419–9429. DOI: 10.3168/jds.2018-14422.
- Pryce, J. E.; Goddard, M. E.; Raadsma, H. W.; Hayes, B. J. (2010): Deterministic models of breeding scheme designs that incorporate genomic selection. In: *Journal of dairy science* 93 (11), S. 5455–5466. DOI: 10.3168/jds.2010-3256.
- Purcell, S.; Neale, B.; Todd-Brown, K.; Thomas, L.; Ferreira, M. A. R.; Bender, D. et al. (2007): PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. In: *American journal of human genetics* 81 (3), S. 559–575. DOI: 10.1086/519795.
- Qin, Ying-He; Chen, Shi-Yi; Lai, Song-Jia (2012): Polymorphisms of mitochondrial ATPase 8/6 genes and association with milk production traits in Holstein cows. In: *Animal biotechnology* 23 (3), S. 204–212. DOI: 10.1080/10495398.2012.686468.
- R Core Team (2018): R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria. Online verfügbar unter <https://www.R-project.org/>.
- Rahmann, G.; Nieberg, H.; Drengemann, S.; Fenneker, A.; March, S.; Zurek, C. (2004): Bundesweite Erhebung und Analyse der verbreiteten Produktionsverfahren, der realisierten Vermarktungswege und der wirtschaftlichen sowie sozialen Lage ökologisch wirtschaftender Betriebe und Aufbau eines bundesweiten Praxis-Forschungs-Netzes. In: *Landbauforschung Völkenrode Sonderheft* (276). Online verfügbar unter [https://literatur.thuenen.de/digbib\\_extern/bitv/zi036030.pdf](https://literatur.thuenen.de/digbib_extern/bitv/zi036030.pdf), zuletzt geprüft am 05.05.2020.
- Rajala-Schultz, P. J.; Gröhn, Y. T. (1999): Culling of dairy cows. Part III. Effects of diseases, pregnancy status and milk yield on culling in Finnish Ayrshire cows. In: *Preventive veterinary medicine* 41 (4), S. 295–309. DOI: 10.1016/S0167-5877(99)00047-1.

- Raven, L.-A.; Cocks, B. G.; Hayes, B. J. (2014): Multibreed genome wide association can improve precision of mapping causative variants underlying milk production in dairy cattle. In: *BMC genomics* 15, S. 62. DOI: 10.1186/1471-2164-15-62.
- Reynier, P.; May-Panloup, P.; Chrétien, M. F.; Morgan, C. J.; Jean, M.; Savagner, F. et al. (2001): Mitochondrial DNA content affects the fertilizability of human oocytes. In: *Molecular human reproduction* 7 (5), S. 425–429. DOI: 10.1093/molehr/7.5.425.
- Robertson, A. (1959): The Sampling Variance of the Genetic Correlation Coefficient. In: *Biometrics* 15 (3), S. 469. DOI: 10.2307/2527750.
- Roughsedge, T.; Brotherstone, S.; Visscher, P. M. (2001): Bias and Power in the Estimation of a Maternal Family Variance Component in the Presence of Incomplete and Incorrect Pedigree Information. In: *Journal of dairy science* 84 (4), S. 944–950. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(01)74552-3.
- Roughsedge, T.; Visscher, P. M.; Brotherstone, S. (2000): Effects of cow families on production traits in dairy cattle. In: *Animal Science* 71 (1), S. 49–57. DOI: 10.1017/S1357729800054886.
- Roxström, A.; Strandberg, E. (2002): Genetic analysis of functional, fertility-, mastitis-, and production-determined length of productive life in Swedish dairy cattle. In: *Livestock Production Science* 74 (2), S. 125–135. DOI: 10.1016/S0301-6226(01)00300-1.
- Sahana, G.; Guldbbrandtsen, B.; Thomsen, B.; Holm, L-E; Panitz, F.; Brøndum, R. F. et al. (2014): Genome-wide association study using high-density single nucleotide polymorphism arrays and whole-genome sequences for clinical mastitis traits in dairy cattle. In: *Journal of dairy science* 97 (11), S. 7258–7275. DOI: 10.3168/jds.2014-8141.
- Samoré, A. B.; Schneider, M.del P.; Canavesi, F.; Bagnato, A.; Groen, A. F. (2003): Relationship between somatic cell count and functional longevity assessed using survival analysis in Italian Holstein–Friesian cows. In: *Livestock Production Science* 80 (3), S. 211–220. DOI: 10.1016/S0301-6226(02)00185-9.
- Sánchez-Molano, E.; Bay, V.; Smith, R. F.; Oikonomou, G.; Banos, G. (2019): Quantitative Trait Loci Mapping for Lameness Associated Phenotypes in Holstein-Friesian Dairy Cattle. In: *Frontiers in genetics* 10, S. 926. DOI: 10.3389/fgene.2019.00926.
- Sander Nielsen, U.; Pedersen, A. G.; Pedersen, J.; Jensen, J. (1999): Genetic variation in disease traits and their relationships with survival in Danish dairy cattle. In: *Interbull Bulletin* 21, S. 170–178.

- Santos, O. A.; Parrini, M. C.; Camonis, J. (2016): RalGPS2 Is Essential for Survival and Cell Cycle Progression of Lung Cancer Cells Independently of Its Established Substrates Ral GTPases. In: *PLoS one* 11 (5), e0154840. DOI: 10.1371/journal.pone.0154840.
- Saowaphak, P.; Duangjinda, M.; Plaengkaeo, S.; Suwannasing, R.; Boonkum, W. (2017): Genetic correlation and genome-wide association study (GWAS) of the length of productive life, days open, and 305-days milk yield in crossbred Holstein dairy cattle. In: *Genetics and molecular research* 16 (2). DOI: 10.4238/gmr16029091.
- Sargolzaei, M.; Schenkel, F. S. (2009): QMSim: a large-scale genome simulator for livestock. In: *Bioinformatics (Oxford, England)* 25 (5), S. 680–681. DOI: 10.1093/bioinformatics/btp045.
- Schmidt, L. (2010): Untersuchung zur Bedeutung Hannoverscher Stutenstämme mittels quantitativ-genetischer Modelle. Masterarbeit. Georg-August-Universität Göttingen, Göttingen.
- Schutz, M. M.; Freeman, A. E.; Beitz, D. C.; Mayfield, J. E. (1992): The Importance of Maternal Lineage on Milk Yield Traits of Dairy Cattle. In: *Journal of dairy science* 75 (5), S. 1331–1341. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(92)77884-9.
- Schutz, M. M.; Freeman, A. E.; Lindberg, G. L.; Koehler, C. M.; Beitz, D. C. (1994): The effect of mitochondrial DNA on milk production and health of dairy cattle. In: *Livestock Production Science* 37 (3), S. 283–295. DOI: 10.1016/0301-6226(94)90123-6.
- Shabalina, T.; Yin, T.; König, S. (2020): Influence of common health disorders on the length of productive life and stayability in German Holstein cows. In: *Journal of dairy science* 103 (1), S. 583–596. DOI: 10.3168/jds.2019-16985.
- Sheldon, I. M.; Owens, S. E. (2017): Postpartum uterine infection and endometritis in dairy cattle. In: *Animal Reproduction* 14 (3), S. 622–629. DOI: 10.21451/1984-3143-AR1006.
- Slagboom, M.; Kargo, M.; Sørensen, A. C.; Thomasen, J. R.; Mulder, H. A. (2019): Genomic selection improves the possibility of applying multiple breeding programs in different environments. In: *Journal of dairy science* 102 (9), S. 8197–8209. DOI: 10.3168/jds.2018-15939.
- Sodeland, M.; Kent, M. P.; Olsen, H. G.; Opsal, M. A.; Svendsen, M.; Sehested, E. et al. (2011): Quantitative trait loci for clinical mastitis on chromosomes 2, 6, 14 and 20 in Norwegian Red cattle. In: *Animal genetics* 42 (5), S. 457–465. DOI: 10.1111/j.1365-2052.2010.02165.x.
- Spehar, M.; Ferenčaković, M.; Brajković, V.; Curik, I. (2017): Variance Estimation of Maternal Lineage Effect on Milk Traits in Croatian Holstein Cattle. In: *Agriculturae Conspectus Scientificus* 82 (3), 263-266.

- Strandén, I.; Mäki-Tanila, A.; Mäntysaari, E. A. (1991): Genetic progress and rate of inbreeding in a closed adult MOET nucleus under different mating strategies and heritabilities. In: *Journal of Animal Breeding and Genetics* 108 (1-6), S. 401–411. DOI: 10.1111/j.1439-0388.1991.tb00202.x.
- Sugimoto, M.; Fujikawa, A.; Womack, J. E.; Sugimoto, Y. (2006): Evidence that bovine forebrain embryonic zinc finger-like gene influences immune response associated with mastitis resistance. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 103 (17), S. 6454–6459. DOI: 10.1073/pnas.0601015103.
- Sundberg, T.; Rydhmer, L.; Fikse, W. F.; Berglund, B.; Strandberg, E. (2010): Genotype by environment interaction of Swedish dairy cows in organic and conventional production systems. In: *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A - Animal Science* 60 (2), S. 65–73. DOI: 10.1080/09064702.2010.496003.
- Sundrum, A. (2001): Organic livestock farming: A critical review. In: *Livestock Production Science* 67 (3), S. 207–215. DOI: 10.1016/S0301-6226(00)00188-3.
- Sutarno; Cummins, J. M.; Greeff, J.; Lymbery, A. J. (2002): Mitochondrial DNA polymorphisms and fertility in beef cattle. In: *Theriogenology* 57 (6), S. 1603–1610. DOI: 10.1016/S0093-691X(02)00664-7.
- Swalve, H. H. (2014): Projekt Kuh-L: Was bringt uns eine Kuhlernstichprobe? In: *Milchrind*, 2014 (2).
- Swalve, H. H.; König, S. (2007): Testherden in Zuchtprogrammen für Milchrinder. 1. Mitteilung: Allgemeine Überlegungen. In: *Züchtungskunde* 79, S. 249–263.
- Swalve, H. H.; Wensch-Dorendorf, M. (2016): Statistische Methoden zur Modellierung mitochondrialer extrachromosomaler Vererbung über mütterliche Linien in Daten aus der Milchrinderzucht. In: G. Brem (Hg.): *Geschlechtsabhängige Vererbung - mehr als Gender und Sex*. Gemeinsames Symposium der Deutschen Akademie der Naturforscher Leopoldina - Nationale Akademie der Wissenschaften, der Österreichischen Akademie der Wissenschaften (ÖAW) und der Veterinärmedizinischen Universität Wien am 27. und 28. März 2014 in Wien. Halle (Saale), Stuttgart: Deutsche Akademie der Naturforscher Leopoldina Nationale Akademie der Wissenschaften; Wissenschaftliche Verlagsgesellschaft (Nova acta Leopoldina, Neue Folge, Nummer 404 = Band 119), S. 59–67.

- Szyda, J.; Morek-Kopeć, M.; Komisarek, J.; Zarnecki, A. (2011): Evaluating markers in selected genes for association with functional longevity of dairy cattle. In: *BMC genetics* 12, S. 30. DOI: 10.1186/1471-2156-12-30.
- Täubert, H.; Reinhardt, F.; Simianer, H. (2010): ZPLAN+ - A new software to evaluate and optimize animal breeding programs. In: Proceedings of the World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Leipzig, Germany, 01.-06.08.2010.
- Tsuruta, S.; Lourenco, D. A. L.; Misztal, I.; Lawlor, T. J. (2015): Genotype by environment interactions on culling rates and 305-day milk yield of Holstein cows in 3 US regions. In: *Journal of dairy science* 98 (8), S. 5796–5805. DOI: 10.3168/jds.2014-9242.
- Vaarst, M.; Hindhede, J.; Enevoldsen, C. (1998): Sole disorders in conventionally managed and organic dairy herds using different housing systems. In: *The Journal of dairy research* 65 (2), S. 175–186. DOI: 10.1017/s0022029997002823.
- van der Spek, D.; van Arendonk, J. A. M.; Bovenhuis, H. (2015): Genome-wide association study for claw disorders and trimming status in dairy cattle. In: *Journal of dairy science* 98 (2), S. 1286–1295. DOI: 10.3168/jds.2014-8302.
- van Tassell, C. P.; Ashwell, M. S.; Sonstegard, T. S. (2000): Detection of Putative Loci Affecting Milk, Health, and Conformation Traits in a US Holstein Population Using 105 Microsatellite Markers. In: *Journal of dairy science* 83 (8), S. 1865–1872. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(00)75058-2.
- van Tassell, C. P.; van Vleck, L. D. (1991): Estimates of Genetic Selection Differentials and Generation Intervals for Four Paths of Selection. In: *Journal of dairy science* 74 (3), S. 1078–1086. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(91)78258-1.
- Veerkamp, R. F.; Mulder, H. A.; Thompson, R.; Calus, M. P. L. (2011): Genomic and pedigree-based genetic parameters for scarcely recorded traits when some animals are genotyped. In: *Journal of dairy science* 94 (8), S. 4189–4197. DOI: 10.3168/jds.2011-4223.
- Verbyla, K. L.; Calus, M. P. L.; Mulder, H. A.; Haas, Y. de; Veerkamp, R. F. (2010): Predicting energy balance for dairy cows using high-density single nucleotide polymorphism information. In: *Journal of dairy science* 93 (6), S. 2757–2764. DOI: 10.3168/jds.2009-2928.



- vit (2018): Zentraler Tiergesundheitsschlüssel RIND. Abschnitt Diagnosen. Hg. v. Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w. V. Online verfügbar unter [http://www.gkuh.de/Standards/ZTGS\\_Diagnosen.20180615.pdf](http://www.gkuh.de/Standards/ZTGS_Diagnosen.20180615.pdf), zuletzt geprüft am 04.05.2020.
- vit (2019): Trends, Fakten, Zahlen 2018. Hg. v. Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w. V. Verden. Online verfügbar unter <https://www.vit.de/fileadmin/Wir-sind-vit/Jahresberichte/vit-JB2018-gesamt.pdf>, zuletzt geprüft am 05.02.2020.
- Wallace, D. C. (2012): Mitochondria and cancer. In: *Nature reviews. Cancer* 12 (10), S. 685–698. DOI: 10.1038/nrc3365.
- Wang, Z.; Ma, B.; Li, H.; Xiao, X.; Zhou, W.; Liu, F. et al. (2016): Protein 4.1N acts as a potential tumor suppressor linking PP1 to JNK-c-Jun pathway regulation in NSCLC. In: *Oncotarget* 7 (1), S. 509–523. DOI: 10.18632/oncotarget.6312.
- Wangler, A.; Blum, E.; Boettcher, I.; Sanftleben, P. (2009): Productive life and longevity of dairy cows on the basis of efficiency of milk production. In: *Züchtungskunde* 81 (5), S. 341–360.
- Weller, J. I.; Bickhart, D. M.; Wiggans, G. R.; Tooker, M. E.; O'Connell, J. R.; Jiang, J. et al. (2018): Determination of quantitative trait nucleotides by concordance analysis between quantitative trait loci and marker genotypes of US Holsteins. In: *Journal of dairy science* 101 (10), S. 9089–9107. DOI: 10.3168/jds.2018-14816.
- Wensch-Dorendorf, M.; Yin, T.; Swalve, H. H.; König, S. (2011): Optimal strategies for the use of genomic selection in dairy cattle breeding programs. In: *Journal of dairy science* 94 (8), S. 4140–4151. DOI: 10.3168/jds.2010-4101.
- Wu, X.; Guldbrandtsen, B.; Lund, M. S.; Sahana, G. (2016): Association analysis for feet and legs disorders with whole-genome sequence variants in 3 dairy cattle breeds. In: *Journal of dairy science* 99 (9), S. 7221–7231. DOI: 10.3168/jds.2015-10705.
- Wu, X.; Lund, M. S.; Sahana, G.; Guldbrandtsen, B.; Sun, D.; Zhang, Q.; Su, G. (2015): Association analysis for udder health based on SNP-panel and sequence data in Danish Holsteins. In: *Genetics Selection Evolution* 47, S. 50. DOI: 10.1186/s12711-015-0129-1.
- Xu, L.; Shi, L.; Liu, L.; Liang, R.; Li, Q.; Li, J. et al. (2019): Analysis of Liver Proteome and Identification of Critical Proteins Affecting Milk Fat, Protein, and Lactose Metabolism in Dairy Cattle with iTRAQ. In: *Proteomics* 19 (12), e1800387. DOI: 10.1002/pmic.201800387.

- Yang, L.; Yao, X.; Li, S.; Chen., K.; Wang, Y.; Chen, L.; Zhang, L. (2016): Expression of genes associated with luteolysis in peripheral blood mononuclear cells during early pregnancy in cattle. In: *Molecular reproduction and development* 83 (6), S. 509–515. DOI: 10.1002/mrd.22647.
- Yazdi, M. H.; Visscher, P. M.; Ducrocq, V.; Thompson, R. (2002): Heritability, Reliability of Genetic Evaluations and Response to Selection in Proportional Hazard Models. In: *Journal of dairy science* 85 (6), S. 1563–1577. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(02)74226-4.
- Yin, T.; Bapst, B.; Borstel, U. U. v.; Simianer, H.; König, S. (2012): Genetic parameters for gaussian and categorical traits in organic and low input dairy cattle herds based on random regression methodology. In: *Livestock Science* 147 (1-3), S. 159–169. DOI: 10.1016/j.livsci.2012.04.017.
- Yodklaew, P.; Koonawootrittriron, S.; Elzo, M. A.; Suwanasopee, T.; Laodim, T. (2017): Genome-wide association study for lactation characteristics, milk yield and age at first calving in a Thai multibreed dairy cattle population. In: *Agriculture and Natural Resources* 51 (3), S. 223–230. DOI: 10.1016/j.anres.2017.04.002.
- Yoshida, S.; Higuchi, M.; Shoji, T.; Yoshita, M.; Ishioka, K.; Takahashi, M. et al. (2008): Knockdown of synapse-associated protein Dlg1 reduces syncytium formation induced by human T-cell leukemia virus type 1. In: *Virus genes* 37 (1), S. 9–15. DOI: 10.1007/s11262-008-0234-0.
- Yu, K.-L.; Zhang, X.-L.; Tan, X.-M.; Ji, M.-M.; Chen, Y.; Liu, M.-M.; Yu, Z.-L. (2019): Distinctive genes involved in steroidogenesis associated with follicular abnormal development in polycystic ovary syndrome model. In: *Reproductive and Developmental Medicine* 3 (3), S. 141. DOI: 10.4103/2096-2924.268157.
- Zavadilová, L.; Nemcova, E.; Stipkova, M. (2011): Effect of type traits on functional longevity of Czech Holstein cows estimated from a Cox proportional hazards model. In: *Journal of dairy science* 94, S. 4090-4099.
- Zavadilová, L.; Zink, V. (2013): Genetic relationship of functional longevity with female fertility and milk production traits in Czech Holsteins. In: *Czechian Journal of Animal Science* 58(12), S. 554-565.
- Zhou, B.; Zhu, W.; Jiang, X.; Ren, C. (2019): RASAL2 Plays Inconsistent Roles in Different Cancers. In: *Frontiers in oncology* 9, S. 1235. DOI: 10.3389/fonc.2019.01235.

Zwald, N. R.; Weigel, K. A.; Chang, Y. M.; Welper, R. D.; Clay, J. S. (2004a): Genetic Selection for Health Traits Using Producer-Recorded Data. I. Incidence Rates, Heritability Estimates, and Sire Breeding Values. In: *Journal of dairy science* 87 (12), S. 4287–4294. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(04)73573-0.

Zwald, N. R.; Weigel, K. A.; Chang, Y. M.; Welper, R. D.; Clay, J. S. (2004b): Genetic Selection for Health Traits Using Producer-Recorded Data. II. Genetic Correlations, Disease Probabilities, and Relationships with Existing Traits. In: *Journal of dairy science* 87 (12), S. 4295–4302. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(04)73574-2.

## Übersicht über erfolgte oder geplante Veröffentlichungen

### Wissenschaftliche Publikationen

Shabalina, T., Yin, T., König, S. (2020): Influence of common health disorders on the length of productive life and stayability in German Holstein cows. In: *Journal of Dairy Science* 103 (1), S. 583–596. DOI: 10.3168/jds.2019-16985.

Shabalina, T., Yin, T., König, S. (2020): Survival analyses in Holstein cows considering direct disease diagnoses and specific SNP marker effects. In: *Journal of Dairy Science* (angenommen).

### Beiträge auf wissenschaftlichen Tagungen

#### Internationale Tagungen

Shabalina, T., Yin, T., König, S. (2018): Survival analysis for health traits in German Holstein dairy cows. 69<sup>th</sup> Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, 27. - 31. August 2018, Dubrovnik, Kroatien.

Rolfes, A., Swalve, H. H. (2019): Health traits and lactation survival in relation to conformation traits in German Holstein Cows. 70<sup>th</sup> Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, 26.-30. August 2019, Ghent, Belgium.

#### Nationale Tagungen

Shabalina, T., Yin, T., König, S. (2017): Einfluss der Tiergesundheit auf Merkmale der Langlebigkeit von Kühen der Rasse Holstein-Friesian. Jahrestagung/Vortragstagung der DGfZ und GfT, 20. - 21. September 2017, Stuttgart.

Rolfes, A., Swalve, H. H. (2017): Zusammenhänge zwischen Exterieur und Nutzungsdauer beim Holsteinrind. Jahrestagung/Vortragstagung der DGfZ und GfT, 20. - 21. September 2017, Stuttgart.

Shabalina, T., Yin, T., König, S. (2018): Lebensdaueranalysen für Deutsche Holsteinkühe unter Berücksichtigung von Gesundheitsmerkmalen. Jahrestagung/Vortragstagung der DGfZ und GfT, 12. - 13. September 2018, Bonn.

Rolfes, A., Swalve, H. H. (2018): Untersuchungen zum genetischen Hintergrund von Produktions- und Gesundheitsmerkmalen bei Milchkühen in konventionell sowie ökologisch wirtschaftenden Betrieben. Jahrestagung/Vortragstagung der DGfZ und GfT, 12. - 13. September 2018, Bonn.

Shabalina, T., Yin, T., May, K., König, S. (2019): Genomische Charakteristika für Produktionsmerkmale und Langlebigkeit von Holstein Friesian Kühen unter Berücksichtigung ökologischer und konventioneller Haltungsumwelten. Jahrestagung/Vortragstagung der DGfZ und GfT, 11. - 12. September 2019, Gießen.

Rolfes, A., Swalve, H. H. (2019): Gesundheitsmerkmale bei Milchkühen unter ökologischen Haltungsbedingungen. Jahrestagung/Vortragstagung der DGfZ und GfT, 11. - 12. September 2019, Gießen.

Rolfes, A., Shabalina, T., Swalve, H. H. (2019): Tiergesundheit in ökologisch bewirtschafteten Milchviehherden - Projekt LongLife. Nachwuchstagung des Bundesverband Rind und Schwein e. V., 13. und 14. Nov. 2019, Kassel.

### **Weitere geplante Veröffentlichungen**

Es ist bei beiden Projektpartnern je eine Dissertation geplant.

**Anhang**

1. Fragebogen

## Fragebogen Betriebe LongLife

### 1. Angaben zum Betrieb

Name \_\_\_\_\_

Straße \_\_\_\_\_

PLZ \_\_\_\_\_

Ort \_\_\_\_\_

Telefon \_\_\_\_\_

E-Mail \_\_\_\_\_

Zuchtverband \_\_\_\_\_

Anzahl Kühe \_\_\_\_\_

### 2. Angaben zur Aufstallung

#### 2.1 Rinderaufzucht

Anbindehaltung	Tieflaufstall	Fressliegeboxen	Liegeboxen	Sonstiges
1	2	3	4	5

#### 2.2 Melkende Kühe

Anbindehaltung	Tieflaufstall	Fressliegeboxen	Liegeboxen	Sonstiges
1	2	3	4	5

#### 2.2.1 Einstreu der Liegeflächen bei melkenden Kühen

Keine	Nur Gummimatte	Nur Komfortmatte	Stroh	Sand
1	2	3	4	5
Rapsstroh	Kalk-Strohgemisch	Späne/ Sägemehl	Gärrest(gemisch) o. separierte Gülle	Sonstiges
6	7	8	9	10

#### 2.3 Art der Liegeboxen bei Liegeboxenlaufstall

		Melkende Kühe		Rinderaufzucht
Hochbox	1		4	
Tiefbox	2		5	
„Hochtiefbox“	3		6	

2.4 Gestaltung der Fressgänge/Laufgänge bei Laufstallhaltung (melkende Kühe)

Plan Schleppschieber	Plan Mobile Entmistung	Spaltenboden	Sonstiges
1	2	3	4

2.5 Oberfläche der Fressgänge/Laufgänge bei Laufstallhaltung (melkende Kühe)

Beton	Beton profiliert	Asphalt	Gummi	Sonstiges
1	2	3	4	5

2.6 Gestaltung Fressgitter bei Laufstallhaltung

Nackenriegel	Fang-Freßgitter	Sonstiges
1	2	3

2.7 Auslauf bzw. Weidehaltung

2.7.1 Rinderaufzucht

Kein Auslauf	Laufhof/Paddock	Weide im Sommer
1	2	3

2.7.2 Melkende Kühe (Mehrfach-Nennungen möglich)

Laufhof/Paddock Ganzjährig	Laufhof/Paddock im Winter	stundenweise Weide im Sommer	Halbtägig Weide im Sommer	Tag und Nacht Weide im Sommer	ganzjährige Weidehaltung
1	2	3	4	5	6

**3. Angaben zum Melken**

Rohrmelkanlage Anbindestall	Melkstand Fischgräte	Melkstand Tandem	Melkstand Side-by-Side	Karussell Innenmelker
1	2	3	4	5
Karussell Aussenmelker	Roboter	Melkstand Sonstiges		
6	7	8		

**4. Angaben zum Klauenschnitt**

4.1 Wird ein Herdenschnitt /Routineschnitt bei Kühen durchgeführt?

Ja	1	
Nein	2	

4.2 Erfolgt ein Herdenschnitt/Routineschnitt bei Jungrindern (nicht abgekalbt)

Ja	1	
Nein	2	



4.3 Wird bei melkenden Kühen ein Klauenbad eingesetzt?

Ja	1	
Nein	2	

4.4 Wer führt den Klauenschnitt durch?

		Betriebsleiter/ Mitarbeiter		Klauenpfleger		Tierarzt
Routineschnitt	1		5		9	
Lahmheiten	2		6		10	
Notfälle	3		7		11	
Nachbehandlung	4		8		12	

4.5 Werden beim Klauenschnitt Befunde zu Erkrankungen dokumentiert?

Ja, Papierlisten	1	
Ja, per Touchpad, Keine Einpflege in Herdenmanagementprogramm	2	
Ja, per Touchpad, Einpflege in Herdenmanagementprogramm	3	
Nein	4	

**5. Angaben zu Maßnahmen zur Eutergesundheit**

5.1 Erfolgen routinemäßige bakteriologische Untersuchungen?

Ja	1	
Nein	2	

5.2 Erfolgen bei manchen Tieren bakteriologische Untersuchungen?

(Mehrfach-Nennungen möglich)

Nein	1	
Ja, bei Mastitis	2	
Ja, bei hohen Zellzahlen	3	
Ja, bei positivem Schalmtest	4	
Ja, als Nachuntersuchung	5	
Ja, aus anderen Gründen	6	
Ja, zum Trockenstellen	7	

5.3 Hygienemaßnahmen beim Melken

(Mehrfach-Nennungen möglich)

Handschuhe	1	
Vorreinigung	2	
Zwischendesinfektion	3	
Zitzendip/Spray	4	
Sonstiges	5	

**6. Angaben zur Besamung**

6.1 Wird eine Sterilitäts- bzw. Zykluskontrolle durchgeführt?

Ja, alle Tiere	1	
Ja, teilweise	2	
Nein	3	

6.2 Wird eine Trächtigkeitskontrolle durchgeführt?

Ja, alle Tiere	1	
Ja, teilweise	2	
Nein	3	

6.3 Wird hormonelle Brunstinduktion durchgeführt?

Ja, bei Problemtieren	1	
Nein	2	

6.4 Werden Hilfsmittel zur Brunsterkennung eingesetzt?

Ja, Pedometer	1	
Ja, Accelerometer / Heatime (Halsbänder)	2	
Ja, Farbkissen	3	
Ja, Deckbulle	4	
Nein	5	

6.5 Wie erfolgt die Besamung?

		Melkende Kühe		Jungrinder
Deckbulle/Natursprung	1		4	
Künstliche Besamung (KB)	2		5	
KB und Deckbulle bei Problemtieren	3		6	

**7. Angaben zur Fütterung**

7.1 Futtervorlage allgemein

Einzelkomponenten, mobile Technik oder Hand	1	
TMR Futtermischwagen	2	
TMR Futterband	3	

7.2 Zusätzliche Kraftfuttergabe über Transponder

Keine	1	
An Abrufstation	2	
Im Melkstand	3	

7.3 Angaben zur Ration

7.3.1 Art des Grundfutters

Grassilagebetont	1	
Maissilagebetont	2	
Ausgeglichen (Gras : Mais)	3	
Heubetont	4	

7.3.2 Frischgrasfütterung in der Vegetationszeit

über Weide	1	
im Stall	2	
keine	3	

7.3.3 Anteil Kraftfutter in der Ration (auf Basis TM)

≤ 10 %	1	
11 - 20 %	2	
≥ 21 %	3	

#### 7.4 Angaben zur Kälberfütterung

##### 7.4.1 Art der Kälbertränke

Vollmilch unbehandelt	1	
Vollmilch pasteurisiert	2	
Ammenkuh	3	
Andere	4	

##### 7.4.2 Art der Verabreichung (wenn nicht über Ammenkuh)

Warm	1	
Kalt	2	
Angesäuert	3	

##### 7.4.3 Art der Mengensteuerung

Rationiert	1	
Ad-libitum	2	

### **8. Umgang mit Horn-tragenden Tieren**

#### 8.1 Behornung im Stall

Ja, bei (fast) allen Kühen	1	
Nein, bei (fast) keiner Kuh	2	
beides vorhanden	3	

#### 8.2 Umgang mit Behornung

Hörner werden nicht entfernt	1	
Enthornung aller Kälber mit Hornansatz	2	
Abnahme der Hörner nur bei Problemtieren	3	

#### 8.3 Einsatz von Hornlos-Genetik

Ja	1	
Nein	2	

### **9. Allgemeine Angaben**

#### 9.1 Wirtschaftsweise

Ökologischer Landbau nach EU-Recht	1	
Naturland	2	
Bioland	3	
Demeter	4	
sonstige	5	

#### 9.2 Futtergrundlage

##### 9.2.1 Grundfutter

Eigene Grundfutterproduktion	1	
teilweise Zukauf Grundfutter	2	

##### 9.2.2 Kraftfutter

Eigene Kraftfutterproduktion	1	
(teilweise) Zukauf Kraftfutter	2	
kein Kraftfuttoreinsatz	3	

9.3 Aufzucht

Eigene Aufzucht	1	
Aufzucht teils ausgelagert	2	
Aufzucht vollständig ausgelagert	3	

9.4 Tierärztliche Betreuung

Stammtierarzt auf Abruf	1	
Stammtierarzt mit Betreuungsvertrag	2	
Wechselnde Tierärzte	3	
Eigener Tierarzt	4	

9.5 Therapieansatz bei Erkrankungen

		Euter- erkrankungen		Stoffwechsel- erkrankungen		Atemwegs- erkrankungen
überwiegend homöopathisch	1		4		7	
überwiegend pflanzlich	2		5		8	
überwiegend konventionell	3		6		9	

9.6 Alter des Kuhstalles (bei mehreren Ställen des Stalles mit den meisten Kuhplätzen)

< 5 Jahre	1	
6 – 10 Jahre	2	
11 – 15 Jahre	3	
16 – 20 Jahre	4	
21 – 30 Jahre	5	
> 30 Jahre	6	

9.7 Verwendung von Software zum Herdenmanagement

Keine	1	
Netrind (vit)	2	
Herde (dsp Agrosoft)	3	
Dairyplan C 21 (GEA)	4	
Superkuh (AGROCOM)	5	
Fullexpert (Lemmer Fullwood)	6	
ALPRO (DeLaval)	7	
DelPro (DeLaval)	8	
Beo Professional (BOTECH)	9	
LS Milchkuh (Stefan Landauer)	10	
Holdi (Software Bernhard Reißler)	11	
MultiRind (HELM Software)	12	
Milky-Hit (Boerdesoft)	13	
RDV4M (Rinder-Daten-Verbund)	14	
RDV4T (Rinder-Daten-Verbund)	15	
T4C (Lely)	16	
HerdMetrix/SmartDairy (Boumatic)	17	
Sonstige Software	18	