

Abschlussbericht

Zuwendungsempfänger:

Justus-Liebig-Universität Gießen (Förderkennzeichen: 2816BM010)

Universität Kassel (Förderkennzeichen: 2816BM011)

Thema: „Entwicklung einer Zuchtwertschätzung und von Fütterungsstrategien zur Verbesserung der Fleischqualität beim Roten Höhenvieh“

Laufzeit: 36 Monate

Berichtszeitraum: 01.04.2018 – 31.03.2021

Projektkoordination:

Justus-Liebig-Universität Gießen, Institut für Tierzucht und Haustiergenetik, Professur für Tierzüchtung, Prof. Dr. Sven König, Ludwigstraße 21B, 35390 Gießen

Verbundpartner:

Universität Kassel, Fachgebiet Tierernährung und Tiergesundheit, Prof. Dr. Albert Sundrum, Nordbahnhofstraße 1a, 37213 Witzenhausen

1. Ziele und Aufgabenstellung des Vorhabens

Durch ein sich in der Gesellschaft änderndes Bewusstsein in Hinblick auf Tierhaltung und Konsum tierischer Lebensmittel ist eine zukünftig höhere Bereitschaft erwartbar, Produktqualität höher zu honorieren. Dementsprechend rücken Merkmale der Fleischqualität in der Zucht vermehrt in den Fokus. Insbesondere für Rassen mit kleiner Populationsgröße, zu denen auch das Rote Höhenvieh (RHV) gehört, sind Merkmale, denen züchterisch in der Vergangenheit wenig Bedeutung zugesprochen wurde, von Interesse, da diese Rassen in den Merkmalen der routinemäßigen Leistungsprüfung nicht mit großen Rasseblöcken konkurrieren können. Ausgehend von der Grundlage der extensiven Weidehaltung mit der Zielsetzung der Weidemast auf teilweise benachteiligten Standorten, sollte überprüft werden, ob sich dieses Produktionsverfahren auf die Fleischqualität der Rasse auswirkt und eine genetische Merkmalsvariation innerhalb der Rasse besteht. Eine phänotypisch verbesserte Fleischqualität und weiterführend diesbezügliche genetische Differenzierungen können weiterführend zum Rasseerhalt beitragen. Die Arbeitshypothese bestand darin, dass bezüglich einer extensiven Weidemast von Bullen, Ochsen und Färsen deutliche Unterschiede innerhalb der Rasse RHV für Merkmale der Fleischqualität bestehen, dass aber aufgrund von unterschiedlichen, insbesondere durch Klimaeinflüsse bedingten Einflüssen auf die Futtergrundlage und diesbezüglich variierenden Fütterungsstrategien relevante Genotyp-Umwelt (Fütterungsinteraktionen) auftreten. Die Aufgabenstellung des Projektes lautete daher, ein züchterisches Konzept für Merkmale der Fleischqualität, mit Einzelzuchtwerten für Fleischqualitätsmerkmale als auch Gesamtzuchtwerten oder Selektionsindizes, bei der bedrohten Rasse „Rotes Höhenvieh“ zu entwickeln. Im Nachhinein sollte es möglich sein, die optimale Genetik auf Basis von Zuchtwertwerten für weibliche aber insbesondere für männliche Zuchttiere, zu identifizieren. Dazu musste eine Zuchtwertschätzung unter Berücksichtigung aller, mit der Fleischqualität korrelierten Merkmale, entwickelt und implementiert werden. Die detaillierte diesbezügliche Berücksichtigung von sogenannten Umwelteffekten war eine weitere Innovation im Rahmen des durchgeführten Forschungsvorhabens. Somit kann zukünftig in einer ausgewogenen Zuchtarbeit unter Berücksichtigung von funktionalen Merkmalen, Produktionsmerkmalen und Umwelteinflüssen ein nachhaltiger Beitrag zur Verbesserung der Fleischqualität bei RHV realisiert werden. Die im Verlauf des Projektes zu erreichenden Arbeitsziele waren:

- a) Die Entwicklung einer Zuchtwertschätzung für Fleischqualitätsmerkmale und Berücksichtigung der übrigen Produktionsmerkmale (Zunahmen, Gewichte) und von funktionalen Merkmalen (weibliche Fruchtbarkeit).
- b) Die Entwicklung von Gesamtzuchtwerten und Selektionsindizes unter Berücksichtigung der Fleischqualität.
- c) Die Entwicklung eines Zuchtwertschätzverfahrens, das anstelle des allgemeinen Betriebseffekts stattdessen detaillierte Informationen zu den Umwelteffekten in den Mischmodellgleichungen berücksichtigt.
- d) Die Untersuchung der Auswirkungen von heterogenen Umwelteinflüssen, Futtergrundlagen und Fütterungsstrategien auf die Merkmale der Produktivität und der Fleischqualität.
- e) Die Untersuchung auf Genotyp-Umweltinteraktionen unter Berücksichtigung der relevanten Einflussfaktoren im Produktionssystem der Weidemast.

- f) Die Erfassung der Variation der Leistungs- und Schlachtkörpermerkmale in der RHV-Population und die Auslotung des Potentials zur Verbesserung der Fleischqualität und der damit einhergehenden Vermarktungsfähigkeit.
- g) Die Entwicklung einer automatisierten Anwendung zur Durchführung der Zuchtwertschätzung im Routinebetrieb (mögliche Anwendung nach Projektende).

Eine erfolgreiche Umsetzung des Projektes implizierte die umfangreiche Phänotypisierung von Fleischqualitätsmerkmalen, eine detaillierte Charakterisierung der teilnehmenden Betriebe und darauf basierend eine methodische Weiterentwicklung der Zuchtwertschätzung bei RHV als wesentliches Modellvorhaben.

1.1 Planung und Ablauf des Vorhabens

Da die wissenschaftliche Mitarbeiterin Frau Halli an der Universität Gießen erst zum 01.04.2018 im Rahmen des Projektes eingestellt werden konnte, verzögerte sich der für den 01.01.2018 geplante Projektstart um drei Monate. Auch Frau Schulz wurde zum 01.04.2018 an der Universität Kassel angestellt. Aufgrund der dreimonatigen Verzögerung wurde das Projekt um denselben Zeitraum verlängert und endete somit am 31.03.2021. Das Projektvorhaben beinhaltete 9 Arbeitspakete, die in ihrer Planung und ihrer Umsetzung bzw. ihrem Ablauf nachfolgend beschrieben werden.

Laut Arbeitspaket 1 (AP1) sollten in gemeinsamer Zusammenarbeit der beiden Projektpartner RHV-Betriebe akquiriert werden, die sich dazu bereit erklärten, kontinuierlich über den Zeitraum der ersten beiden Projektjahre hinweg, Fleischproben der geschlachteten Tiere zur Verfügung zu stellen. Ziel war die Phänotypisierung und Analyse der Fleischproben von ca. 850 Tieren der Kategorien Färse, Jungbulle und Ochse aus Weideproduktionssystemen. Zunächst wurde eine Vorauswahl der Betriebe anhand ihrer Größe und in Hinblick auf ihre Erreichbarkeit getroffen und sie wurden telefonisch kontaktiert. Weiterhin wurde das Projekt von den wissenschaftlichen Mitarbeiterinnen Lisa Schulz (Universität Kassel-Witzenhausen) und Kathrin Halli (Justus-Liebig-Universität Gießen) thematisch auf dem Züchtertreffen der Bundesarbeitsgemeinschaft Rotes Höhenvieh (BAG-RHV) am 24. und 25.08.2018 in Ostercappeln-Venne vorgestellt, um weitere Betriebe für das Projekt gewinnen zu können. Darüber hinaus wurden über den Verteiler der Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen (GEH) RHV-Betriebe per Mail kontaktiert und über das Projekt informiert bzw. zur Teilnahme aufgefordert. Aufgrund der Tatsache, dass ein großer Teil der Betriebe im ersten Projektjahr nicht die anvisierte Anzahl an Proben lieferte, wurde der Zeitraum der Probensammlung ausgedehnt. Außerdem wurden im zweiten Projektjahr drei weitere RHV-Betriebe in das Projekt aufgenommen. Weiterhin wurden nach Absprache weitere extensive Rassen mit ähnlicher Produktionsrichtung (Angus, Gelbvieh und Glanrind) sowie RHV-Kreuzungstiere in die Untersuchungen miteinbezogen. Diese Einbeziehung war möglich, da durch Eigenanteile von TierZucht-GI Genotypisierungen für engmaschige SNP-Marker finanziert werden konnten, um auf dieser Basis genomische Verwandtschaften für die zu entwickelnde Zuchtwertschätzung zu berechnen. Die hier aufgeführten Änderungen und Ergänzungen wurden mit Dr. Hamm von der BLE abgestimmt und in den Zwischenberichten entsprechend kommuniziert.

Die für die Zuchtwertschätzung notwendige Anzahl an Fleischproben konnte mit viel Aufwand realisiert werden. Dennoch war es eine wirkliche Herausforderung im Projekt mit vielen partizipierenden Praxisbetrieben, die entsprechende Infrastruktur und Logistik zu implementieren. Darauf soll im Folgenden konkret eingegangen werden, denn die Gründe dafür, dass es Probleme bei der Fleischprobenlieferung gab, waren vielfältig. Zum einen ergab sich das Problem, dass die vorgegebene Schnittführung aufgrund bestehender Verträge von drei Züchtern mit dem Lebensmitteleinzelhandel (LEH) nicht eingehalten werden konnte. Es war jedoch eine einheitliche Schnittführung erforderlich, um die Analysewerte miteinander vergleichen zu können. Zwei der Züchter mit großen Bestandszahlen wirkten trotz anfänglicher Zusagen nicht verlässlich im Projekt mit. Nach Rücksprache mit den Vorsitzenden der BAG-RHV und weiteren Bemühungen der Projektpartner konnten die Betriebsleiter schließlich doch noch zur Teilnahme am Projekt überzeugt werden. Als zusätzlich problematisch ergab sich, dass die Schlachtungen meist nicht kontinuierlich erfolgten, sondern sich nach saisonalen Faktoren richteten und viele der Betriebe schlachteten schlicht weniger Tiere als angegeben.

Die ausgeprägte Trockenheit im Sommer und Herbst 2018 und die daraus resultierende schlechte Futtergrundlage veranlasste einige Betriebsleiter dazu, Schlachtungen auszulassen.

Alle teilnehmenden Betriebe wurden zu Beginn der Projektteilnahme besucht, um die Logistik der Fleischprobennahme und der Weiterleitung ins Labor zwecks Analyse zu koordinieren. Der Zeitraum der Fleischprobensammlung erstreckte sich von Projektbeginn bis Ende Januar 2021.

In AP1 stellte sich weiterhin für TierEG-KS die Aufgabe mit der Analyse der Fleischproben (Phänotypisierung) auf intramuskulären Fettgehalt, Grad der sichtbaren Marmorierung, Fleisch- und Fettfarbe sowie Scherkraft zu beginnen. Gegenüber der ursprünglichen Planung konnte aus methodischen Gründen die Analyse der Fleisch- und Fettfarbe der Proben nicht erfolgen. Da die Betriebe die Probennahme in den Betriebsablauf integrieren mussten, wurde das Fleisch nicht einheitlich gewonnen und aufgrund der sehr heterogenen Logistik nicht gemäß den Vorgaben behandelt. Die unterschiedliche Reifezeit sowie die verschiedenen Lagerungsbedingungen (z.B. Schockfrieren, langsames Einfrieren) haben verschiedene Auswirkungen auf die Fleisch- und Fettfarbe, sodass die methodischen Voraussetzungen für eine vergleichende Analytik nicht hinreichend gegeben waren. Zusätzlich fiel es einigen Züchtern und Tierhaltern schwer, die Fleischproben in der für die Analyse der Scherkraft erforderliche Dicke zu schneiden. Zum Teil waren die Teilstücke zu dünn, um eine einheitliche Scherkrafterfassung durchzuführen. Aufgrund dieser Problematik, aber der laut Literatur sehr hohen Korrelation des intramuskulären Fettgehalts (**IMF**) zu anderen Fleischqualitätsparametern, wurde im Projekt auf eine umfassende und detaillierte Bestimmung des IMF im Labor von TierEG-KS fokussiert.

In Arbeitspaket 2 (**AP2**) sollte die Produktionsumwelt der teilnehmenden Betriebe charakterisiert werden. Dazu wurde jeder Betrieb in gemeinsamer Durchführung der Projektpartner bei dem ersten Betriebsbesuch mit Hilfe eines gemeinsam erstellten Fragebogens (siehe **Anhang 1**) hinsichtlich ihrer Haltungsumwelt, der Nutzungsrichtung und Managementmaßnahmen charakterisiert.

Die im Antrag definierte Modellentwicklung der Zuchtwertschätzung impliziert die Berücksichtigung der identifizierten entscheidenden Umwelteffekte auf den Betrieben. Anhand aktueller Literatur und nach direktem Austausch mit den Betriebsleitern konnte das Klima, insbesondere Hitzestress, als wesentliche Kenngröße mit Einfluss auf die Leistung, die



Abbildung 1: Datenlogger zur Klimaaufzeichnung (www.gemindataloggers.com)

Fleischqualität und auf die Fruchtbarkeit von RHV-Tieren identifiziert werden. Die sehr heißen und trockenen Jahre innerhalb der Projektlaufzeit mit gravierenden Auswirkungen auf die Futtergrundlage verschärfen die Situation bzw. bestärken die Meinung der Betriebsleiter. Bisherige Studien stellen dabei häufig den Zeitpunkt der Spätträchtigkeit in den Fokus der Untersuchungen, wobei sowohl negative Auswirkungen von Hitzestress auf das Muttertier selbst, als auch beeinträchtigte Leistungen beim Kalb, nachgewiesen werden konnten. Diese Studien machen die Wichtigkeit der Charakterisierung der klimatischen Produktionsumwelt bei der Auswertung von Leistungs- und Fruchtbarkeitsmerkmalen deutlich und stellen somit auch für die Zuchtwertschätzung einen wichtigen Faktor dar, der unbedingt berücksichtigt werden sollte. Zur detaillierten Aufzeichnung von Klimadaten auf ausgewählten Betrieben

wurden zusätzlich aus Eigenmitteln von TierZucht-GI 6 Datenlogger (Tinytag Plus 2 TGP-4500, Gemini Data Loggers) finanziert (**Abb. 1**). Diese Datenlogger zeichneten stündlich Temperatur (°C) und Luftfeuchte (%) auf und wurden in regelmäßigen Abständen zur Auslesung der gespeicherten Daten ausgetauscht. Die Klimadaten wurden zur anschließenden Berechnung des Temperature-Humidity Index (**THI**) benötigt.

TierEG-KS sollte in AP2 die Produktionsumwelt der teilnehmenden Betriebe hinsichtlich ihrer Fütterungsstrategien, der Nährstoffgehalte des Grünaufwuchses und der Futterrationen charakterisieren. Hierzu sollten 3 Proben von Grünlandaufwüchsen pro Jahr von den Schlägen genommen und im Labor des Fachgebietes TierEG-KS mittels NIRS-Verfahren analysiert werden. Ziel war es das Futterpotenzial einschätzen zu können und daraus potenzielle Einflussmöglichkeiten über die Fütterung auf die Fleischqualitätsmerkmale zu gewinnen. Die Betriebsbesuche offenbarten jedoch, dass das RHV aus Gründen der Landschaftspflege und des Naturschutzes fast ausschließlich sehr extensiv gehalten wird. Eine gezielte Fütterung bzw. Kraftfuttergabe oder Endmast zur Beeinflussung der Fleischqualität erfolgt nur selten, weshalb nur eine sehr geringe Anzahl an Proben aus Betrieben mit gezielter Fütterung zur Verfügung stand. Die ursprünglich geplante Formulierung von Fütterungsstrategien zur Optimierung der Fleischqualitätsmerkmale war dadurch nicht möglich.

Auch konnte das Grünland in seiner Diversität und in seinem Aufwuchs nicht erfasst werden. Spezifische Standortbedingungen (geologisch und klimatisch), sowie Pflegemaßnahmen etc. waren zu variabel, um vergleichende Aussagen treffen zu können. Darüber hinaus wurden die Tiere auf den Betrieben in verschiedene Untergruppen aufgeteilt, die unterschiedliche Flächen beweideten, ohne dass eine Zuordnung der Tiere zu den Flächen und zur Weidezeit nachvollzogen werden konnte. Nach Absprache von TierEG-KS mit dem Fachgebiet Grünland und Futterbau / Ökologischer Landbau (Professor Taube, Uni Kiel) wurde zunächst eine Modellierung von Grünlandflächen im Harz in 2019 angestrebt, um deskriptive Aussagen über die spezifische Futterressource „extensive Glat- und Goldhaferwiese im Harz“ treffen zu können. Über das bereits etablierte Modell FOPROQ, das als Ausgangsbasis für eine Modellierung genutzt werden sollte, können anhand tatsächlicher Nährstoffanalysen von Grünlanderhebungen und entsprechenden Klimaaufzeichnungen quantitative Aussagen über den Aufwuchs und die weitere Entwicklung der Erträge bei verschiedenen Managementmaßnahmen getroffen werden. Die Flächen im Harz wurden bisher nicht hinsichtlich ihres Nährstoffgehaltes und ihres Ertragspotenzials erfasst, sodass diese Grünlanderhebung zunächst auch aus wissenschaftlicher Perspektive sehr sinnvoll erschien. Allerdings müssen für die Parametrisierung des Modells Referenzwerte für die verschiedenen Grünlandssysteme vorliegen. Diese sollten zumindest in vergleichbaren Regionen oder auf vergleichbaren Flächen mit ähnlichem Management erhoben worden sein. Eine intensive Recherche ergab jedoch, dass bisher kaum verwertbare Referenzwerte über vergleichbare Flächen vorliegen, die für eine entsprechende Modellierung erforderlich sind. Erhebungen auf Gold- und Glatthaferwiesen fokussieren bislang hauptsächlich auf Aspekte der Biodiversität und nicht auf Aufwuchs- und Ertragspotenziale. Bei „extensiven Grünlandssystemen“ wurden bislang nur sehr wenige Untersuchungen zu den quantitativen und qualitativen Erträgen der Aufwüchse durchgeführt. Die wenigen Referenzwerte, die existieren, sind mit den spezifischen Standortbedingungen (Höhe, klimatische Einflüsse, extensives Management) des Harzes kaum vergleichbar und liegen nicht in der benötigten zeitlichen Auflösung vor, um eine vollständige Vegetationskurve abzubilden, und die Daten im Zusammenhang mit dem bereits vorhandenen Modell zu nutzen. Außerdem wären auch bei einer sehr intensiven Beprobung aufgrund der häufigen Standortwechsel der Herden keine realistischen Annäherungen über die tatsächliche

Fütterung des Roten Höhenviehs erwartbar, weshalb auch keine belastbaren Bezüge zur Fleischqualität hergestellt werden könnten. Auf diese Problematik wurde in den Zwischenberichten hingewiesen und somit der Fokus auf die klimatischen Bedingungen vor Ort zur Beschreibung der Produktionsumwelt gerichtet.

In Arbeitspaket 3 (**AP3**) sollten von TierZucht-GI genetische Parameter und Zuchtwerte für die Merkmale der routinemäßigen Leistungsprüfung auf Basis weiterentwickelter genetisch-statistischer Modelle geschätzt werden. Dazu wurden von TierZucht-GI zu Projektbeginn Merkmalsdaten der routinemäßigen Leistungsprüfung beim VIT (Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.) angefordert und aufbereitet. Diese Daten (Geburtsgewichte, 200 Tage- und 365 Tage Gewichte, Kalbungen, Totgeburten, Abstammung) wurden in den beiden darauffolgenden Projektjahren erneut angefordert und der Datensatz somit um Daten neu hinzugekommener Tiere ergänzt. Die Berechnung bzw. Aktualisierung der statistischen Modelle erfolgte kontinuierlich. Als wesentliche Neuerung für das Modell einer nationalen Zuchtwertschätzung wurden erstmals zur Modellierung der Abstammungsverwandtschaften Pedigree- und genomische Markerdaten miteinander kombiniert.

In Arbeitspaket 4 (**AP4**) sollte TierZucht-GI unter Berücksichtigung der als wesentlich identifizierten Umwelt- und Fütterungseffekte genetische (Ko)Varianzkomponenten für die neuen Merkmale der Fleischqualität schätzen. Diese genetischen Parameter waren Grundlage für eine genaue Zuchtwertschätzung. Ursprünglich war die Analyse von ca. 850 Proben des Roten Höhenviehs geplant. Dieser Stichprobenumfang wäre bei weniger tiefen Abstammungen für die Zuchtwertschätzung auf Fleischqualitätsmerkmale notwendig gewesen. Innerhalb des ersten Projektjahres stellte sich jedoch heraus, dass die Anzahl Proben über den Projektzeitraum von 3 Jahren nicht erreicht werden kann. Aufgrund der bereits beschriebenen Problematik bei der Probensammlung deutete sich außerdem an, dass es schwierig werden würde, nur auf Basis von RHV-Tieren eine ausreichende Zahl an Fleischproben für eine verlässliche Zuchtwertschätzung zu erhalten. Aus diesem Grund wurde die zusätzliche Analyse von Fleischproben anderer extensiv gehaltener Fleischrinderrassen wie Angus, Glanrind und Gelbvieh sowie von RHV-Kreuzungstieren einbezogen. Außerdem wurde ein Teil der Projektgelder umgewidmet und zusätzlich Haushaltsgelder von TierZucht-GI verwendet, um insgesamt 384 Tiere mit dem Illumina BovineHD BeadChip genotypisieren zu lassen. Unter Berücksichtigung dieser zusätzlichen genomischen Information wurde mit 500 notwendigen Tieren für die Zuchtwertschätzung auf Fleischqualitätsmerkmale mit dem Zielmerkmal IMF kalkuliert. Mit einer Gesamtzahl von 539 Proben wurde dieses Ziel erreicht und sogar übertroffen.

Zusätzlich sollten in AP4 molekulargenetische Analysen durchgeführt werden, um auch direkte Geneffekte in der Zuchtwertschätzung zu berücksichtigen und somit die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung zu erhöhen. Die molekulargenetischen Analysen wurden im Labor von TierZucht-GI durchgeführt und umfassten die DNA-Extraktion aus den in AP1 gewonnenen Fleischproben sowie die Bestimmung von 5 Genen, die bekannt dafür sind, dass sie mit Fleischqualitätsparametern in Verbindung stehen. Diese 5 Gene sind: Diacylglycerol-O-Acyltransferase 1 (*DGATI*, Einfluss auf den IMF (Thaller et al.; 2003; Avilés et al.; 2013)), Calcium activated neutral protease 1 (*CAPNI*, Einfluss auf die Zartheit (Page et al., 2004)), Thyroglobulin Gen (*TG*, Einfluss auf die Fleischmarmorierung (Anton et al., 2013; Thaller et al., 2003)), Adipose fatty acid binding protein (*FABPI*, Einfluss auf den IMF (Avilés et al., 2013; Michal et al., 2006)) und Receptor-related orphan receptor C (*RORC*, Einfluss auf den

IMF (Avilés et al., 2013; Barendse et al., 2010)). Die ursprünglich geplante Anzahl von 5 Genen, die im Rahmen des Projektes zu analysieren waren, wurde um das Calpastatin-Gen (*CAST*), mit Effekt auf die Zartheit des Fleisches (Rivera-Prieto et al., 2015), erweitert.

In Arbeitspaket 5 (**AP5**) sollten von TierZucht-GI unter Nutzung eines eigens erstellten R-Programms Selektionsindizes und Gesamtzuchtwerte entwickelt werden, die die Merkmale der konventionellen Leistungsprüfung und der neuen Fleischqualitätsmerkmale sowie die geschätzten genetischen Parameter berücksichtigen. Dazu wurde ein eigenes Selektionsindexprogramm für die Strukturen in der Fleischrinderzucht angepasst und weiterentwickelt, sodass auch Genotypisierungsergebnisse als Informationsquellen für die Zuchtwertschätzung berücksichtigt werden können. Das dafür eigens entwickelte Computerprogramm kann bei Bedarf an andere wissenschaftliche Einrichtungen oder Züchtervereinigungen weitergegeben werden.

In Arbeitspaket 6 (**AP6**) sollten durch TierZucht-GI Genotyp-Umweltinteraktionen und durch TierEG-KS Phänotyp-Umweltinteraktionen ausgewertet werden. Die Erkenntnisse der Analysen sollten in die Entwicklung der Leitlinien zur Optimierung von Fütterungsstrategien zur Verbesserung der Fleischqualität einfließen. Wie bereits erläutert ließ die Heterogenität der Grünlandflächen und Managementmaßnahmen der Betriebe eine aggregierte Betrachtung nicht zu. Sowohl die sehr variablen Grünlandstrukturen, als auch die verschiedenen Strategien der Tierhalter, die Tiere z.T. in verschiedenen Herden auf nur sehr kleine Flächen, verbunden mit häufigen Weideumtrieben zu halten, ließen keine Möglichkeit zur präzisen Analyse der Fütterung zu. Diese Schlussfolgerung deckte sich, wie bereits im Vorfeld beschrieben, mit den Einschätzungen von Prof. Taube der Universität Kiel als renommierten Grünlandexperten, der in diesem Zusammenhang um Expertise gebeten wurde und von einer aufwändigen Grünlandanalyse abriet. Die Auswertung der in AP6 angedachten Phänotyp-Fütterungsinteraktionen waren daher nicht wie geplant durchführbar.

Insgesamt gaben zwölf der RHV-Betriebe und -Halter an, ihre Tiere vollständig oder zum Teil auf Naturschutzflächen weiden zu lassen. Ursprünglich wurde deshalb zumindest eine deskriptive Beschreibung ausgewählter Flächen anhand der amtlichen Bonitierungen angestrebt.

Nach einer intensiven Recherche der bonitierten Flächen zeigte sich auch hier eine starke Heterogenität: Lediglich sechs der Betriebe wussten um eine regelmäßige Bonitierung ausgewählter Grünlandflächen und die entsprechenden Ansprechpartner. Die Bonitierungen der Grünland- bzw. Naturschutzflächen werden in unregelmäßigen Abständen durchgeführt. Lediglich zwei der Betriebe konnten Bonitierungen von Flächen liefern, die jünger als zehn Jahre sind. Darüber hinaus stützt sich der Großteil dieser Bonitierungen weniger auf die Ertragsleistungen bzw. die Produktivität des Grünlandes, als vielmehr auf die Biodiversität der Pflanzenarten. Grünlanderträge können deshalb nicht annähernd geschätzt werden. Die hauptsächlichlichen Biotoptypen der Weideflächen von Betrieben im Harz und in Hessen sind Borstgraswiesen, Bergwiesen, Feuchtwiesen und Kalkmagerrasen. Als Hauptbestandbildner wurden insbesondere Rot-Schwingelwiesen, Rispengras, sowie Glatt- und Goldhafer genannt. Diese Flächen zeichneten sich durch hohe Kräuter- und Gräseranteile (>50 %) aus.

Anhand der Grünlandbonitierungen ergab sich eine durchschnittliche Artenzahl von 26 Arten je Quadratmeter. Allerdings wurden keine Aussagen zur Produktivität der Weideflächen getroffen. Zwar gaben 12 der Betriebsleiter an, aufgrund von Naturschutzmaßnahmen auf Pflegemaßnahmen verschiedener Flächen zu verzichten bzw. die Flächen vollständig durch Beweidung zu pflegen, eine Erfolgskontrolle in Form von Bonitierungen oder

Ertragsschätzungen bleibt aber aus. Auch die tatsächlichen Erträge und Produktionsleistungen der Weideflächen bleiben unbekannt. Hier herrscht ein Zielkonflikt zwischen dem Erhalt des Grünlandes bzw. dem Naturschutz und der Nutzung dieser Flächen und der zielgerichteten Rinderfütterung durch Grünlandflächen zur Qualitätsfleischerzeugung. In diesem Zusammenhang verweisen Kiefer et al. (2020) auf die Notwendigkeit, bedrohte Rinderrassen über entsprechende Nutzungskonzepte („Schützen durch Nützen“) zu vermarkten. Dies kann sich einerseits auch auf den Erhalt von Grünland beziehen. Es bleibt aber zu prüfen, inwiefern eine entsprechende Kombination aus Naturschutz und entsprechenden Schlachtkörperqualitäten zu realisieren ist. Die Autoren empfehlen in dieser Studie am Beispiel des Hinterwälder Rindes eine dezentrale Lösung von Sammelställen oder gemeinschaftlich genutzten Endmastställen zur gezielten Ausmast der Tiere vor der Schlachtung. Eine solche Lösung könnte auch für die Strukturen des Roten Höhenviehs in den Regionen Harz und in Hessen überprüft werden, da hier bereits z.T. überbetrieblich zusammengearbeitet wird.

Darüber hinaus wird eine umfassende Analyse der Grünlandflächen als hauptsächliche Fütterungsgrundlage des Roten Höhenviehs in Kombination mit Landschaftspflege- und Naturschutzkonzepten empfohlen. Hinsichtlich des Aufwandes, der erforderlich ist, um diese Möglichkeit hinreichend zu beleuchten empfiehlt sich eine interdisziplinäre Herangehensweise, die einerseits die Ertragsleistungen und Nährstoffpotenziale der Grünlandflächen für eine Rindermast aggregieren und modellieren kann, andererseits aber auch die Ziele der Landschaftspflege und der Naturschutzbemühungen hinreichend bewerten kann. Hierfür bedarf es jedoch einer angemessenen Zielformulierung, die neben der Landschaftspflege auch die bedarfsgerechte Fütterung zur Qualitätsfleischerzeugung impliziert. Langfristiges Ziel sollte es sein, die Naturschutzbemühungen in ein sinnvolles Konzept der Nutzung zu integrieren, ohne dass diese in einem Zielkonflikt zur tatsächlichen Nutzung stehen. Darüber hinaus setzt ein solches Konzept neben einer vorangehenden Zielformulierung und einer Erfassung des Status Quo eine kontinuierliche Erfolgskontrolle voraus.

Wie bereits unter AP2 erwähnt, implizierte die im Antrag definierte Modellentwicklung der Zuchtwertschätzung die Berücksichtigung der identifizierten entscheidenden Umwelteffekte auf den Betrieben. Das Klima, insbesondere Hitzestress, konnte in AP3 bereits als wesentliche Kenngröße mit Einfluss auf die Merkmale der routinemäßigen Leistungsprüfung beim RHV bestätigt werden. Diese Ergebnisse untermauerten die Wichtigkeit der klimatischen Produktionsumwelt für die Zuchtwertschätzung des RHV. Eine Analyse der Fleischqualitätsmerkmale in Abhängigkeit des Umweltdeskriptors „Klima“ wurde von TierZucht-GI demnach ebenfalls als sinnvoll erachtet. Entsprechend wurden die in AP4 geschätzten genetischen Parameter der Fleischqualität zur Auswertung von Genotyp-Klimainteraktionen genutzt. Die Berechnung bzw. Aktualisierung der statistischen Modelle erfolgte kontinuierlich. Der genetische Beitrag zum Studium der Genotyp-Umweltinteraktionen konnte somit über die Berücksichtigung klimatischer Einflussgrößen in vollem Umfang realisiert und somit erstmals in Bezug zu Merkmalen der Fleischqualität umgesetzt werden.

Arbeitspaket 7 (AP7) zielte auf die Formulierung von konkreten Empfehlungen zur Fütterung durch TierEG-KS ab, die eine Verbesserung der Fleischqualität versprechen. Aufgrund der Änderungen, die sich hinsichtlich durch die vorherrschenden Strukturen der RHV-Betriebe ergeben haben, werden grundlegende Maßnahmen zur Erhöhung der Fleischqualität formuliert. Insgesamt gaben 7 Betriebe an, generell Interesse an einer Erhöhung der Fleischqualität in Form von IMF zu haben.

Mit Abschluss des Projektes erhalten die teilnehmenden Betriebe eine einordnende Ausarbeitung über das Fleischqualitätsniveau der abgelieferten Proben. Die IMF-Werte werden darüber hinaus in den Gesamtkontext der Gesamtstichprobe eingeordnet. Sofern die Betriebe ihre Tiere nicht kastrieren, wird eine frühzeitige Kastration der Bullen, die nicht zum Zuchttier austausch genutzt werden sollen, empfohlen. Auch die Färsenmast der weiblichen Tiere, die nicht in die Zucht gehen, wird den Betrieben nahegelegt.

Allen Betrieben wird eine bedarfsgerechte Fütterung ihrer Tiere nahegelegt. Dies impliziert eine hinreichende Analyse der Grünlandflächen bzw. die Kenntnis über das Ertragspotenzial ihrer Flächen. Zusätzlich wird die Anwendung einer Endmast zur zielgerichteten Einflussnahme auf den IMF betont. Da das Rote Höhenvieh in einem Großteil der Fälle zur extensiven Landschaftspflege genutzt wird, wird die Kombination aus Weide mit anschließender Endmast empfohlen. Diese Endmast könnte mangels hinreichender Flächen oder Stallgebäude für nur wenige Tiere in verschiedenen Regionen durchaus dezentral organisiert sein.

In Arbeitspaket 8 (**AP8**) sollte eine Anwendung entwickelt werden, die eine automatische Zuchtwertschätzung nach Ende des Modellprojektes ermöglicht. Dieses Arbeitspaket lag in der Verantwortung von TierZucht-GI. Die Programme zur Durchführung der Zuchtwertschätzung wurden erstellt und stehen für die weitere Nutzung bereit. Die Durchführung sollte jedoch idealerweise von Fachpersonal durchgeführt werden. Daher wird auch nach Projektende die Durchführung der Zuchtwertschätzung weiterhin an der Justus-Liebig-Universität von TierZucht-GI angeboten. Die entsprechende Infrastruktur von der Datenaufbereitung bis hin zur Erstellung von Selektionslisten nach Zuchtwerten für genau definierte Umweltbedingungen, wurde entwickelt und kann weiterführend für den Routinebetrieb genutzt werden.

Ein Abschlussworkshop gemäß Arbeitspaket 9 (**AP9**) war vorgesehen, um die Projektergebnisse in die Praxis zu transferieren. Aufgrund der aktuellen Corona-Pandemie und den damit einhergehenden Restriktionen war die Ausrichtung eines derartigen Workshops zum Ende des Projektes leider nicht möglich. Verschiedene anberaumte Termine wie beispielsweise eine geplante Vortragsveranstaltung mit den Züchtern und Vertretern der Universitäten am 5. Dezember 2021 in Bad Hersfeld, mussten abgesagt werden. Es ist jedoch geplant, dass die Ergebnisse des Projektes auf dem nächsten Züchtertreffen der BAG-RHV, die, je nach Pandemieverlauf, voraussichtlich im August 2021 stattfinden wird, vorzustellen und damit den Transfer der Ergebnisse in die Praxis zu realisieren. Ein wissenschaftlicher Workshop im Rahmen des Seminars für Nutztierwissenschaften des Gießener Tierzuchtinstituts kann ebenfalls nachgeholt werden, sobald die Corona-Pandemie dies wieder zulässt. Weiterhin sollen die Ergebnisse des Projektes in Fachzeitschriften veröffentlicht werden. Einige Ergebnisse wurden bereits publiziert bzw. sind zur Veröffentlichung eingereicht.

1.2 Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde

1.2.1 Die Rasse „Rotes Höhenvieh“

Das Rote Höhenvieh (**Abb. 2**) ist eine deutsche Rinderrasse, die seit über 20 Jahren auf den Listen der bedrohten Nutztierpopulationen als Erhaltungs- oder Beobachtungspopulation geführt wird (BLE, 2019), weshalb Halter dieser Rasse in sieben verschiedenen Bundesländern



Abbildung 2: RHV-Kuh (Halli, 2019)

durch das Nationale Programm zur Förderung und Erhaltung der Biodiversität finanzielle Fördermittel erhalten. Unter der gemeinsamen Rassebezeichnung „Rotes Höhenvieh“ werden 5 Populationen zusammengefasst: Niedersachsen und Sachsen-Anhalt (Harzer), Thüringen (Südharz), Hessen (Vogelsberger), Westfalen (Wittgenstein) und Sachsen (Vogtländer). Außerdem wurden die heimischen Populationen durch nahestehende polnische und tschechische Herkünfte ergänzt (Bremond, 2001). Durch sich im Laufe der Zeit ändernde Anforderungen an die Rasse, wurden andere, leistungsfähigere Milch- und Mastrassen eingekreuzt. Auch die Vereinigung verschiedener

Zuchtverbände zum Verband mitteldeutscher Rotviehzüchter im Jahr 1911 führte zu einem Zuchttieraustausch verschiedener Zuchtgebiete (BAG-RHV, 2021). Die RHV-Population bietet heute mit 2006 weiblichen und 157 männlichen im Herdbuch eingetragenen Tieren (BLE, 2019) gerade so die ausreichende Stichprobe für eine Analyse auf Fleischqualitätsmerkmale bei der Betriebs-, Umwelt- oder tierindividuelle Effekte statistisch berücksichtigt werden können. Laut Rasse- und Zuchtzielbeschreibung des Bundesverbands Rind und Schwein e.V. (BRS) (2012) gilt das RHV innerhalb des Fleischrasse-Spektrums als mittelrahmig, weshalb das RHV nicht mit den Schlachtgewichten von kommerziellen Fleischrinderrassen konkurrieren kann. Es läuft daher Gefahr auf dem Rindfleischmarkt verdrängt bzw. dezimiert zu werden. Neben hohen Absetzgewichten und erkennbarer, gleichmäßiger Bemuskelung werden auch eine feine Fleischfaserung und eine hohe Fleischqualität in den Produktionseigenschaften der Rasse hervorgehoben (BRS, 2012; BAG-RHV, 2021). Auch durch den vorrangigen Einsatz der Rasse in der Mutterkuhhaltung (Verein zur Erhaltung und Förderung des Roten Höhenviehs e.V., 2016) und zur Landschaftspflege wird das Fleisch immer wieder als besonders hochwertig beschrieben, obwohl eine umfangreiche wissenschaftliche Untersuchung zur Fleischqualität des RHV bisher noch nicht zur Verfügung stand. In der Studie von Golze et al. (2000) wurden zwar ausgewählte Schlachtkörpermerkmale von RHV-Tieren analysiert, die Stichprobe beschränkte sich allerdings lediglich auf Fleisch von $n = 7$ Jungbullen und ist daher zu gering um eine allgemeine Aussage über die untersuchten Schlachtkörpermerkmale innerhalb der Rasse zu formulieren. Heute stellt das RHV ein mittelrahmiges Rind im Zweinutzungstyp dar, welches als widerstandsfähig und genügsam beschrieben wird (BRS, 2012) und sich daher gut für Mittelgebirgsstandorte, sowie andere ungünstige Standorte eignen soll (BAG-RHV, 2021).

1.2.2 Modelle der Zuchtwertschätzung

In der Zuchtwertschätzung landwirtschaftlicher Nutztiere wird aktuell standardmäßig die BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) von Henderson (1975) angewendet, bei der Umwelt- und zufällige genetische Effekte simultan berücksichtigt werden. Während der additiv-genetische Effekt durch weitreichende Abstammungsinformationen und durch die Modellierung der additiv-genetischen Verwandtschaftsmatrix sehr genau berücksichtigt wird, werden Umwelteffekte, die den nicht genetischen Anteil der phänotypischen Merkmalsvariation reflektieren, innerhalb von Faktorstufen eines Effektes durch eine Vielzahl von Tieren zusammengefasst. Beispiele hierfür sind Altersklassen, Jahres- oder Saisoneffekte. Beim Betriebseffekt, bzw. unter Nutzung von Testtagsmodellen (Schaeffer et al., 2000) dem Herdentesttagseffekt, wird davon ausgegangen, dass alle Tiere die innerhalb einer definierten Umwelt (Betrieb) gehalten werden, identischen Bedingungen ausgesetzt sind. Problematisch wird es jedoch dann, wenn das tatsächlich nicht der Fall ist (König, 2001), da in diesem Fall erhöhte Restvarianzen auftreten. Möglichkeiten diese Problematik zu umgehen, wären zum einen die Berücksichtigung von Managementgruppen in der Zuchtwertschätzung (König et al., 2002) oder, im Rahmen einer internationalen Zuchtwertschätzung, auf die Berücksichtigung von Produktionssystemen statt von Ländergrenzen zurückzugreifen (Weigel und Rekaya, 1999).

1.2.3 Fleischqualität – Definition, Merkmale und Einflussgrößen

Unter dem Begriff Fleischqualität werden alle Merkmale und Eigenschaften zusammengefasst, die sensorischer, verarbeitungstechnologischer, nutritiver und hygienisch-toxikologischer Natur sind (Hoffmann, 1973). In Deutschland wird Rindfleisch bisher auf Basis des gemeinschaftlichen EUROP-Schemas klassifiziert und entlohnt, das neben dem reinen Schlachtkörpergewicht die visuell geschätzte Muskelfülle eines Schlachtkörpers und die ebenfalls subjektiv geschätzte Fettauflage als Parameter zur Klassifizierung fokussiert (Regulation [EEC] No. 1208/81). Das EUROP-System wird aus wissenschaftlicher Perspektive bereits seit Jahrzehnten als unzureichend kritisiert (Stockinger und Weiß, 1991; Augustini et al., 1999; Brinkmann, 2008), da es einerseits auf einer in den meisten Fällen subjektiven Einschätzung durch trainiertes Personal erfolgt, und andererseits in keinerlei Verhältnis zur sensorischen Fleischqualität steht (Bonny et al., 2016). Eine Erweiterung des EUROP-Systems wurde von Monteils et al. (2017) empfohlen.

Im vorliegenden Projekt stützt sich der Begriff Fleischqualität vor allem auf die sensorische Fleischqualität in Form des intramuskulären Fettanteils, der in internationalen Bewertungssystemen als determinierender Parameter der Schlachtkörperbewertung von Rindfleisch genutzt wird (Cheng et al., 2015) und zahlreiche weitere Qualitätsmerkmale positiv beeinflusst (Hocquette et al., 2010). Der intramuskuläre Fettgehalt in Rindfleisch beschreibt den Anteil an Fett, der zwischen den Muskelfaserbündeln eingelagert wird und ist im Fleisch als Marmorierung sichtbar (Hocquette et al., 2010). Insbesondere wird der IMF beeinflusst durch Genetik, Geschlecht, Alter und Fütterung des Tieres. Die perimortale Behandlung hat darüber hinaus Einflüsse auf die Zartheit und Saftigkeit des Fleisches. Ein starker Marmorierungsgrad ist in Ländern wie Australien, Japan und Kanada mit einer höheren Qualitätsstufe verknüpft (Polkinghorne und Thompson, 2010). Trotz des Zusammenhangs des Fettgehaltes im Fleisch mit der sensorischen Fleischqualität sind erhöhte Fettanteile im Schlachtkörper in Deutschland mit Preisabschlägen verbunden. Dies hat zur Folge, dass vermehrt Fleisch stark bemuskelter Tiere erzeugt wird (Craigie et al., 2012). Diese Tiere weisen in der Regel Nachteile in der sensorischen Fleischqualität auf (Hocquette et al., 2010).

1.2.4 Der Marmorierungsprozess

Hocquette et al. (2010) beschreiben die Entstehung von intramuskulärem Fett als Zusammenspiel der Adipogenese und der Myogenese. Ein hoher IMF-Anteil bedeutet eine hohe Adipozytenzahl bei geringerer Muskelwachstumsrate. Da die Bildung von Fettzellen vor allem im frühen Entwicklungsstadium von Tieren geschieht, sind vor allem die frühen Phasen in der Mast entscheidend für die Entwicklung von intramuskulärem Fett (Du et al., 2015; Hocquette et al., 2010). Auch Harper und Pethick (2004) beschreiben Alter als einen der zentralen Einflüsse für die Beeinflussung des intramuskulären Fettanteils. Die Basis für die Einlagerung von intramuskulärem Fett und der entsprechenden Marmorierung erfolgt zwischen der Geburt und Tag 250 (Du et al., 2010; Du et al., 2013; Du et al., 2015). In diesem Zeitfenster, dem sog. „Marmorierungsfenster“ reichern sich die intramuskulären Fettzellen an, die es im späteren Verlauf der Mast zu füllen gilt. Um Rindfleisch mit hohem intramuskulärem Fettgehalt zu produzieren, empfehlen Harper und Pethick (2004) Fütterungsstrategien, die die Differenzierung von Adipozyten fördern, die später mit Substrat gefüllt werden, um das Volumen dieser Zellen zu erhöhen. Insbesondere die gezielte und bedarfsgerechte Fütterung bietet eine Grundlage zur Erhöhung des intramuskulären Fettanteils. Im Verlauf des Wachstums verändert sich die Zusammensetzung der Körpersubstanz stark. Kapazität und Rhythmus sind dabei genetisch bedingt. Die verfügbaren Nährstoff- und Energiemengen bestimmen dagegen die phänotypische Ausprägung während der Wachstumsphasen. Eine gezielte Endmast im Stall, mit einer erhöhten Energiekonzentration, kann kompensatorische Wachstumsprozesse hervorrufen (Steinwider, 2003) was zu einem beschleunigten Wachstum und einem erhöhten intramuskulären Fettgehalt führt (Pethik et al., 2004). Grasbasierte Rationen, wie sie bei der Rasse RHV häufig eingesetzt werden, bringen eher ein Fleisch mit geringerem IMF hervor (Nuernberg et al., 2005). Außerdem ist die Fettfarbe eher gelblich (Velik, 2009). Eine Kraftfutter-basierte Endmast führt zu einem Fleisch mit festerem und weißem Fett (Steinwider, 2005). Wenn eine gute Fleischqualität angestrebt wird, sollte auch die Mastdauer kontrolliert sein. Eine intensive Ausamst im Stall mit Grundfutter zur freien Aufnahme und 2-4 kg Kraftfutter täglich sollte lediglich 2-4 Monate dauern, um die Körperkondition kontrollieren zu können und eine Verfettung zu vermeiden (Steinwider et al., 2007).

Darüber hinaus erfolgt die Einlagerung von intramuskulärem Fett vor allem bei Ochsen und Färsen (Frickh et al., 2003; Weissmann et al., 2007; Hocquette et al., 2010), während sie sich bei Bullen deutlich später anreichert. Aus diesem Grund wird eine zeitige Kastrierung männlicher Tiere empfohlen (Morgan et al., 1993; Branscheid et al., 2007). Auch nach der Schlachtung gibt es Faktoren, die die Qualität des Fleisches beeinflussen. Dabei spielen der Transport, die Kühlung und die Reifung eine besondere Rolle (Augustini, 1987; Wegner et al., 1998; Frickh et al., 2003). Das Hormon Leptin bestimmt maßgeblich die Verteilung und die Menge der Fetteinlagerung (Changping et al., 1999), wobei die Freisetzung von der vorhandenen Fettmenge im Fettgewebe abhängt. Eine hohe Leptin-Konzentration korreliert mit der Marmorierung des Fleisches. Laut Kononoff et al. (2005; 2013) beeinflusst eine spezifische Variation der DNA-Sequenz die Bildung dieses Hormons. Relevant ist dabei das T-Allel, welches zwischen den Rassen sehr unterschiedlich verteilt ist. So tritt das Allel bei Angus und Hereford in mindestens 55 % der Fälle auf, bei Charolais und Fleckvieh hingegen nur in unter 34 % der Fälle.

1.2.5 Weidemast

Die Weidemast bietet eine Möglichkeit, Grünlandressourcen im Rahmen der Rindfleischerzeugung zu nutzen. Wettbewerbsfähig wird die Weidemast in der Regel erst durch die mit dem Verfahren verbundenen Potenziale bei Merkmalen der Prozess- und Produktqualität (Thies et al., 2006; Vögtlin et al., 2009). Kiefer et al. (2020) beschreiben, dass es bisher nicht gelungen ist, das steigende Verbraucherinteresse nach hochwertigem Weiderindfleisch in ein erfolgreiches Konzept umzusetzen (Korn und Hamm, 2014).

Generell herrschen bei der Beweidung von Grünland durch Rinder zwar potenzielle Vorteile für die Rindermast, diese sind jedoch nur durch entsprechendes Management zu erreichen. Häufig besteht aber ein Zielkonflikt zwischen einer naturschutznahen Beweidung und einer entsprechend zielgerichteten Fütterung für eine hohe Fleischqualität (Kiefer et al., 2020). Darüber hinaus sind die benötigten Nährstoff- und Energiegehalte von Rindern häufig nicht mit der reinen Beweidung von Grünland bzw. Naturschutzflächen zu decken. Hierzu muss das Ertragsniveau der Flächen regelmäßig bekannt sein und falls nötig zugefüttert werden. Auch eine entsprechende Pflege der Fläche muss regelmäßig erfolgen, um eine ausreichende Produktivität des Grünlandes zu gewährleisten, die einer adäquaten Rinderfütterung zur Fleischerzeugung entspricht.

Naturschutzflächen und Landschaftspflegeprojekte fokussieren hingegen häufig auf die Biodiversität von Grünlandflächen. Hier würde eine entsprechende Bewirtschaftung oder Schnittnutzung im Kontrast zur reinen Biodiversitätserhöhung stehen. Darüber hinaus sind benachteiligte Flächen häufig nicht zu bewirtschaften, aus Gründen der Nährstoffzufuhr sind externe Nährstoffzugaben aber zu vermeiden, eine Zufütterung also nicht geboten und somit die Grundlage für eine bedarfsgerechte Fütterung der Rinder nicht zwangsläufig sichergestellt. Eine entsprechende Kombination der Landschaftspflege mit Endmast im Stall könnte diese Probleme z.T. lösen (Kiefer et al. 2020), auch eine dezentrale Organisation wäre vonnöten, um eine effizientere Nutzung zu ermöglichen.

Aus ernährungsphysiologischer Sicht, kommt der Weidehaltung eine vorteilhafte Bedeutung zu, da sie zu einem erhöhten Gehalt der ω -3 Fettsäuren im Fleisch beiträgt (Nuernberg und Ender, 2001; Noci et al., 2005). Auch gesellschaftlich wird die Weidehaltung als besonders tiergerecht angesehen. Durch die erhöhte Aufnahme von Karotinoiden ist das Fett jedoch grundsätzlich eher gelblich verfärbt, was vom Verbraucher wiederum häufig negativ gesehen wird (Kreuzer, 2007). Ein dennoch hoher Genusswert in den relevanten Kriterien des Geschmacks könnte sowohl die Akzeptanz der Verbraucher als auch die Zahlungsbereitschaft erhöhen (Sundrum, 2010).

1.2.6 Fleischqualität im Rassevergleich

Ein Vergleich über die sensorische Rindfleischqualität verschiedener Rinderrassen ist erschwert, da die zahlreichen Einflussfaktoren auf den intramuskulären Fettgehalt in verschiedenen Studien unterschiedlich gewichtet werden.

Häufig erschweren unterschiedliche Managementstrategien auf den landwirtschaftlichen Betrieben, aber auch die verschiedenen Einflussfaktoren bei der Schlachtung einen standardisierten Vergleich. Darüber hinaus beschränkt sich die Qualitätsbewertung deutscher Rinderrassen häufig auf Schlachtgewichte und Tageszunahmen.

Insbesondere für deutsche Rinderrassen gibt es zusätzlich oft nur geringe Stichprobenzahlen.

Tabelle 1 fasst die Ergebnisse verschiedener Studien zum gemessenen IMF unterschiedlicher Rassen beispielhaft zusammen:

Tabelle 1: Übersicht zu IMF-Werten verschiedener Rassen aus unterschiedlichen Studien

	Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (2019)	Cafferky et al. (2019)	Augustini und Tröger (2001)
Rinderrasse und Geschlecht	Gelbvieh (n = 7) Pinzgauer (n = 12) Angus (n = 12) <i>Bullen</i>	Angus (n = 36 Bullen, n = 28 Ochsen) Hereford (n = 2 Bullen, n = 11 Ochsen) Salers (n = 25 Bullen, n = 16 Ochsen)	Aubrac (n = 15) Shorthorn (n = 10) Galloway (n = 7) Schottisches Hochlandrind (n = 4)
IMF	Gelbvieh: 3,61 % Pinzgauer: 2,92 % Angus: 3,64 %	Angus: 2,78 % Hereford: 2,16 % Salers: 2,41 %	Aubrac: 1,29 % Shorthorn: 2,95 % Galloway und Schottisches Hochlandrind: 2,19 %
Fütterung	Mast auf Maissilagebasis und Kraftfuttermischung aus Getreide und Soja, Endmast	Kraftfutter und Heu	Weidehaltung und Endmast im Stall

Verschiedene Autoren beschreiben die mitteleuropäischen Anforderungen für Qualitätsfleisch mit IMF-Gehalten zwischen 2,0 % und 4,5 %, betonen aber auch, dass beispielsweise in Amerika IMF-Gehalte deutlich über 10 % erwünscht sind und auch erreicht werden.

1.2.7 Zucht auf Fleischqualität

Merkmale der Rindfleischqualität weisen hohe Erblichkeiten von bis zu $h^2 = 0,88$ auf (Pariacote et al., 1998; Utera und Van Vleck, 2003), was ideale Voraussetzungen für eine Zucht auf Rindfleischqualität bietet. In dieser Hinsicht wurden bereits verschiedene züchterische Strategien evaluiert (Pimentel und König, 2012). Länder wie z. B. Kanada, Australien und Brasilien züchten bereits systematisch auf Fleischqualität. In Deutschland jedoch blieb der Aspekt der Fleischqualität in der routinemäßigen Zuchtwertschätzung für Fleischrinder bisher gänzlich unberücksichtigt. Beispiele für Gene, die bereits bekannt dafür sind, mit der Fleischqualität in Verbindung zu stehen, sind *DGATI* (Diacylglycerol-O-Acyltransferase 1, Einfluss auf den IMF und die Rückenfettdicke, (Thaller et al., 2003; Avilés et al. 2013), *CAPNI* (Calcium activated neutral protease, assoziiert mit dem „tenderness score“ (Page et al., 2004)), *TG* (Thyroglobulin Gen, Einfluss auf die Marmorierung (Anton et al., 2013; Thaller et al., 2003)), *FABP4* (Adipose fatty acid binding protein, assoziiert mit dem intramuskulären Fett (Avilés et al., 2013; Michal et al., 2006)), *RORC* (Receptor-related orphan receptor C, assoziiert mit dem intramuskulären Fett (Avilés et al., 2013; Barendse et al., 2010)), *CAST* (Calpastatin Gen, Einfluss auf die Zartheit von Fleisch, (Rivera-Prieto et al., 2015)).

1.2.8 Methoden zur Messung der Fleischqualität

Um Verzerrungen durch eine unterschiedliche Schnittführung zu vermeiden, war die einheitliche Probennahme eines 2,5 cm dicken Roastbeefs an der 12. / 13. Rippe des *M. longissimus dorsi* erforderlich. Außerdem machte die Analyse dieses spezifischen Stückes die Ergebnisse mit denen anderer Veröffentlichungen vergleichbar da diese Position in internationalen Klassifizierungssystemen als standardisierte einheitliche Messposition gilt (Polkinghorne und Thompson, 2010). Als ein maßgeblicher Parameter der Fleischqualität wurde in diesem Projekt der intramuskuläre Fettgehalt gewählt, der hohe Korrelationen zu weiteren Fleischqualitätsmerkmalen aufweist.

Sowohl die nasschemische Analyse, als auch die NIRS-Analyse gelten als Goldstandard zur Erfassung des intramuskulären Fettgehaltes (Cheng, 2015), setzen jedoch eine Zerstörung des Fleisches voraus und sind deshalb nicht in der standardisierten industriellen Schlachtlinie einsetzbar. Eine zerstörungsfreie Form der Erfassung von Marmorierung auch in der Schlachtlinie bietet die sogenannte Video-Image Analyse (VIA), die in internationalen Bewertungssystemen von Rinderschlachtkörpern bereits routinemäßig Anwendung findet (Polkinghorne und Thompson, 2010). In Deutschland erschwerten bislang unterschiedliche Schnittpositionen die Nutzung dieser Systeme, wenngleich erste Studien vermuten lassen, dass eine Übertragbarkeit dieser Systeme auch in deutschen Schlachthöfen gewährleistet wäre (Schulz und Sundrum, 2019; Schulz und Sundrum, 2021). Der Goldstandard zur Erfassung der Scherkraft und damit der Zartheit von Fleisch ist die Imitation des Kauwiderstandes durch das keilförmige Scherblatt einer Warner-Bratzler Schere. Die Messung sollte ebenfalls 14 Tage p.m. nach Reifung und Kühlung erfolgen. Die Probe sollte außerdem vorher erhitzt werden. Die Scherkraft wird in der Einheit kg/cm³ gemessen. Ein Wert <3,5 kg/cm³ gilt laut Frickh et al. (2004) als Qualitätsfleisch.

1.2.9 Methodisches Vorgehen bei der Gendiagnose über Polymerase-Kettenreaktion

Das Ausgangsmaterial für die Polymerasekettenreaktion (Polymerase Chain Reaction = PCR) ist isolierte DNA, die aus verschiedensten Quellen gewonnen werden kann (z.B. aus Gewebe, Blut oder Haaren). Bei der Isolierung von DNA kommen in der Regel bestimmte Kits zum Einsatz, wie z.B. das *NucleoSpin®Tissue*-Kit der Firma Marchery-Nagel zur DNA-Extraktion aus Gewebe (Abb. 3). Die im Anschluss daran folgende PCR ist die zyklische Vervielfältigung (Amplifikation) einer spezifischen DNA-Sequenz im Reagenzglas (*in vitro*), die durch eine DNA-abhängige DNA-Polymerase und verschiedene Temperaturen hervorgerufen wird (Seyfert, 2005). Das Enzym benötigt a) eine Einzelstrang-DNA als Matrize für die Synthese eines neuen, komplementären Stranges (entsteht durch Denaturierung von doppelsträngiger DNA durch Erhitzen) und b) zwei kurze Stücke einzelsträngiger DNA, die sogenannten Primer (sequenzspezifische Oligonucleotide), welche an komplementäre Bereiche der DNA binden (Annealing, durch Absenken der Temperatur). Die Primer werden für die PCR so ausgewählt, dass sie an den Bereich der DNA

Genomic DNA from tissue		
Protocol at a glance (Rev.17)		
NucleoSpin® Tissue		
1	Prepare sample	Cut 25 mg into small pieces 180 µL T1 25 µL Proteinase K
2	Pre-lyse sample	56 °C, 1–3 h
3	Lyse sample	200 µL B3 70 °C, 10 min
4	Adjust DNA binding conditions	210 µL 96–100% ethanol
5	Bind DNA	Load all 11,000 x g, 1 min
6	Wash silica membrane	1 st wash 500 µL BW 2 nd wash 600 µL B5 11,000 x g, 1 min
7	Dry silica membrane	11,000 x g, 1 min
8	Elute highly pure DNA	100 µL BE RT, 1 min 11,000 x g, 1 min

Abbildung 3: Protokoll zur Isolierung von genomischer DNA aus Gewebe durch Nutzung des NucleoSpin®Tissue-Kits der Firma Marchery-Nagel (www.mn-net.com)

angrenzen, der vervielfältigt werden soll. Danach wird die Temperatur wieder erhöht, damit die DNA-Synthese ablaufen kann. Die DNA-Polymerase synthetisiert dann an das 3'-Hydroxylende des Primers einen komplementären DNA-Strang in 5'-Richtung. Dieser neue Strang kann dann genutzt werden um ihn, unter Nutzung des zweiten Primers, in Gegenrichtung erneut zu kopieren (Saiki et al., 1985). Es entstehen neu synthetisierte DNA-Stränge, die ebenfalls neue Primer-Bindestellen aufweisen. Durch erneutes Erhitzen werden die Stränge wieder getrennt (Denaturierung), wodurch ein neuer Zyklus (Primer-Hybridisierung, DNA-Synthese, Strangtrennung) beginnt. Jede Synthesereaktion verdoppelt dabei die im Reagenzglas vorhandenen Matrizen. Mittels einer Agarose-Gelelektrophorese werden die resultierenden PCR-Produkte in einem elektrischen Feld aufgetrennt, wobei verschiedene Moleküle und Partikel je nach Ladung und Größe mit unterschiedlichen Geschwindigkeiten durch ein Trägermaterial (Agarosegel) wandern. Aufgrund der Phosphatreste sind die Nucleinsäuremoleküle überwiegend negativ geladen, weshalb die in einer Pufferflüssigkeit gelösten Moleküle zum Pluspol des elektrischen Spannungsfelds wandern. Je größer die Maschendichte des Agarosegels (abhängig von der Konzentration), desto langsamer wandern die DNA-Fragmente. Im Gel ist ein fluoreszierender Farbstoff enthalten (Midori Green (Nippon Genetics)), der an DNA bindet, weshalb die DNA-Fragmente somit unter UV-Licht sichtbar gemacht werden können. Das entstehende Bandenmuster stellt die Wanderungstrecke der Moleküle des Probenmaterials dar und wird anschließend mit den Molekülen bekannter Längen, sogenannten DNA-Größenmarkern (z.B. GeneRuler 100 +; Fermentas) verglichen (Seyfert, 2005). Die PCR-Produkte dienen anschließend als Ausgangsmaterial für die PCR-basierte DNA-Tests bzw. für PCR-RFLP-Analysen zum Nachweis der verschiedenen Allele von Genen einzelner SNPs.

1.2.10 Phänotypische Auswirkungen von Hitzestress auf Leistungs-, Fruchtbarkeits- und Fleischqualitätsmerkmale

Das Klima, insbesondere hohe Temperaturen, können belastend auf den Organismus von Tieren wirken und haben dadurch auch einen nachteiligen Effekt auf Leistungs- und Fruchtbarkeitsmerkmale von Kühen. Für extensiv gehaltene Fleischrassen oder Zweinutzungsrasen ist aus der Forschung bisher nur wenig bekannt, während die Forschung rund um Hitzestress bei Milchkühen immer mehr zunimmt. Für Deutschland werden durch den Klimawandel kontinuierlich steigende Temperaturen vorhergesagt (Kreienkamp et al., 2020) und auch bereits beobachtet (Kaspar et al., 2013), was direkten Einfluss auf extensiv gehaltene Fleisch- oder Zweinutzungsrasen hat. So wurden reduzierte tägliche Zunahmen in Kreuzungsrindern (Habeeb et al., 2011) und Feedlot-Färsen (Mitlöhner et al., 2001), aber auch eine verringerte Fleischqualität in Fleischrindern (Kadim et al., 2004), verursacht durch Hitzestress, beobachtet. An Holstein-Bullenkälbern (O'Brien et al., 2010) sowie an weiblichen Jungrindern (St-Pierre et al., 2003) konnte ebenfalls eine durch Hitzestress verursachte verminderte Zunahme beobachtet werden. Aber auch Fruchtbarkeitsmerkmale werden von Hitzestress negativ beeinflusst. Laut Amundson et al. (2006) ist die Trächtigkeitsrate von *Bos taurus*-Kreuzungsrindern negativ mit einem steigenden THI assoziiert. In Milchkühen verursacht Hitzestress außerdem verminderte Konzeptionsraten (Villa-Mancera et al. 2012) und verlängerte Günstzeiten (Moore et al., 1992). Eine Hitzebelastungssituation entsteht dann, wenn ein Anstieg der Umgebungstemperatur und der Luftfeuchte Grenzen übersteigt, die die Abgabe von Wärme, die durch den Stoffwechsel der Kuh erzeugt wird, beeinträchtigt. Der Temperatur-Luftfeuchte Index (engl. Temperature-Humidity Index (THI)) ist eine wissenschaftlich anerkannte Kenngröße zur Berechnung der exogenen Hitzebelastung, indem sie die Wirkung

von Temperatur und Luftfeuchte kombiniert. Für die Anwendung in Deutschland wird speziell die Berechnungsformel des National Research Council (1971) empfohlen (Brügemann et al., 2012). In Deutschland konnten erste Leistungseinbußen bei Holstein-Kühen bereits ab einem THI von 60 nachgewiesen werden. Dieser THI tritt bei Nutzung der vorher genannten Berechnungsformel erstmals bei einer Temperatur von 16 °C und einer Luftfeuchte von 45 % auf (Brügemann et al., 2012). In wärmeren Klimazonen wie Spanien werden für Holstein-Kühe jedoch höhere THI-Schwellenwerte angegeben (Carabaño et al., 2016), was auf eine Adaption an lokale Umweltgegebenheiten hinweist.

1.2.11 Zeitversetzte Auswirkungen von Hitzestress

In verschiedenen Studien konnte bereits ein zeitversetzter Effekt von Hitzestress während der Spätträchtigkeit auf das Milchkuh-Kalb nachgewiesen werden. Dieser sogenannte intrauterine Hitzestress verursachte nicht nur verringerte Geburtsgewichte (Tao et al., 2012; Monteiro et al., 2016), sondern auch verringerte Jährlingsgewichte, erhöhte Besamungsindizes, geringere Milchleistungen bis zum Zeitpunkt der 35. Laktationswoche und auch erhöhte Morbiditäts- und Mortalitätsraten (Monteiro et al., 2016). In Deutschland wurden derartige zeitversetzte Auswirkungen von intrauterinem Hitzestress für weibliche Fruchtbarkeitsmerkmale und Langlebigkeit kürzlich nachgewiesen (Kipp et al., 2020).

1.2.12. Genetische und epigenetische Auswirkungen von Hitzestress auf Leistungs-, Fruchtbarkeits- und Fleischqualitätsmerkmale

Änderungen der additiv-genetischen Varianzen oder Zuchtwerte im Temperatur- bzw. THI-Verlauf sind ein Indikator dafür, dass verschiedene Umweltbedingungen bestimmte Gene aktivieren bzw. deaktivieren. Unter Nutzung von Random-Regression-Modellen wurde der Einfluss des THI auf genetische Varianz- und Kovarianzkomponenten für Produktionsmerkmale (Brügemann et al., 2011) und auch niedrig erbliche funktionale Merkmale (Al-Kanaan et al., 2015) in Milchkühen untersucht, wobei genetische Varianzen und Erblichkeiten mit steigender Hitzebelastung verringert waren. Unter optimalen Umweltbedingungen ist daher eine genauere genetische Differenzierung der Tiere möglich (Schierenbeck et al., 2011). Genetische Studien, die sich mit Fleischrindern befassten, konnten Veränderungen von genetischen Parametern für Leistungsparameter unter verschiedenen Umweltbedingungen nachweisen, was auf Genotyp-Umweltinteraktionen hinwies (Guidolin et al., 2012; Raidan et al., 2015; Williams et al., 2012). Eine Genotyp-Umweltinteraktion bedeutet, dass der am besten geeignete Genotyp von der gegebenen Umweltsituation abhängt, was besonders für extensiv gehaltene Rinderpopulationen wichtig ist, da diese Tiere starken Schwankungen der Umwelt ausgesetzt sind. Durch Hitzestress verursachte Genotyp-Umweltinteraktionen für Absetzgewichte von amerikanischen Angus-Rindern wurden bereits in Bradford et al. (2016) beschrieben.

Epigenetische Effekte basieren auf reversiblen Modifikationen an der DNA. Das können DNA-Methylierungen oder Histon-Modifikationen sein, die die Genexpression beeinflussen (Daxinger und Whitelaw, 2012). Derartige Modifikationen stellen einen wichtigen Baustein in der Anpassung an wechselnde Umweltbedingungen dar und können über Generationen hinweg weitergegeben werden. Sonna et al. (2002) beschrieben ca. 100 Gene, für die eine Beeinflussung der Expression durch Hitzestress in Säugetieren nachgewiesen wurde. Skibieli et al. (2018) fanden epigenetische Modifikationen in Kühen, die intrauterinem Hitzestress ausgesetzt waren, verglichen mit Kühen, die keinen intrauterinen Hitzestress erfuhren.

2. Material und Methoden

Im Rahmen von API wurde beim jeweils ersten Betriebsbesuch die Logistik der Fleischprobennahme und der Weiterleitung ins Labor zwecks Analyse besprochen. Die Entnahme der Fleischproben wurde durch die Landwirte und die entsprechenden Fleischer koordiniert. Die Probeentnahme am Schlachtkörper erfolgte am Querschnitt der 12. / 13. Rippe des *M. longissimus dorsi* (die Anleitung zur Probennahme und -lagerung, die den Betrieben ausgehändigt wurde, findet sich in **Anhang 2**). Diese Position wurde ausgewählt, da sie in internationalen Klassifizierungssystemen als standardisierte einheitliche Messposition gilt und daher die Vergleichbarkeit mit anderen Studien gewährleistet. Aus logistischen Gründen und aufgrund bereits bestehender Vermarktungsstrukturen mit dem LEH konnte eine einheitliche Behandlung der Proben nach der Entnahme nicht gewährleistet werden, sodass diese unmittelbar nach der Entnahme von den Landwirten eingefroren wurden.

Die jeweils individuelle Abreifedauer und Besonderheiten während der Schlachtung und Reifung wurden jeweils im Vorfeld erfasst bzw. bei Abweichung gesondert ausgewiesen. Mit einem großen Teil der Betriebe wurde eine vorübergehende Lagerung der eingefrorenen Proben auf dem Betrieb vereinbart. Diese Betriebe wurden von den Projektpartnern in regelmäßigen Abständen besucht und die Proben abgeholt. Andere, weiter entfernt liegende Betriebe erklärten sich bereit, die eingefrorenen Proben auf dem Postweg an das Labor der Universität Kassel zu senden. Des Weiteren erklärte sich der Vorsitzende der BAG-RHV Herr Josef Spahn im ersten Projektjahr dazu bereit für einen Teil der partizipierenden Betriebe Fleischproben zu sammeln und anschließend der Universität Kassel zur Analyse zukommen zu lassen. Der Zeitraum der Fleischprobensammlung erstreckte sich von Projektbeginn bis Ende Januar 2021. Die Proben wurden im Labor des TierEG-KS über einen Zeitraum von mindestens 24 Stunden langsam und gleichmäßig aufgetaut und analysiert. Die Bestimmung des intramuskulären Fettgehaltes erfolgte in zwei Phasen. Zunächst wurden die ersten 120 eingegangenen Proben nasschemisch analysiert. Anhand dieser Ergebnisse wurde eine NIRS-Kalibrierung erstellt. Diese Kalibrierung dient als Datenbank für den Abgleich der Ergebnisse der Folgeanalysen. Die Werte der NIRS-Ergebnisse und der nasschemischen Analyse

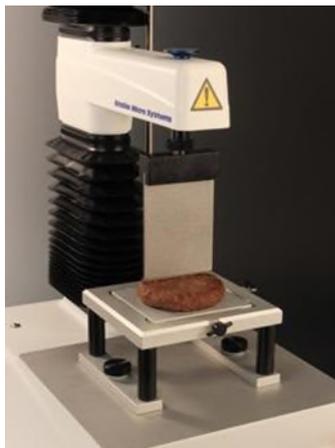


Abbildung 4: Warner-Bratzler-Schere (www.winopal.com)

korrelierten in hohem Maße ($r = 0,9$), sodass auch durch die NIRS-Analyse reliable Ergebnisse vorliegen. Proben, die IMF-Gehalte von >5 % aufwiesen, wurden während des gesamten Projektzeitraumes sowohl nasschemisch, als auch über die NIRS-Analytik untersucht. Für die nasschemische Analyse wurden jeweils ca. 5 g Muskelfleisch der Proben entnommen, homogenisiert und nasschemisch nach der Soxhlet- und Weibull-Stoldt Methode analysiert. Die Rohfettbestimmung erfolgte durch Extraktion mit vorangehender Hydrolyse. Nach der Säurehydrolyse wurde die Probe in eine Hydrolysefritte überführt und mit einem Lösungsmittel mittels Soxhlet Apparatur analysiert (Arneth, 1998). Proben, die eine benötigte Dicke von 2,5 cm aufwiesen standen zusätzlich für die Scherkraft-Analyse bereit. 60 Proben konnten nach dem Auftauvorgang auf 2,5 cm zugeschnitten werden. Vor der tatsächlichen Scherkraftanalyse erfolgte jedoch noch die Analyse des Grillverlustes. Nach dem Trockentupfen der Proben wurde die Probe gewogen. Anschließend wurde die einzelnen Proben bei einer Kerntemperatur von 70 °C auf einem Kontaktgrill gegrillt. Nach dem Grillvorgang wurde die Probe auf Filterpapier für 5 Minuten zum Auskühlen bereitgelegt und danach zur Berechnung des Grillsaftverlustes erneut gewogen.

Mittels Stechzylindern wurden anschließend fünf Stanzproben von 1,27 cm, verteilt über die gesamte Fleischlänge, nach einem festen Schema (Seenger et al., 2005) ausgeschnitten. Diese Einzelproben wurden jeweils durch die Warner-Bratzler-Schere (V-förmig, 1 mm dicke Klinge) (**Abb. 4**) mit einer Schergeschwindigkeit von 4,5 mm/s geschnitten. Aus den jeweiligen Einzelproben wurde ein Mittelwert errechnet. Ergebnisse dieses Arbeitspakets wurden zur Veröffentlichung in der Fachzeitschrift „Züchtungskunde“ eingereicht.

Wie bereits unter 1.1 erwähnt, wurden in **AP2** von TierZucht-GI 6 Datenlogger (Tinytag Plus 2 TGP-4500, Gemini Data Loggers) zur Klimaaufzeichnung (Temperatur und Luftfeuchte) auf ausgewählten Betrieben aufgehängt, und anschließend der THI berechnet. Weiterhin wurden von TierZucht-GI zu Projektbeginn Merkmalsdaten der routinemäßigen Leistungsprüfung beim VIT (Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.) angefordert und aufbereitet. Diese Daten (Geburtsgewichte (GG), 200 Tage- und 365 Tage-Gewichte (200TG bzw. 365TG), Kalbungen, Totgeburten (TG), Abstammung) wurden in den beiden darauffolgenden Projektjahren erneut angefordert und der Datensatz somit um Daten neu hinzugekommener Tiere ergänzt. Aus den Daten der Gewichte konnten die 200 Tage-Zunahmen (200TZ) und die 365 Tage-Zunahmen (365TZ) und aus den Daten der Kalbungen zusätzlich die Zwischenkalbezeit (ZKZ) errechnet werden. Der finale Datensatz umfasste den Zeitraum von 2000 bis Mitte 2020 und enthielt 5.434 Geburtsgewichte, 3.679 200 Tage-Gewichte, 2.998 365 Tage Gewichte, 2.811 Zwischenkalbezeiten und 9.293 Informationen zum Geburtsstatus. Der finale Pedigree-Datensatz enthielt 23.518 Nachkommen, 6.763 Muttertiere und 1.300 Bullen. Die Betriebe wurden vom VIT anonymisiert und lediglich mit ihrer zugehörigen Postleitzahl versehen. Das machte es möglich unter Nutzung des „Geosphere“-Pakets in R (Hijmans et al., 2016) mittels Koordinaten den Betrieben die jeweils nächstgelegene Wetterstation zuzuordnen. Die Klimadaten dieser Wetterstationen wurden anschließend für den gleichen Zeitraum heruntergeladen und konnten ebenfalls für die Berechnung des THI genutzt werden. Bei der Berechnung des THI kam folgende Formel zum Einsatz:

$$\text{THI} = (1.8 \times T \text{ } ^\circ\text{C} + 32) - (0.55 - 0.0055 \times \text{RH } \%) \times (1.8 \times T \text{ } ^\circ\text{C} - 26) \text{ (NRC, 1971)}$$

Aus dem errechneten THI wurde ein gemittelter THI (**mTHI**) berechnet, der sich auf unterschiedliche Beobachtungszeiträume vor und nach der Kalbung bzw. der Geburt bezog (7, 42 und 56 Tage). Für die Merkmale Geburtsgewicht und Geburtsstatus (Totgeburt oder lebend geboren) wurden lediglich die Zeiträume vor der Geburt ausgewertet. Für die Merkmale 200 Tage-Zunahme, 365 Tage-Zunahme und Zwischenkalbezeit wurden die Zeiträume vor und nach der Geburt analysiert. Der mTHI wurde zusätzlich in 4 Klassen eingeteilt: Klasse 1: mTHI \leq 39, Klasse 2: mTHI 40 bis 49, Klasse 3: mTHI 50 bis 59 und Klasse 4: mTHI \geq 60. Außerdem wurde die Anzahl der Hitzetage (**nHS** = Tage mit mTHI \geq 60) in den jeweiligen Beobachtungszeiträumen gezählt und ebenfalls in Klassen eingeteilt:

7 Tage-Zeitraum: Klasse 1: 0 bis 2 Tage, Klasse 2: 3 bis 5 Tage, Klasse 3: 6 bis 7 Tage;

42 Tage-Zeitraum: Klasse 1: 0 bis 10 Tage, Klasse 2: 11 bis 20 Tage, Klasse 3: 21 bis 30 Tage, Klasse 4: 31 bis 42 Tage;

56 Tage-Zeitraum: Klasse 1: 0 bis 10 Tage, Klasse 2: 11 bis 20 Tage, Klasse 3: 21 bis 30 Tage, Klasse 4: 31 bis 40 Tage, Klasse 5: 41 bis 56 Tage.

Anschließend wurden alle Merkmale hinsichtlich ihrer Beeinflussung durch das Klima (mTHI- und nHS-Klassen) untersucht. Dabei kamen zwei unterschiedliche Ansätze zum Einsatz. Zum einen wurden die beiden Hitzestress-Indikatoren mTHI- und nHS-Klasse, als innerhalb der Saison genestete Effekte berücksichtigt. Zum anderen wurden die beiden Hitzestress-

Indikatoren und die Saison als separate fixe Effekte betrachtet. Für die statistische Auswertung wurde das Statistikprogramm SAS University Edition (SAS Institute, Cary, NC, USA) genutzt. Dabei kamen sowohl lineare gemischte Modelle als auch generalisierte lineare gemischte Modelle zum Einsatz. Diese sind im Folgenden erläutert:

Modell 1 diente der Analyse des Einflusses des mTHI, gemessen für verschiedene Zeiträume auf das GG, die 200TZ und die 365TZ:

$$y_{ijklmn} = \mu + c_i + p_j + f_k + g_m + s(c)_{li} + e_{ijklmn} \quad [1]$$

wobei y = Beobachtungen für GG, 200TZ oder 365TZ; μ = allgemeiner Mittelwert; c_i = fixer Effekt für mTHI-Klasse (1, 2, 3, 4) im 7 Tage-, 42 Tage- oder 56 Tage-Zeitraum; p_j = fixer Effekt der Laktationsgruppe (1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 und ≥ 8); f_k = fixer Effekt des Betriebs (1 bis 162); g_m = fixer Effekt des Geschlechts (männlich oder weiblich); $s(c)_{li}$ = fixer Effekt des mTHI während der Zeiträume, genestet innerhalb der Kalbesaison (Winter, Frühling, Sommer, Herbst); und e_{ijklmn} = Resteffekt.

Zur Analyse des Einflusses der Anzahl Hitzetage auf das GG, die 200TZ und die 365TZ wurde das zweite Modell wie folgt formuliert:

$$y_{ijklmn} = \mu + c_i + p_j + f_k + g_m + s(c)_{li} + e_{ijklmn} \quad [2]$$

wobei y = Beobachtungen für GG, 200TZ oder 365TZ; μ = allgemeiner Mittelwert; c_i = fixer Effekt für nHS-Klasse (1, 2, 3, 4, 5) im 7 Tage-, 42 Tage- oder 56 Tage-Zeitraum; p_j = fixer Effekt der Laktationsgruppe (1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 und ≥ 8); f_k = fixer Effekt des Betriebs (1 bis 162); g_m = fixer Effekt des Geschlechts (männlich oder weiblich); $s(c)_{li}$ = fixer Effekt der nHS während der Zeiträume, genestet innerhalb der Kalbesaison (Winter, Frühling, Sommer, Herbst); und e_{ijklmn} = Resteffekt.

Für die Analyse des Einflusses von mTHI und nHS auf das Kalbeintervall, wurden die Modelle an die Modelle 1 und 2 angelehnt. Allerdings wurde hier der Effekt des Geschlechts ausgeschlossen. Generalisierte lineare gemischte Modelle mit einer Logit-Link-Funktion wurden zur Berechnung des Einflusses von mTHI (**Modell 3**) und nHS (**Modell 4**) auf die binäre Variable TG genutzt:

$$\text{Logit}(p_{ijklm}) = \mu + c_i + p_j + s_k + f_l + a_m \quad [3]$$

wobei p_{ijklm} = Wahrscheinlichkeit einer TG; μ = allgemeiner Mittelwert; c_i = fixer Effekt der mTHI-Klasse (1, 2, 3, 4) im 7 Tage-, 42 Tage- oder 56 Tage a.p.-Zeitraum; p_j = fixer Effekt der Laktationsgruppe (1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 und ≥ 8); s_k = fixer Effekt der Kalbesaison (Winter, Frühling, Sommer, Herbst); f_l = zufälliger Effekt des Betriebs (1 bis 124); a_m = zufälliger Effekt des Tieres.

$$\text{Logit}(p_{ijklm}) = \mu + c_i + p_j + s_k + f_l + a_m \quad [4]$$

wobei p_{ijklm} = Wahrscheinlichkeit einer TG; μ = allgemeiner Mittelwert; c_i = fixer Effekt der nHS-Klasse (1, 2, 3, 4, 5) im 7 Tage-, 42 Tage- oder 56 Tage a.p.-Zeitraum; p_j = fixer Effekt der Laktationsgruppe (1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 und ≥ 8); s_k = fixer Effekt der Kalbesaison (Winter, Frühling, Sommer, Herbst); f_l = zufälliger Effekt des Betriebs (1 bis 124); a_m = zufälliger Effekt des Tieres.

Der Schwellenwert für Signifikanz lag für alle Modelle bei $P < 0,05$.

Erste Ergebnisse wurden von der wissenschaftlichen Mitarbeiterin Kathrin Halli auf der 70. Jahrestagung der Europäischen Vereinigung für Tierwissenschaften (EVT Jahrestagung 2019, 26. – 30.08.2019) in Gent, Belgien im Rahmen eines Vortrages vorgestellt. Die finalen Ergebnisse dieser Auswertungen wurden 2020 in der internationalen Fachzeitschrift „Translational Animal Science“ unter dem Titel „Time-lagged and acute impact of heat stress on production and fertility traits in the local dual-purpose cattle breed ‘Rotes Höhenvieh’ under pasture-based conditions“ (Halli et al., 2020) veröffentlicht und lieferten wichtige Vorabinformationen für die weitere statistische Vorgehensweise in den darauffolgenden Arbeitspaketen. In diesem Kontext wurde auch eine Bachelorarbeit mit dem Titel: „Untersuchungen zum Einfluss unterschiedlicher Klimazonen und -regionen in Deutschland sowie des Temperature-Humidity Index auf Merkmale der Gewichtsentwicklung und Zwischenkalbezeit beim Roten Höhenvieh“, erstellt.

In **AP3** sollten von TierZucht-GI genetische Parameter und Zuchtwerte für die Merkmale der routinemäßigen Leistungsprüfung auf Basis weiterentwickelter genetisch-statistischer Modelle geschätzt werden. Die Berechnungen der (Ko)Varianzkomponenten, Heritabilitäten und Korrelationen beruhten auf demselben Datensatz der bereits für AP2 als Grundlage diente und erfolgte unter Nutzung des AI-REML Algorithmus mit dem DMU Software Paket (Madsen und Jensen, 2013). Dabei wurden 2-Merkmal-Modelle definiert, in denen die unterschiedlichen mTHI- und nHS-Klassen als unterschiedliche Merkmale betrachtet wurden. Basierend auf den Ergebnissen aus den vorangegangenen Berechnungen in AP2 wurden die Berechnungen für AP3 auf ausgewählte Zeiträume vor und nach der Kalbung bzw. der Geburt beschränkt (GG: 7 Tage-Zeitraum vor der Kalbung, 200TZ und 365TZ: 56 Tage-Zeitraum vor und nach der Geburt). Die entsprechenden bivariaten Tiermodelle sind im Folgenden in Matrix-Schreibweise dargestellt:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{y}_1 \\ \mathbf{y}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_1 & 0 \\ 0 & \mathbf{X}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{b}_1 \\ \mathbf{b}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_1 & 0 \\ 0 & \mathbf{Z}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{u}_1 \\ \mathbf{u}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \end{bmatrix}$$

wobei \mathbf{y}_1 und \mathbf{y}_2 das GG, die 200TZ oder die 365TZ in zwei unterschiedlichen klimatischen Umgebungen repräsentieren. Die Vektoren der Merkmale 1 (\mathbf{b}_1) und 2 (\mathbf{b}_2) beinhalten den fixen Effekt der Laktationsgruppe, des Betriebs, der Kalbesaison und des Geschlechts; \mathbf{u}_1 und \mathbf{u}_2 sind Vektoren des additiv-genetischen Tiereffekts der zwei Merkmale; und \mathbf{e}_1 und \mathbf{e}_2 sind Vektoren des zufälligen Resteffekts für beide Merkmale. \mathbf{X}_1 , \mathbf{X}_2 , \mathbf{Z}_1 und \mathbf{Z}_2 sind Inzidenzmatrizen für \mathbf{b}_1 , \mathbf{b}_2 , \mathbf{u}_1 , und \mathbf{u}_2 .

Die Varianz-(Ko)Varianz Struktur der Zufälligen Effekte war:

$$\text{var} \begin{bmatrix} \mathbf{u}_1 \\ \mathbf{u}_2 \\ \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{g}_{11}\mathbf{A} & \mathbf{g}_{12}\mathbf{A} & 0 & 0 \\ \mathbf{g}_{21}\mathbf{A} & \mathbf{g}_{22}\mathbf{A} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \mathbf{r}_{11} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \mathbf{r}_{22} \end{bmatrix}$$

wobei \mathbf{g}_{11} und \mathbf{g}_{22} additiv-genetische Varianzen der zwei Merkmale waren; \mathbf{g}_{12} und \mathbf{g}_{21} waren additive-genetische (Ko)Varianzen zwischen beiden Merkmalen; \mathbf{A} war die additive-genetische Verwandtschaftsmatrix basierend auf Pedigree-Daten von mindestens 3 Generationen zurück und \mathbf{r}_{11} und \mathbf{r}_{22} waren Restvarianzen beider Merkmale.

Aufgrund der Methodik der Zwei-Merkmals-Modellierung die in einer Serie von bivariaten Berechnungen erfolgte, ergaben sich wiederholte Varianzkomponenten und Heritabilitäten im selben Merkmal für die gleiche Klasse eines HS-Indikators und den gleichen Zeitraum, die gemittelt und in den Ergebnissen entsprechend dargestellt wurden. Außerdem lagen Zuchtwerte für das gleiche Individuum im gleichen Merkmal, HS-Indikator und Zeitraum vor. Für die 10 Bullen mit den meisten Nachkommen (mit mehr als 180 phänotypisierten Nachkommen) wurde anschließend ein gemittelter Zuchtwert in Abhängigkeit der Hitzestress-Indikatoren berechnet. Die Ergebnisse dieser Auswertung wurden Anfang 2021 zur Veröffentlichung beim Journal of Animal Science unter dem Titel „Heat stress during late pregnancy and postpartum influences genetic parameter estimates for birth weight and weight gain in dual-purpose cattle offspring generations“ eingereicht. Das Manuskript wurde am 24.03.2021 zur Veröffentlichung akzeptiert. Im gleichen Zuge wurden die individuellen Zuchtwerte für die untersuchten Merkmale geschätzt und können für Selektions- und Anpaarungsentscheidungen in der Praxis genutzt werden.

In **AP4** sollte TierZucht-GI unter Berücksichtigung der als wesentlich identifizierten Umwelt- und Fütterungseffekte genetische (Ko)Varianzkomponenten für die neuen Merkmale der Fleischqualität schätzen. Dazu wurden auf Basis der genomischen Verwandtschaften auch Fleischproben anderer extensiv gehaltener Fleischrinderrassen (Angus, Glanrind und Gelbvieh) einbezogen. Außerdem wurden insgesamt 384 Tiere genotypisiert, da die zusätzliche genomische Information die Genauigkeit und Zuverlässigkeit der genomischen Zuchtwerte erhöht (was im Rahmen des Projekts auch nachgewiesen wurde). Unter den genotypisierten Tieren waren 351 RHV-, 24 Angus- und 9 Gelbvieh-Tiere. Die genotypisierung der Proben erfolgte am Tierärztlichen Institut der Georg-August-Universität Göttingen unter Nutzung des High Density (HD) SNP Chips (Illumina BovineHD BeadChip) mit 777.963 Markern. Die Auswahl der genotypisierten Tiere erfolgte zum einen anhand der Vollständigkeit des Datensatzes (IMF-Information und möglichst vollständige Angabe aller Faktoren, die im Modell berücksichtigt wurden). Weiter wurde darauf geachtet, dass auch die genetische Variation über Markerdaten möglichst breit und vollständig abgedeckt war. Die IMF-Daten stammten von insgesamt 605 Tieren aus 29 verschiedenen Betrieben. Das ist ein wirklich umfassender Datensatz für genomische Studien für Fleischqualitätsmerkmale in der extensiven Fleischrinderzucht. Das Vorgehen bei der Probennahme und der Analyse wurde bereits an früherer Stelle beschrieben.

Der IMF-Datensatz wurde zunächst auf Betriebe, die mindestens 4 Proben geliefert hatten, begrenzt. Eine Ausreißerkontrolle für dieses Merkmal erfolgte nicht, um auch die hohen IMF-Werte in die Auswertung mit einzuschließen. Nach tiefgreifender Überprüfung handelte es sich nämlich bei den Extremwerten nicht um Fehlangaben oder Ausreißer, sondern um reale Daten, die die Variation für Fleischqualität innerhalb RHV reflektieren. Es wurden 547 Werte von Tieren aus 12 verschiedenen Betrieben für die weitere Analyse berücksichtigt. Der Pedigree-Datensatz enthielt Informationen für 9.338 Tiere, 3.284 Muttertiere und 544 Bullen. Mit der Software PLINK wurde eine Qualitätskontrolle der SNP-Daten durchgeführt. SNPs mit einer Rate $<0,90$ und einer Allelfrequenz $<0,05$ wurden dadurch ausgeschlossen. Alle genotypisierten Tiere wiesen einen Grenzwert des Hardy-Weinberg-Gleichgewichts von 0,0001 auf. Es wurden Einmerkmals-Modelle und Mehrmerkmals-Modelle (Einbezug der Merkmale GG, 200TG, 365TG und intramuskulärer Fettgehalt (IMF)) angewendet, um die genetischen (Ko)Varianzkomponenten für das Merkmal IMF zu schätzen. Der Einbezug mehrerer Merkmale in einem Modell erhöht die Genauigkeit der im Modell berechneten Schätzwerte.

Um das Klima als Faktor im Modell zu integrieren, wurde der Faktor „Jahreszeit innerhalb Jahr“ definiert. Dafür wurden zunächst Jahreszeiten gebildet und codiert (Winter (1) = Dezember, Januar, Februar; Frühling (2) = März, April, Mai; Sommer (3) = Juni, Juli, August; Herbst (4) = September, Oktober, November). Anschließend wurden die Jahreszeiten den einzelnen Jahren zugeordnet. Eine Probe, die von einem Tier stammte, das im Winter 2020 geschlachtet wurde, bekam demnach die Codierung „12019“ zugeordnet. Dadurch entstanden 13 verschiedene Klassen. Sowohl die Einmerkmals- als auch die Mehrmerkmals-Modelle wurden auf Pedigree-Ebene (A-Matrix), genomischer Ebene (G-Matrix) und auf kombinierter Ebene (H-Matrix (A + G)), sowohl ohne, als auch unter Einbezug des maternal genetischen Effekts durchgeführt. Die genetischen Parameter und die (genomischen) Zuchtwerte wurden mit dem AIREMLF90-Programm (Misztal et al., 2002) mit der Software BLUPF90 (Misztal et al., 2014) geschätzt. Aufgrund der Vielzahl der Modelle werden im Folgenden lediglich die Ergebnisse mit der höchsten Genauigkeit erläuternd dargestellt. Dabei handelt es sich um die Modelle, die die Pedigree-Informationen und die Daten der genomischen Analysen miteinander kombinieren (H-Matrix). In den Ergebnissen werden sowohl die Ergebnisse der Einmerkmals-Modelle ohne als auch mit maternal genetischem Effekt, sowie die Ergebnisse des Mehrmerkmals-Modells ohne maternalen genetischen Effekt dargestellt. Die entsprechenden statistischen Modelle sind nachfolgend formuliert.

Gemischtes lineares Einmerkmals-Tiermodell ohne (**Modell 1**) bzw. mit maternal genetischen Effekt (**Modell 2**):

$$y = X\beta + Za + e$$

wobei y den Vektor der abhängigen Variable „IMF“ repräsentiert, β ist der Vektor aller fixen Effekte (Betrieb (1 - 12), Rasse (RHV, Angus und Gelbvieh), Jahreszeit innerhalb des Jahres (1 - 13), Geschlecht (Bulle, Ochse, weiblich)), bzw. der Kovariable „Schlachtalter“, α ist der Vektor der zufälligen Effekte (additiv genetischer Effekts des Tieres und maternal genetischer Effekt), e ist der Vektor des zufälligen Resteffekts und X und Z sind die Inzidenzmatrizen für die korrespondierenden Effekte.

Der Datensatz für das Mehrmerkmals-Tiermodell wurde in den Merkmalen GG, 200TG und 365TG vor der Analyse auf Ausreißer (Mittelwert \pm 3x Standardabweichung) korrigiert. Außerdem wurde der Datensatz der GG, der 200TG und der 365TG jeweils auf Tiere von Betrieben mit mindestens 9 Beobachtungen begrenzt. Für den IMF wurde in gleicher Weise verfahren wie für die Einmerkmalsmodelle. Danach blieben für das Merkmal GG 6.004 Werte von Tieren aus 90 verschiedenen Betrieben, für das Merkmal 200TG 5.720 Werte von Tieren aus 111 verschiedenen Betrieben und für das Merkmal 365TG 4.595 Werte von Tieren aus 96 verschiedenen Betrieben für die weitere Analyse bestehen.

Mehrmerkmals-Tiermodell ohne maternal genetischen Effekt in Matrix-Schreibweise (**Modell 3**):

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \\ y_4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & X_4 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \\ b_4 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & Z_4 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \\ e_4 \end{bmatrix}$$

Wobei y_1 , y_2 , y_3 und y_4 die abhängigen Variablen (GG, 200TG, 365TG und IMF) repräsentieren, b_1 , b_2 , b_3 und b_4 die Vektoren der fixen Effekte, bzw. der Kovariable der zugehörigen Merkmale sind (b_1 = Geburtsbetrieb, Jahreszeit der Geburt innerhalb des

Geburtsjahres, Geschlecht (m, w); $b_2 = 200$ Tage-Betrieb, Jahreszeit bei Wiegung des 200 Tage-Gewichts innerhalb des Jahres, Geschlecht (m, w), 200 Tage-Alter (Kovariable); $b_3 = 365$ Tage-Betrieb, Jahreszeit bei Wiegung des 365 Tage-Gewichts innerhalb des Jahres, Geschlecht (m, w), 365 Tage-Alter (Kovariable); $b_4 =$ Beprobungsbetrieb, Jahreszeit bei Schlachtung, Geschlecht (B, O, w), Schlachtalter (Kovariable), $\mathbf{a}_1, \mathbf{a}_2, \mathbf{a}_3$ und \mathbf{a}_4 die Vektoren für den zufälligen additiven genetischen Effekt und $\mathbf{e}_1, \mathbf{e}_2, \mathbf{e}_3$ und \mathbf{e}_4 für den Resteffekt der zugehörigen Merkmale stehen. $\mathbf{X}_1, \mathbf{X}_2, \mathbf{X}_3$ und \mathbf{X}_4 , sowie $\mathbf{Z}_1, \mathbf{Z}_2, \mathbf{Z}_3$ und \mathbf{Z}_4 sind die Inzidenzmatrizen, die die Elemente von $\mathbf{b}_1, \mathbf{b}_2, \mathbf{b}_3$ und \mathbf{b}_4 und $\mathbf{a}_1, \mathbf{a}_2, \mathbf{a}_3$ und \mathbf{a}_4 mit y_1, y_2, y_3 und y_4 verbinden.

Die Varianz-Kovarianzstruktur ist nachfolgend beschrieben:

$$\text{var} \begin{bmatrix} \mathbf{a}_1 \\ \mathbf{a}_2 \\ \mathbf{a}_3 \\ \mathbf{a}_4 \\ \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \\ \mathbf{e}_3 \\ \mathbf{e}_4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{g}_{11}\mathbf{A} & \mathbf{g}_{12}\mathbf{A} & \mathbf{g}_{13}\mathbf{A} & \mathbf{g}_{14}\mathbf{A} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \mathbf{g}_{21}\mathbf{A} & \mathbf{g}_{22}\mathbf{A} & \mathbf{g}_{23}\mathbf{A} & \mathbf{g}_{24}\mathbf{A} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \mathbf{g}_{31}\mathbf{A} & \mathbf{g}_{32}\mathbf{A} & \mathbf{g}_{33}\mathbf{A} & \mathbf{g}_{34}\mathbf{A} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \mathbf{g}_{41}\mathbf{A} & \mathbf{g}_{42}\mathbf{A} & \mathbf{g}_{43}\mathbf{A} & \mathbf{g}_{44}\mathbf{A} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \mathbf{r}_{11} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \mathbf{r}_{22} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \mathbf{r}_{33} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \mathbf{r}_{44} \end{bmatrix}$$

Wobei $\mathbf{g}_{11}, \mathbf{g}_{22}, \mathbf{g}_{33}$ und \mathbf{g}_{44} die additiv genetischen Varianzen der 4 Merkmale darstellen; $\mathbf{g}_{12}, \mathbf{g}_{13}, \mathbf{g}_{14}, \mathbf{g}_{21}, \mathbf{g}_{23}, \mathbf{g}_{24}, \mathbf{g}_{31}, \mathbf{g}_{32}, \mathbf{g}_{34}, \mathbf{g}_{41}, \mathbf{g}_{42}$ und \mathbf{g}_{43} für die additiv genetischen Kovarianzen zwischen den 4 Merkmalen stehen; \mathbf{A} ist die additiv genetische Verwandtschaftsmatrix basierend auf den Pedigree-Daten und $\mathbf{r}_{11}, \mathbf{r}_{22}, \mathbf{r}_{33}$ und \mathbf{r}_{44} sind die Restvarianzen der 4 Merkmale.

Eine im Rahmen des Projekts durchgeführte Bachelorarbeit beschäftigte sich mit der genetischen Analyse einer ersten Stichprobe der auf Qualität untersuchten Fleischproben in Hinblick auf mit der Fleischqualität in Verbindung stehender Gene (z.B. *DGATI* und *FABP4*). Im Rahmen dieser Arbeit wurden Allelfrequenzen geschätzt und die Genvarianten mit Fleischqualitätsmerkmalen assoziiert. Dabei handelte es sich um entscheidende Vorarbeiten für die Weiterentwicklung der Zuchtwertschätzung unter Berücksichtigung genomischer Information.

Das methodische Vorgehen bei den DNA-basierten Tests zur Typisierung von SNPs in Genen, die laut Literatur mit Fleischqualität in Verbindung stehen und im Rahmen des Projektes analysiert werden sollten, sind im Folgenden beschrieben. Sämtliche Analysen dazu wurden gemäß Projektantrag im Labor vom Projektpartner der Universität Gießen durchgeführt.

Aus dem Muskelgewebe wurden zunächst 0,05 g eingewogen. Unter Nutzung des NucleoSpin®Tissue-Kits (Macherey-Nagel) wurde die DNA der Proben extrahiert. Jede DNA-Probe wurde auf eine Konzentration zwischen 80 und 120 ng pro μL eingestellt. Danach erfolgte eine Polymerase-Kettenreaktion (PCR), wobei anschließend mittels Agarose Gel-Elektrophorese überprüft wurde, ob die PCR erfolgreich war. Alle Primer wurden mit Hilfe der Primer3 Software (Rozen und Skaletsky, 2000) ausgewählt und von der Firma Microsynth AG (Balgach, Schweiz) synthetisiert. Anschließend wurden die PCR-Produkte mittels Restriktionsenzymen gespalten, wodurch, je nach Genvariante, unterschiedlich lange DNA-Fragmente entstanden. Die PCR-Produkte wurden gemeinsam mit dem jeweiligen Restriktionsenzym für 2 h bei 37 °C inkubiert. Die DNA-Banden wurden nach der Elektrophorese mittels UV-Licht sichtbar gemacht und für die anschließende Auswertung fotografiert. Alle PCR-RFLP-Fragmente wurden durch elektrophoretische Auftrennung in

Agarosegelen (Konzentrationen in **Tabelle 2**) visualisiert und mit Hilfe von kommerziellen Größenmarkern ausgewertet. Das genspezifische Vorgehen ist nachfolgend erläutert:

Ein im Exon 9 des Gens *CAPNI* (Calcium activated neutral protease) lokalisierter SNP Marker (Marker 316) codiert die Genotypen CC, CG und GG. Der g.5709C>G-SNP (GenBank Acc. Nr. AH009246) ist assoziiert mit dem „tenderness score“, wobei der CC-Genotyp mit einer erhöhten Zartheit einhergeht (Page et al., 2004) und das g.5709*C-Allel damit das favorisierte Allel ist. Zur Typisierung im vorhandenen Tiermaterial wurde mit Hilfe der in der **Tabelle 2** beschriebenen Primer ein PCR-Produkt von 441 bp erzeugt. Bei 37 °C wurden die PCR-Produkte 1 h mit der Restriktionsendonuclease *BtgI* (New England Biolabs, Frankfurt a. M.) inkubiert. Bei Vorliegen des Allels g.5709*C erfolgte eine Spaltung des PCR-Produktes in zwei Fragmente von 167 bp und 212 bp.

Ein r.455A>G-SNP (GenBank Acc. Nr. DQ991097) in der 3'-UTR des *CAST* (Calpastatin)-Gens codiert die Genotypen AA, GA und GG und zeigte einen Einfluss auf die Zartheit von Fleisch. Dabei ist das favorisierte A-Allel mit einer erhöhten Zartheit assoziiert (Rivera-Prieto et al., 2015). Die in **Tabelle 2** dargestellten Primer wurden genutzt, um ein 143 bp großes PCR-Produkt zu etablieren, welches im Anschluss mit Hilfe des Enzyms *DdeI* (New England Biolabs, Frankfurt a. M.) für den r.455A>G-SNP typisiert wurde. Bei Vorliegen des Allels r.455*A entstehen die Restriktionsfragmente 81 bp und 62 bp.

Der Einfluss des *DGATI* (Diacylglycerol-O-Acyltransferase 1)-Gens auf den IMF (Thaller et al., 2003) und die Rückenfettdicke (Avilés et al. 2013) wurde bereits beschrieben. Die in **Tabelle 2** aufgelisteten Primer wurden genutzt, um ein 357 bp großes PCR-Produkt zu erzeugen, um den bedeutenden *DGATI**A232K-Aminosäureaustausch auf DNA-Ebene typisieren zu können. Die SNPs g.6829A>G und g.6830A>C (GenBank Acc. Nr. AY065621) sind die zugrundeliegenden Sequenzunterschiede, die an Position 232 des reifen Proteins den Aminosäureaustausch von Lysin (*DGAT**K232) zu Alanin (*DGAT**A232) bedingen. g.6829A>G erzeugt in Kombination mit einem fehlgepaarten Vorwärts-Primer (artificially created restriction site-PCR; ACRS-PCR; fehlgepaarte Base in **Tabelle 2** = fett und großgeschrieben) eine Erkennungsstelle für das Restriktionsenzym *HpyI88I* (New England Biolabs, Frankfurt a. M.), wodurch das PCR-Produkt in die Fragmente 20 bp und 201 bp geschnitten wird. Zusätzlich entsteht bei beiden Varianten ein Kontrollfragment von 137 bp. Der SNP codiert die Genotypen AA, AG und GG die für die Aminosäurenkombinationen KK, AK und AA codieren, wobei der AA-Genotyp mit einer erhöhten Rückenfettdicke (Avilés et al. 2013) und einem erhöhten IMF (Thaller et al., 2001) assoziiert ist und damit das A-Allel das favorisierte Allel ist.

Außerdem wurde ein g.131C>G-SNP (GenBank Acc. Nr. KC660106) in der 3'-UTR des fatty acid binding protein (*FABP4*), der mit intramuskulärem Fett (Avilés et al., 2013; Michal et al., 2006) assoziiert ist, für das Tiermaterial typisiert. Hierzu wurde das Restriktionsenzym *AciI* (New England Biolabs, Frankfurt a. M.) genutzt, dessen Erkennungsstelle durch g.131*G zerstört wird. Bei Vorliegen des Allels g.131*C wird das 246 bp große PCR-Produkt (Primer siehe **Tabelle 2**) in Fragmente von 40 bp und 206 bp zerschnitten. Der SNP erzeugt die Genotypen CC, CG und GG, wobei der Genotyp GG mit einem erhöhten IMF (Avilés et al., 2013) bzw. einer tendenziell erhöhten Marmorierung (Michal et al., 2006) assoziiert ist. Das favorisierte Allel ist das G-Allel.

Ein im Intron 6 des für den Receptor-related orphan receptor C (*RORC*) codierenden Gens gelegener g.566T>G-SNP (GenBank Acc.No. KC660115) ist nach Avilés et al. (2013) und Barendse et al. (2010) assoziiert mit dem IMF. Zur eindeutigen Typisierung dieses SNPs mit Hilfe eines Restriktionsenzym musste über eine Fehlpaarung im Vorwärtsprimer (ACRS-PCR;

Tabelle 2, fettgeschriebene Base) eine künstliche Schnittstelle für das Restriktionsenzym *DraIII* (New England Biolabs, Frankfurt a. M.) erzeugt werden (siehe Beschreibung für *DGATI*). *DraIII* erzeugt bei Vorliegen des g.566*G-Allels Fragmente von 18 bp und 167 bp, wohingegen das ACRS-PCR-Produkt von 185 bp beim Allel g.566*T ungeschnitten bleibt. Der SNP codiert die Genotypen TT, TG und GG, wobei nach Barendse et al. (2010) das favorisierte Allel das g.566*T-Allel ist.

Ein SNP im Exon 1 des Thyroglobulin (*TG*)-Gens ist assoziiert mit der Fleischmarmorierung. Der SNP codiert die Genotypen TT, CT und CC, wobei der TT-Genotyp mit einem erhöhten IMF assoziiert ist (Anton et al., 2013; Thaller et al., 2003). Das T-Allel ist demnach das favorisierte Allel. Zur Typisierung des g.354C>T-SNP (GenBank Acc. No. KF202096) wurde das 545 bp große PCR-Produkt (**Tabelle 2**) mit dem Restriktionsenzym *MboI* (New England Biolabs, Frankfurt a. M.) bei 37°C für 1 Stunde inkubiert. Neben der Erkennungsstelle, die durch g.354*T zerstört wird, liegen im PCR-Produkt zwei weitere Erkennungsstellen für *MboI* vor, sodass bei Vorliegen des Allels g.354*C Fragmente mit den Längen 278 bp, 178 bp, 72 bp und 17 bp entstehen, wohingegen beim Allel g.354*T nur die Fragmente 278 bp, 195 bp und 72 bp erzeugt werden. Die Typisierung erfolgt also anhand der Unterscheidung der Banden bei 195 bp und 178 bp.

Zur statistischen Auswertung, ob und wie die Genvarianten die Fleischqualitätsmerkmale beeinflussten, wurde das Statistikprogramm SAS University Edition (SAS Institute, Cary, NC, USA) genutzt. Zunächst erfolgte eine Logarithmierung der IMF-Daten (log10), um eine annähernde Normalverteilung zu erstellen. Anschließend kamen lineare gemischte Modelle zum Einsatz. Diese sind im Folgenden erläutert:

$$y_{ijklmn} = \mu + v_i + b_j + g_k + s_l + f_m + e_{ijklmn}$$

wobei y = Beobachtungen für IMF-Werte; μ = allgemeiner Mittelwert; v_i = fixer Effekt für den Genotyp der Gene *CAST*, *DGATI*, *FABP4*, *RORC*, *CAPN* und *TG* (XX, XY oder YY); b_j = fixer Effekt der Rasse (RHV, Angus, Gelbvieh); g_k = fixer Effekt des Geschlechts (Bulle, Ochse oder weiblich); s_l = fixer Effekt der Jahreszeit innerhalb des Jahres; f_m = zufälliger Effekt des Betriebs und e_{ijklmn} = Resteffekt.

Der Schwellenwert für Signifikanz lag für dieses Modell ebenfalls bei $P < 0,05$.

Tabelle 2: Spezifische Zusammenfassung der PCR-Daten für die 6 unterschiedlichen Gene

PCR-Nr.	PCR-Name	Primer Vorwärts 5'-3' (GenBank Acc. Nr. und Lokalisation)	Primer rückwärts 5'-3' (GenBank Acc. Nr. und Lokalisation)	Mg Konz. (mM)	AT* (°C)	Zyklen (n)	Produktgröße (bp)	SNP	RFLP Enzym (Erkennungssequenz**)	RFLP-Fragmente	RFLP-Bedingungen	Literatur/ Test nach:
1	CAPN1- In8Fb- In9RB	ccacaccaccaccat ccctc (AH009246; g.511-5529)	tcagctccagctc tcaccagc (AH009246; g.5951-5932)	2,0	63	35	441	g.5709C>G	BclI (5'...C><CRYG G...3')	199 und 242 bp bei g.5709°C	37 °C, 1 h, 2,5 %iges Agarosegel	In TierZucht- GI etablierte PCR-RFLP- Bedingungen
2	CAST-3'- UTRF-3'- UTR-R	cattggaaacgatg ccctca (DQ991097; r.391-411)	catctgcccattcc acaatca (DQ991097; r.533-514)	2,5	56	35	143	r.455G>A	DdeI (5'...C><TNNAG ...3')	81 und 62 bp bei r.455*A	37 °C, 1 h, 3,5 %iges Agarosegel	Rivera-Prieto et al., 2015
3	DGAT1- ACRS- Ex8F- Ex10R	ctcgtagcttggcag gtCag (AY1065621, g.6808-6828) Fett = miss- paired Base zur Erzeugung einer künstlichen Schnittstelle für Hpy188I	gttaaaaaaacct ggcgaag (AY1065621, g.7164-7145)	2,5; plus 0,4 mM BSA	62	35	357	g.6829A>G und g.6830A>C (GC = DGAT1*A2 32, AA = DGAT1*K2 32)	Hpy188I (5'...T><GGCC R...3')	Kontrollfrag- ment 137 bp, 221 bp bei g.6829A (=DGAT1*K23 2)	37 °C, 2 h, 3,0 %iges Agarosegel	In TierZucht- GI etablierte PCR-RFLP- Bedingungen
4	FABP4- 3'-UTR- F-3'- UTR-R	ggagatcaacctca ttctct (KC660106; g.91-110)	attccatgctccacc tcctcg (KC660106; g.336-317)	2,5	64	35	246	g.131C>G	AclI (5'...G><CCG... 3')	206 und 40 bp bei g.131°C	37 °C, 1 h, 2,5 %iges Agarosegel	In TierZucht- GI etablierte PCR-RFLP- Bedingungen
5	RORC- In6Fb- In6Rb	accctacaacaacc acctGt (KC660115 g.544-565)	ccacgctctcaaca cttgctgt (KC660115 g.731-710)	3,0; plus 0,6 mM BSA	60	35	188	g.566T>G	DraIII (CACNNN><GT G)	20bp und 168bp bei g.566*G	37 °C, 1 h, 3,5 %iges Agarosegel	In TierZucht- GI etablierte PCR-RFLP- Bedingungen
6	TG-Ex1F- Ex1R	gggagatcaacga gtagactg (KF202096; g.1-23)	gtgaaaactgtg gagctctca (KF202096; g.545-523)	2,5	57	35	545	g.354C>T	MboI (5'...><GATC... 3')	278, 195, 72 bp bei g.354*T; 278, 178, 72 und 17 bp bei g.354*C	37 °C, 1 h, 3,5 %iges Agarosegel	Anton et al., (2013), Rivera-Prieto et al., (2015)

*AT = Annealingtemperatur

**R = A oder G; N = A oder C oder G oder T; Y = C oder T

In **AP5** sollten von TierZucht-GI Selektionsindizes und Gesamtzuchtwerte entwickelt werden, die die Merkmale der konventionellen Leistungsprüfung und der neuen Fleischqualitätsmerkmale sowie die geschätzten genetischen Parameter berücksichtigen. Mittels Selektionsindexmethodik wurde evaluiert, welche züchterische Strategie mit welchen wirtschaftlichen Gewichtungsfaktoren den höchsten Zuchtfortschritt pro Generation und die höchste Genauigkeit im Gesamtzuchtwert impliziert. Dazu wurde ein eigenes Selektionsindexprogramm der Arbeitsgruppe in Gießen, welches in der Computersprache R geschrieben ist, für die Strukturen in der Fleischrinderzucht angepasst und darüber hinaus so weiterentwickelt, dass auch Genotypisierungsergebnisse als Informationsquellen für die Zuchtwertschätzung berücksichtigt werden können. Es wurden vorrangig solche züchterischen Szenarien evaluiert (weitere Anpassungen für betriebliche Besonderheiten sind aber im Programm flexibel möglich), die auf Ergebnissen der Eigenleistungsprüfung des Selektionskandidaten und zusätzlich auf seinen Genotypisierungsergebnissen beruhen. Dabei wurden a) die Genauigkeiten der geschätzten Zuchtwerte und b) die ökonomischen Merkmalsgewichtungen im Zuchtziel je genetischer Standardabweichung variiert. Somit kann auch zukünftig für verbesserte genomische oder konventionelle Zuchtwertschätzungen mit höheren Genauigkeiten das passende Zuchtszenario gewählt werden. Auf die Darstellung der Programmierdetails wird hier verzichtet, aber gerne kann Zuchtorganisationen oder interessierten Züchtern der Programmcode zur Verfügung gestellt werden. Mit einer Anleitung sollte eine nutzerfreundliche Bedienung gegeben sein.

In **AP6** wurde der der IMF-Datensatz aus AP4 berücksichtigt, um für den Fleischqualitätsparameter IMF mögliche Genotyp-Umwelt (Klima)–Interaktionen nachweisen zu können. Angelehnt an das Vorgehen von AP2 und AP3 wurden mittels Berechnungen zu Koordinatensystemen den Betrieben die jeweils nächstgelegene Wetterstation zugeordnet. Die Klimadaten der entsprechenden Stationen wurden heruntergeladen und zur Berechnung des THI (Formel siehe AP2) genutzt. Ergänzt wurden diese Daten von Wetterstationen durch eigene engmaschige Klimaaufzeichnungen für einige Betriebe. Als relevanter Zeitraum wurden die 30 Tage vor der Schlachtung herangezogen. Für diesen Zeitraum wurde ein mittlerer THI (mTHI) berechnet. Jedem Tier konnte demnach ein mTHI-Wert für den 30-Tage-Zeitraum vor seiner Schlachtung zugeordnet werden. Um entsprechende Zeitgefährtengruppen für die Zuchtwertschätzung modellieren zu können wurden nur Betriebe mit mindestens 4 Datensätzen in den folgenden genetischen Analysen berücksichtigt. Der Datensatz umfasste danach noch 353 Tiere. Zur Berechnungen möglicher Genotyp-Klimainteraktion wurde mit Hilfe des R-Pakets „segmented“ (Muggeo, 2008) ein Regressionsmodell mit Change-Point-Schätzung definiert, um den mTHI-Schwellenwert zu berechnen, bei dem die lineare Verteilungslinie der IMF-Daten gebrochen wird. Das zugehörige Modell ist im Folgenden beschrieben:

$$y_{ijklmn} = \mu + f_i + s_j + y_{sk} + t_l + a_m + e_{ijklmn}$$

wobei y = Beobachtungen für IMF-Werte; μ = allgemeiner Mittelwert; f_i = fixer Effekt für den Betrieb (1 bis 12); s_j = fixer Effekt des Geschlechts (Bulle, Ochse oder weiblich); y_{sk} = fixer Effekt der Jahreszeit im Jahr (1 bis 12); t_l = Kovariable für mTHI 30 Tage vor der Schlachtung; a_m = Kovariable des Alters bei Schlachtung (Tage) und e_{ijklmn} = Resteffekt.

Dabei ergab sich ein Schwellenwert von mTHI = 50. Dementsprechend wurde der mTHI in zwei Klassen (Thermoneutrale Konditionen (mTHI < 50) und Hitzetress-Konditionen (mTHI ≥ 50)) aufgeteilt. Zur Berechnung möglicher Genotyp-Klimainteraktionen wurden anschließend 2-Merkmal-Modelle definiert, in denen der IMF entsprechend der mTHI-

Klassen als unterschiedliche Merkmale betrachtet wurden. Die bivariaten Tiermodelle sind im Folgenden in Matrix-Schreibweise dargestellt:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

wobei y_1 und y_2 den IMF in den zwei unterschiedlichen klimatischen Umgebungen repräsentieren. Die Vektoren der Merkmale 1 (\mathbf{b}_1) und 2 (\mathbf{b}_2) beinhalten den fixen Effekt des Betriebs, des Geschlechts, der Rasse und der Jahreszeit im Jahr; \mathbf{u}_1 und \mathbf{u}_2 sind Vektoren des additiv-genetischen Tiereffekts der zwei Merkmale; und \mathbf{e}_1 und \mathbf{e}_2 sind Vektoren des zufälligen Resteffekts für beide Merkmale. \mathbf{X}_1 , \mathbf{X}_2 , \mathbf{Z}_1 , und \mathbf{Z}_2 sind Inzidenzmatrizen für \mathbf{b}_1 , \mathbf{b}_2 , \mathbf{u}_1 , und \mathbf{u}_2 .

Die Varianz-(Ko)Varianz Struktur der Zufälligen Effekte war:

$$\text{var} \begin{bmatrix} \mathbf{u}_1 \\ \mathbf{u}_2 \\ \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{g}_{11}\mathbf{A} & \mathbf{g}_{12}\mathbf{A} & 0 & 0 \\ \mathbf{g}_{21}\mathbf{A} & \mathbf{g}_{22}\mathbf{A} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \mathbf{r}_{11} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \mathbf{r}_{22} \end{bmatrix}$$

wobei \mathbf{g}_{11} und \mathbf{g}_{22} additiv-genetische Varianzen der zwei Merkmale waren; \mathbf{g}_{12} and \mathbf{g}_{21} waren additive-genetische (Ko)Varianzen zwischen beiden Merkmalen; \mathbf{A} war die additive-genetische Beziehungsmatrix basierend auf Pedigree-Daten und \mathbf{r}_{11} und \mathbf{r}_{22} waren Restvarianzen beider Merkmale.

3. Ergebnisse

AP1: Insgesamt wurden 539 Proben von RHV-Tieren, 42 Angusproben, 22 Gelbviehproben und 2 Glanrindproben bezüglich IMF analysiert. Der mittlere IMF-Gehalt der Gesamtpopulation liegt bei 2,5 %. Die Werte streuen von 0,2 % IMF bis 22,9 % IMF. In diese Werte ist sowohl das Fleisch von Bullen und Altkühen als auch von Färsen und Ochsen einbezogen. Zwar wurde eine Vielzahl von Betrieben mit RHV-Tieren ausfindig gemacht, allerdings konnten nicht alle Betriebe verlässlich bzw. regelmäßig Fleischproben liefern. Darüber hinaus sind nicht alle RHV-Betriebe durchorganisierte Fleischerzeuger, sondern fokussieren sich auf die Zucht der Tiere ohne systematische Schlachtungen. Aufgrund der lokal breit gestreuten Fleischprobengewinnung ist dennoch davon auszugehen, dass die Ergebnisse dieses Projekts einen repräsentativen Gesamtüberblick über die vollständige RHV-Population liefern. Es sind sowohl die RHV-Betriebe aus einer der Ursprungsregionen der Rasse, dem Harz, als auch die zahlenmäßig größten RHV-Betriebe in diesem Projekt vertreten. Die vorliegende Studie fokussierte auf Betriebe, die in Züchtervereinigungen organisiert oder engen Kontakt zu Züchtervereinigungen haben. Es ist aber nicht auszuschließen, dass in Deutschland weitere RHV-Betriebe lokalisiert sind, die Rinder der Rasse RHV zur Fleischproduktion vermarkten.

Wie erwartet zeigte sich, dass vor allem das Färsen- und Ochsenfleisch höhere IMF-Gehalte aufwies. Allerdings streuten in allen Kategorien die Ausprägungen der Merkmale erheblich. Da insbesondere die Fleischproben von Färsen hohe IMF-Gehalte lieferten und auch eine geringe Zahl der Fleischproben von Ochsen mittlere bis hohe Werte zeigte, ist davon auszugehen, dass eine besondere Fleischqualität des Roten Höhenviehs nicht per se gewährleistet ist. Darüber hinaus wurden Betriebe mit besonders hohen mittleren IMF-Gehalten mehrfach besucht, um besondere Managementmaßnahmen oder überbetriebliche Zusammenarbeiten zu eruieren. Es stellte sich jedoch heraus, dass alle Betriebe von starker Heterogenität geprägt sind und nicht per se ein Betrieb besonders herausstach. Allerdings lieferten alle Betriebe mit mittleren IMF-Werten über 5 % regelmäßig Fleisch von Ochsen oder Färsen ab. Dies bestätigt die vorliegenden wissenschaftlichen Erkenntnisse, dass Färsen- und Ochsenfleisch weit höhere IMF-Anteile aufweist. Den RHV-Haltern wird deshalb ausdrücklich empfohlen, ebenfalls durch zielgerichtete Maßnahmen wie beispielsweise die frühe Kastration oder die Färsenmast die Grundlage für einen hohen IMF-Anteil im Fleisch zu stellen und durch eine gezielte Fütterung ein hohes Qualitätsniveau anzustreben.

AP2: Im Rahmen der phänotypischen Untersuchungen zu den Auswirkungen des Klimas auf die Merkmale der routinemäßigen Leistungsprüfung zeigte sich ein deutlich negativer Einfluss von extremen klimatischen Bedingungen, insbesondere von HS. Dabei zeigten sich die stärksten Beeinträchtigungen von hohem mTHI oder einer hohen nHS auf das Geburtsgewicht, wenn die Hitzebelastung vor Herbstgeburten auftrat. Ähnliche Ergebnisse zeigten sich für die Wahrscheinlichkeit für das Auftreten von Totgeburten, was auf eine erhöhte Sensitivität gegenüber Hitzestress während der grundsätzlich kühleren Herbstmonate hindeutete. Die Gewichtszunahmen (200 Tage-Zunahme und 365 Tage-Zunahme) wurden am stärksten durch Hitzestress während des 42 Tage-Zeitraums und des 56 Tage-Zeitraums nach der Geburt beeinträchtigt. Außerdem zeigte sich, dass Kälber, die im Sommer geboren wurden und vor oder nach der Kalbung unter Hitzestress litten, geringere Gewichtszunahmen aufwiesen als Kälber, die in kühleren Jahreszeiten geboren wurden. Verlängerte Zwischenkalbezeiten traten vor allem auf, wenn die Tiere nach Frühlingsgeburten unter Hitzestress litten, was ebenfalls auf eine erhöhte Sensitivität auf Hitze während der kühleren Jahreszeiten hinwies.

AP3: Bei der Schätzung genetischer Parameter und Zuchtwerte für die Merkmale der routinemäßigen Leistungsprüfung unter Einbezug von HS-Indikatoren in die erweiterten statistischen Modelle zeigten sich, je nachdem welcher Beobachtungszeitraum betrachtet wurde, direkte und zeitversetzte Effekte von klimatischem Stress auf die additiv genetischen Varianzen und Heritabilitäten aller untersuchten Merkmale. Besonders hoben sich dabei die Effekte von Hitzestress hervor. Teilweise zeigten sich aber auch Effekte durch Kältestress. Aufgrund der höheren Heritabilitäten kann der Zuchterfolg für Leistungsmerkmale erhöht sein, wenn die Muttertiere während der Spätträchtigkeit unter Hitzestress leiden oder wenn die Kälber in den ersten Lebenswochen Hitzestress ausgesetzt sind, was auf eine ausgeprägtere genetische Differenzierung aufgrund zeitversetzter klimatisch schwieriger Gegebenheiten hindeutet. Aus genetischer Perspektive können derartige Ergebnisse mit genomischen Modifikationen (Epigenetik) in Verbindung stehen, die durch intrauterinen Hitzestress während der Spätträchtigkeit verursacht werden. Um diese Hypothese bestätigen zu können, sind jedoch weitere Untersuchungen auf molekulargenetischer Ebene erforderlich. Der Einfluss von Hitzestress, ob intrauterin oder direkt, zwischen unterschiedlichen mTHI- und nHS-Klassen verursachte im gleichen Merkmal genetische Korrelationen <0.8 , was auf Genotyp-Umweltinteraktionen hinweist. In Abhängigkeit der klimatischen Gegebenheiten ergaben sich zusätzlich substantielle Änderungen der Zuchtwerte ausgewählter Bullen (Bullen mit mehr als 180 Nachkommen) für die untersuchten Leistungsmerkmale, was diese Ergebnisse unterstützt. Die starke Variation der Zuchtwerte über die mTHI- und nHS-Klassen hinweg eröffnet Möglichkeiten bei einer gezielten Bullenselektion in Hinblick auf eine verbesserte Robustheit von extensiv gehaltenen Rassen wie dem Roten Höhenvieh.

AP4: Mittels Einmerkmals-Tiermodellen ohne Berücksichtigung des maternalen genetischen Effekts (**Modell 1**) wurde eine höhere additiv genetische Varianz, eine deutlich höhere Restvarianz und eine höhere direkte Heritabilität ($h_a^2 = 0,58$) für den IMF geschätzt im Vergleich zu Einmerkmals-Tiermodellen mit Berücksichtigung der maternal genetischen Komponente (**Modell 2**). Die maternale Heritabilität lag mit $h_m^2 = 0,47$ leicht höher als die direkte Heritabilität $h_a^2 = 0,43$. Der maternale genetische Effekt sollte demnach zukünftig dringend in der Zuchtwertschätzung für Fleischqualitätsmerkmale berücksichtigt werden, was auch ein zusätzlicher Erkenntnisgewinn des Forschungsvorhabens ist. Die Ergebnisse des Mehrmerkmals-Tiermodells ohne Berücksichtigung des maternalen genetischen Effekts (**Modell 3**), in dem neben dem IMF auch die Merkmale GG, 200TG und 365TG mit einbezogen waren, zeigten für den IMF eine Heritabilität von 0,71. Während zwischen den Merkmalen der Gewichtsentwicklung (GG, 200TG und 365TG) durchweg eine positive genetische Korrelation im mittleren bis hohen Bereich mit niedrigen Standardfehlern bestand, konnte zwischen dem IMF und den Merkmalen der Gewichtsentwicklung lediglich für das GG und das 200TG eine positive genetische Korrelation im moderaten bzw. niedrigen Bereich nachgewiesen werden (GG:IMF = $0,37 \pm 0,16$; 200TG:IMF = $0,16 \pm 0,17$). Zwischen dem IMF und dem 365TG bestand eine negative genetische Korrelation (365TG:IMF = $-0,13 \pm 0,11$). Eine gezielte Selektion auf hohe IMF-Werte geht demnach tendenziell mit verringerten Jährlingsgewichten einher.

540 RHV Fleischproben wurden bezüglich der Fleischqualitätsparameter mit den aus spezialisierten Rassen bekannten 6 wichtigen Genen für Fleischqualität (*DGATI*, *CAPNI*, *FABP4*, *RORC*, *TG* und *CAST*) assoziiert. Leichte Unterschiede in der Anzahl der analysierten Proben je Gen (Bandbreite von 535 bis 540) sind auf vereinzelt auftretende Ausfälle bei der

PCR zurückzuführen. Ein signifikanter Einfluss des Gens auf das Fleischqualitätsmerkmal IMF wurde lediglich für den g.566T>G-SNP des Gens *RORC* nachgewiesen ($P < 0,05$). Somit zeigt sich, dass trotz der hohen Erbllichkeit für IMF eine Vielzahl an Genen mit kleinen Effekten an der Merkmalsausprägung beteiligt sind (Bestätigung des infinitesimalen Modells der Vererbung).

Dabei stellte sich das Ergebnis für das *RORC*-Gen folgendermaßen dar:

Genotyp GG: $6,10 \pm 1,00$ % IMF -> Genotypfrequenz: 7 %

Genotyp GT: $4,90 \pm 0,90$ % IMF -> Genotypfrequenz: 39 %

Genotyp TT: $4,70 \pm 0,80$ % IMF -> Genotypfrequenz: 54 %

Die Allelfrequenz des favorisierten g.566*G-Allels liegt bei 26 %, die Frequenz des homozygoten Genotyps GG, der in der vorliegenden Studie mit einem signifikant höheren IMF assoziiert war, liegt bei 7 %. In anderen Studien ist allerdings der Genotyp g.566*TT mit einem höheren IMF-Gehalt assoziiert, was wir hier nicht bestätigen konnten. Die Genotypfrequenz dafür liegt in der untersuchten Population allerdings noch bei 54 %. Über die Auswertung der Genotypisierungsdaten oder zukünftige weitreichende Sequenzstudien des *RORC*-Gens in RHV muss geprüft werden, ob sich diese entgegengesetzten Assoziationen durch mögliche Kopplungen zu anderen SNPs erklären lassen.

Bei Betrachtung der Allel- und Genotypfrequenzen der anderen 5 untersuchten Gene zeigte sich insbesondere im *FABP4* eine (nicht signifikante) tendenzielle Bestätigung der in der Literatur beschriebenen Assoziation des Allels g.131*G mit einem hohen IMF auch für die RHV-Population.

AP5: Sämtliche berechneten Zuchtszenarien ermöglichen sowohl einen Gesamtzuchtfortschritt pro Generation als auch Zuchtfortschritt in allen Einzelmerkmalen. Insbesondere eine stärkere wirtschaftliche Gewichtung für das 200 Tage-Gewicht (200TG) führt zu einem höheren Gesamtzuchtfortschritt verglichen mit identischer Merkmalsgewichtung aller Zuchtzielmerkmale je genetischer Standardabweichung. Weiter fällt auf, dass doch ein deutlich höherer Gesamtzuchtfortschritt realisiert werden kann, wenn der Selektionskandidat für das im Labor gemessene Fleischqualitätsmerkmal IMF im Zuchtziel (IMF-LAB) einen genomischen Zuchtwert hat. Eine Zucht auf Eigenleistung ganz ohne genomische Zuchtwerte ist nur dann konkurrenzfähig mit den entsprechenden genomischen Szenarien, wenn die Genauigkeit des genomischen Zuchtwertes für IMF-LAB unter 0,40 liegt. Im vorliegenden Projekt konnte aber schon anhand einer recht kleinen Lernstichprobe mit etw. mehr als 500 genotypisierten RHV-Tieren gezeigt werden, dass für moderat bis hoch erbliche Merkmale der Fleischqualität Genauigkeiten über 0,40 realisiert werden. Weiter konnten wir zeigen, dass auch andere Rassen mit ähnlichem Zuchtziel und ähnliche Produktionsbedingungen in die RHV-Lernstichprobe integriert werden können.

AP6: Bei der Schätzung genetischer Parameter für das Fleischqualitätsmerkmal IMF unter Einbezug des Umwelt- bzw. HS-Indikators mTHI in das erweiterte statistische Modell zeigte sich ein deutlicher Effekt auf die additiv genetische Varianz und die Heritabilität. Zwar lagen die Heritabilitäten für den IMF in beiden Vergleichsklassen des mTHI ($mTHI < 50$ und $mTHI \geq 50$) im hohen Bereich, die Heritabilität war jedoch unter HS-Bedingungen um 0,26 höher verglichen mit klimatisch neutralen Bedingungen. Der Zuchterfolg für das Merkmal IMF kann demnach erhöht werden, wenn die Tiere in den 30 Tagen vor der Schlachtung mit herausfordernden Umweltbedingungen konfrontiert sind. Unter derartigen

Herausforderungen werden genetische Unterschiede zwischen Tieren einfach besser deutlich und somit ist von einer Stallhaltung der RHV-Tiere abzuraten. Ähnlich waren die Ergebnisse für die Gewichte und Wachstumsmerkmale, also eine ausgeprägtere genetische Differenzierung unter klimatisch schwierigeren Gegebenheiten. Zwischen den IMF-Merkmalen, erhoben in unterschiedlichen mTHI-Klassen, betrug die genetische Korrelation $-0,75 \pm 0,35$, was auf eine deutliche Genotyp-Umweltinteraktionen hinweist.

AP7: Auf Basis der Ergebnisse der im Rahmen des Projektes durchgeführten Analysen lassen sich die folgenden Empfehlungen formulieren:

- Um eine erhöhte Fleischqualität bei RHV-Tieren zu erreichen, werden verschiedene Maßnahmen, wie die Kastration, eine intensivere Fütterung oder auch eine gezielte Zuchttierauswahl mit Hilfe frühzeitig durchgeführter Genanalysen, empfohlen. Dafür spricht die starke Variation der IMF-Werte innerhalb der analysierten RHV-Stichprobe und der Nachweis, dass zumindest eines der analysierten Gene signifikant mit dem IMF der Population in positivem Zusammenhang steht. Zukünftig kann die individuell vorliegende Genvariante anhand einer Haarprobe bestimmt werden und als Kriterium zur Zuchttierauswahl eingesetzt werden. Auch die hohe Erblichkeit des Merkmals IMF spricht dafür, dass sich die Fleischqualität züchterisch verbessern lässt. Im Bestreben den Erhalt der Rasse auch zukünftig zu sichern, stellt die gezielte Ausnutzung des Potenzials der Fleischqualität durchaus eine Chance dar. Dabei steht diese Chance nicht zwangsläufig mit dem Gedanken, die Rasse in seiner Ursprünglichkeit zu erhalten und sie auch weiterhin hauptsächlich in der Landschaftspflege und Mutterkuhhaltung einzusetzen, in Konflikt. Denn auf Basis der geschätzten Zuchtwerte für IMF und der vorliegenden SNP-Markerdaten können weitestgehend gezielte Anpaarungen zur Realisierung von Zuchtfortschritt, aber gleichzeitiger Berücksichtigung von genetischer Diversität, durchgeführt werden.
- Die Ergebnisse der Auswertungen zum Einfluss des Klimas auf die Leistungs- und Fruchtbarkeitsmerkmale sowie den IMF machen deutlich, dass der Faktor „Hitzestress“ auch bei einer „robusten“ Rasse wie dem RHV mit deutlichen Einbußen verbunden ist. Das gilt insbesondere für die Jahre während der Projeklaufzeit, da hier der klimatische Einfluss auch auf die natürliche Futtergrundlage eingewirkt hat. Besonders während der generell kühleren Herbst- oder Frühlingsmonate reagieren die Tiere besonders sensibel auf auftretende Hitze. Aber auch länger auftretende Hitzeperioden im Sommer wirken sich negativ auf die Gewichtsentwicklung der Tiere aus. Dabei spielen auch zeitversetzte Wirkungen von intrauterinem HS, sowie transgenerationale Effekte, eine Rolle. Die Ergebnisse unterstreichen die Notwendigkeit auch unter extensiven Haltungsbedingungen klimatische Stresssituationen, insbesondere Hitzestress, zu vermeiden. Hier stehen das Anbieten von Schatten auf den Weideflächen sowie der uneingeschränkte Zugang zu Wasser im Hauptfokus.
- Auch auf die genetischen Parameter und Zuchtwerte für die Merkmale der routinemäßigen Leistungsprüfung sowie den IMF verursachten herausfordernde klimatische Bedingungen, sei es während der Spätträchtigkeit, während der ersten Lebenswochen des Kalbes oder während der 30 Tage vor der Schlachtung erhöhte additiv genetische Varianzen und Heritabilitäten. Für den Zuchtfortschritt bedeutet dies, dass extreme klimatische Bedingungen während der untersuchten Zeiträume in diesen Merkmalen begünstigend wirken können. Auch konnten Genotyp-Klimainteraktionen

nachgewiesen werden. Wir empfehlen daher zukünftig den Faktor „Klima“ in den Mischmodellgleichungen der Zuchtwertschätzung einzubeziehen. Allerdings reflektieren die Ergebnisse auch einen Zielkonflikt: Zum einen tragen raue Umweltbedingungen wie Hitzestress zu einer genaueren genetischen Differenzierung und genaueren Zuchtwertschätzung bei, aber auf rein phänotypischer Ebene wird jeder RHV-Züchter und -Halter versuchen, Stressbedingungen zu vermeiden. Wir empfehlen daher auf Basis der Ergebnisse die Selektion von robusten Tieren, also solche RHV-Kühe und -Bullen, die konstante und hohe Zuchtwerte über den gesamten Umweltgradienten hinweg aufweisen.

- Aufgrund des signifikanten Zusammenhangs zwischen dem g.566T>G-SNP des Gens *RORC* mit dem IMF und dem tendenziellen Zusammenhang zwischen dem g.131C>G-SNP des Gens *FABP4* und demselben Merkmal, empfehlen wir die Genotypen dieser zwei Gene zukünftig anhand einer Haarprobe potenzieller Zuchttiere von TierZucht-GI frühzeitig bestimmen zu lassen. Die gewonnene Information der Genanalysen können dann von Züchtern für die Selektion auf einen erhöhten IMF genutzt werden.
- Um einen höheren Gesamtzuchtfortschritt zu realisieren empfehlen wir weiterhin die stärkere wirtschaftliche Gewichtung des 200TG in den Zuchtszenarien, sowie den Einbezug eines genomischen Zuchtwerts im Zuchtziel des im Labor gemessenen Fleischqualitätsmerkmals IMF. Die hohen Erblichkeiten für IMF zeigen, dass Zucht auf Fleischqualität in Deutschland endlich routinemäßig in die Zuchtprogramme implementiert werden sollte.

3.1 Ausführliche Darstellung der wichtigsten Ergebnisse

AP1/AP2: Abbildung 5 gruppiert die teilnehmenden RHV-Betriebe anhand ihrer angegebenen Tierzahl zu Beginn des Projektes und anhand der Bundesländer. In dieser Abbildung wurden zwei der besuchten Betriebe nicht mit einbezogen, da sie angaben, ihre Tiere nicht zur Fleischerzeugung zu halten, sondern lediglich zu Tourismuszwecken oder als Pensionstiere für Reitanlagen. Ein Großteil der RHV-Betriebe und -Halter konnte in den Mittelgebirgsregionen NRW, Hessens und Thüringens ausfindig gemacht werden. Insgesamt variieren die Tierzahlen zwischen 15 Tieren und 616 Tieren je Betrieb. Vier der zahlenmäßig größten Betriebe befinden sich im Harz, einer der Ursprungsregionen des Roten Höhenviehs. Insgesamt halten fünf der Betriebe über 100 Tiere.

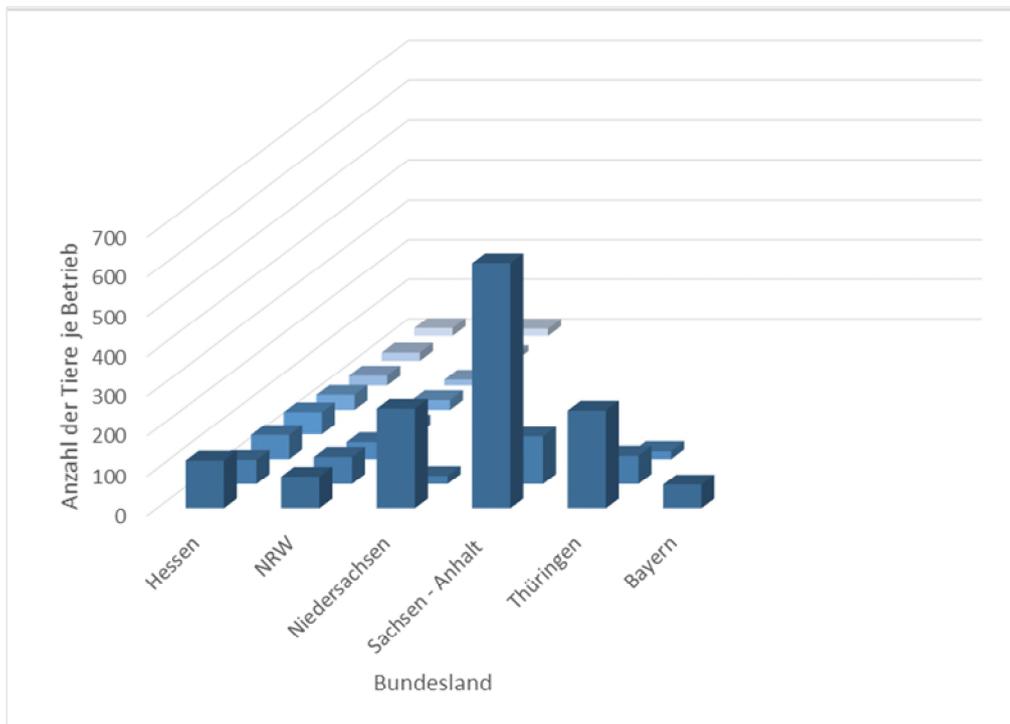


Abbildung 5: Gruppierung der teilnehmenden Betriebe anhand ihrer angegebenen Tierzahl und anhand der Bundesländer.

Ein Großteil der Betriebe gab an, die Tiere vordergründig zu Landschaftspflegezwecken zu nutzen. Allerdings können vor allem in der Kombination Landschaftspflege und Fleischerzeugung Überschneidungen auftreten. Mindestens drei der Landwirte, die die Landschaftspflege als Produktionsrichtung vor der Fleischproduktion nannten, vermarkten auch einen Großteil ihres Fleisches direkt und umgekehrt. Die Kategorien sind in diesem Falle nicht statistisch zu interpretieren, sondern sollen lediglich eine Tendenz abbilden. Mit Ausnahme eines Mästers halten alle Betriebe ihre Tiere mindestens während der Vegetationsperiode in Weidehaltung. Vier der Betriebe gaben an, ihre Tiere ganzjährig auf der Weide mit entsprechender Offenstallhaltung zu halten, die anderen Betriebe greifen je nach Witterung ab Oktober / November auf Winterstallsysteme zurück.

Abbildung 6 visualisiert die Betriebe anhand ihrer Hauptproduktionsausrichtung (Farbe) in Verbindung mit dem Roten Höhenvieh und der jeweiligen RHV-Tierzahl im Bestand (Größe des Vierecks). Transparent markierte Betriebe wirtschaften als Nebenerwerbsbetrieb oder in der Hobbyhaltung. Die Buchstaben stehen für die einzelnen Betriebe.

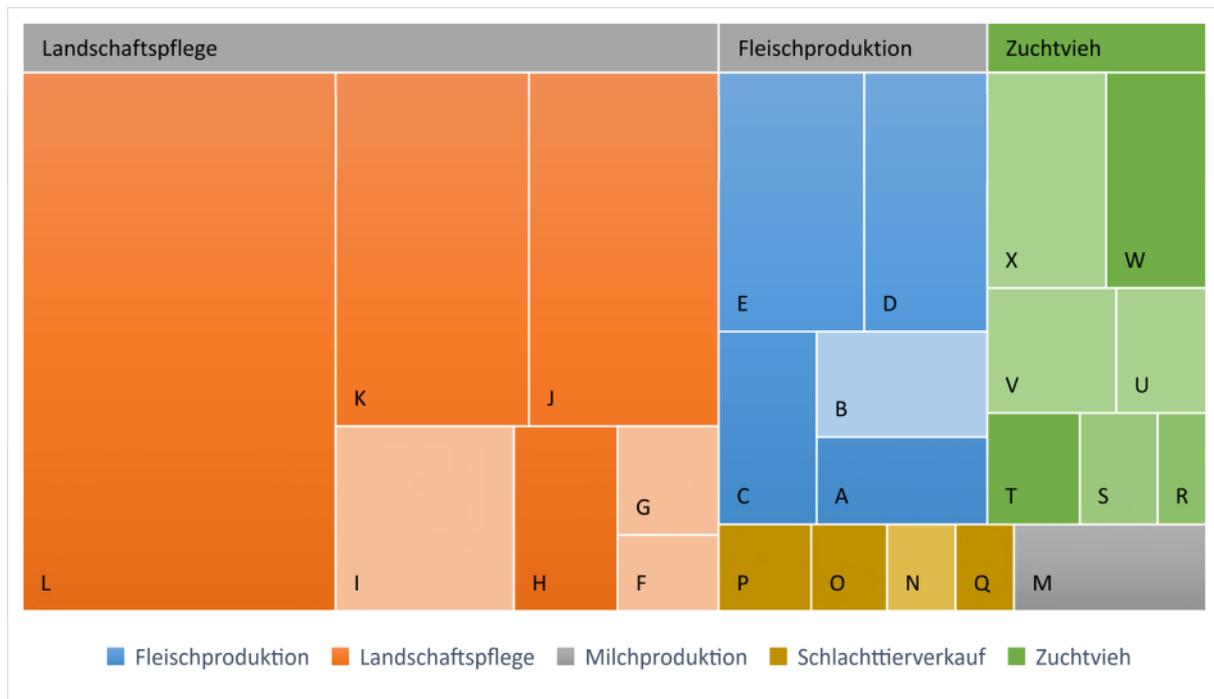


Abbildung 6: Darstellung der Betriebe anhand ihrer Hauptproduktionsausrichtung (Farbe) und der jeweiligen Tierzahl (Größe des Vierecks).

Die Ergebnisse der Analyse des intramuskulären Fettgehaltes als Merkmal der sensorischen Fleischqualität sind in **Abbildung 7** nach Geschlecht differenziert dargestellt. Insgesamt streuten die IMF-Gehalte der gesamten RHV-Population zwischen 0,02 % IMF und 22,9 % IMF. Der mittlere IMF-Gehalt aller RHV-Proben liegt bei 2,5 % (SD: 2,8).

Betrachtet man die Variation der IMF-Gehalte nach Geschlecht wird deutlich, dass das Fleisch der Proben von Ochsen mit Mittelwerten von 5,9 % den höchsten IMF (SD: 4,7) aufwies. Die mittleren IMF-Werte von Färsen-Fleisch lagen bei 4,7 %, das Fleisch von Bullen zeigte Mittelwerte von 1,7 %. Insgesamt wurden für 17 Proben, darunter von 7 Färsen, 5 Ochsen, 3 Kühen und 2 Bullen, IMF-Werte über 10 % analysiert.

In einem generalisierten linearen Modell wurden für die NIRS-IMF-Gehalte die Einflussfaktoren Schlachalter, Geschlecht und Produktionsausrichtung analysiert. Dabei wurden signifikante Einflüsse von Geschlecht ($P < 0,01$) und Produktionsausrichtung ($P < 0,05$) ermittelt. Das Schlachalter hatte nur tendenzielle Einflüsse ($P < 0,06$) auf den IMF-Wert. Für den Betrieb als zufälligen Effekt wurden keine signifikanten Einflüsse ermittelt ($P > 1,0$). Die Ergebnisse des gemischten linearen Modells unterstützen die Annahme, dass der intramuskuläre Fettgehalt vor allem durch das Geschlecht beeinflusst wird. Auch die Produktionsrichtung des Betriebes zeigte in der vorliegenden Studie signifikante Einflüsse auf den intramuskulären Fettgehalt. Somit zeigt sich, dass bei der Berücksichtigung der Produktionsrichtung der allgemeine Betriebseffekt von eher untergeordneter Bedeutung ist.

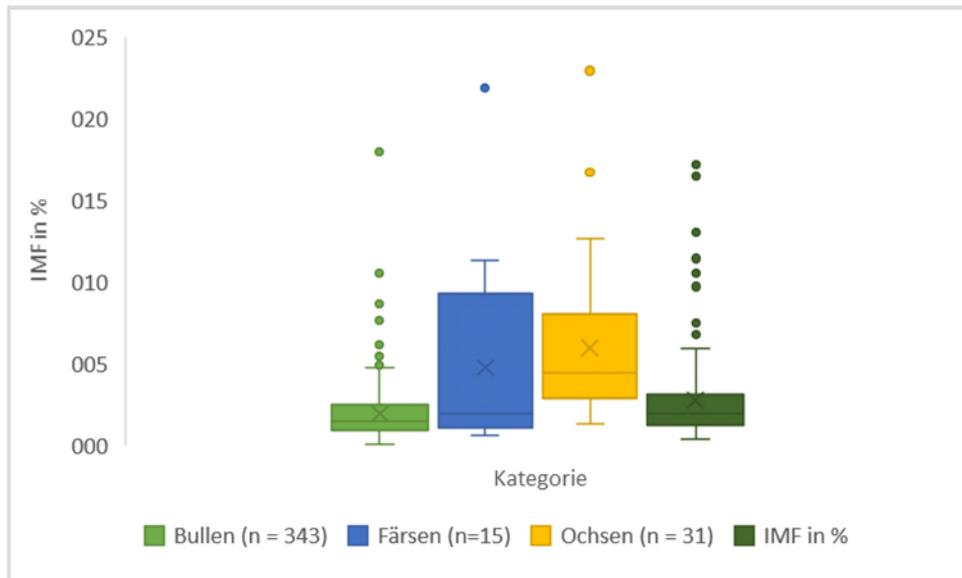


Abbildung 7: Variation der IMF-Gehalte innerhalb der RHV-Population, differenziert nach Geschlecht.

AP2: Aufgrund der Vielzahl von Modellen, die im Rahmen der phänotypischen Auswertung des Einflusses von HS-Indikatoren auf die Merkmale der routinemäßigen Leistungsprüfung berechnet wurden, sollen lediglich die wichtigsten Ergebnisse in diesem Kapitel ausführlich dargestellt werden. Eine Vielzahl von Tabellen, die die Ergebnisse aller Berechnungen beinhalten, findet sich im Anhang (**Anhang 3**).

Tabelle 3 (Signifikanztabelle) zeigt, welche Merkmale durch die HS-Indikatoren „Mittlerer Temperature-Humidity Index“ (mTHI) und „Anzahl Hitzetage“ (mTHI \geq 60; = nHS) während der unterschiedlichen Beobachtungszeiträume, beeinflusst waren. Das Geburtsgewicht (GG) war lediglich durch den HS-Indikator nHS im pränatalen 7 Tage-Zeitraum signifikant beeinflusst ($P < 0,05$). Höchstsignifikante Einflüsse ($P < 0.001$) der HS-Indikatoren auf die 200 Tage-Zunahme (200TZ) und die 365 Tages-Zunahme (365TZ) zeigten sich lediglich in den mehrwöchigen Beobachtungszeiträumen (42 Tage und 56 Tage) postnatal. Das Fruchtbarkeitsmerkmal „Zwischenkalbezeit“ (ZKZ) wurde signifikant durch den HS-Indikator nHS in den mehrwöchigen Beobachtungszeiträumen (42 Tage und 56 Tage) pränatal beeinflusst, das Merkmal „Wahrscheinlichkeit für Totgeburten“ (TG) wurde durch die HS-Indikatoren zu keinem Beobachtungszeitraum beeinflusst (n.s.). Ein signifikanter Einfluss beider innerhalb der Kalbesaison genesteten HS-Indikatoren zeigte sich für alle Merkmale und für alle Beobachtungszeiträume.

Tabelle 3: Signifikanztabelle: Einfluss der mTHI- oder nHS-Klasse und Einfluss der genesteten mTHI- oder nHS-Klasse innerhalb der Kalbesaison während der unterschiedlichen Beobachtungszeiträume auf die Leistungs- und Fruchtbarkeitsmerkmale der routinemäßigen Leistungsprüfung

Merkmal ¹	Beobachtungszeitraum ²					
	7 Tage		42 Tage		56 Tage	
	a.p. ³	p.p. ⁴	a.p.	p.p.	a.p.	p.p.
	mTHI-Klasse ⁵					
GG, kg	ns ⁷		Ns		ns	
200TZ, kg	*	ns	Ns	*	ns	***
365TZ, kg	ns	*	*	*	ns	**
ZKZ, d	ns	ns	ns	ns	ns	ns
TG, %	ns		ns		ns	
	nHS-Klasse ⁶					
GG, kg	*		ns		ns	
200TZ, kg	**	ns	*	***	ns	***
365TZ, kg	**	**	***	***	**	***
ZKZ, d	ns	ns	**	ns	***	ns
TG, %	ns		ns		ns	
	mTHI-Klasse genestet innerhalb der Kalbesaison					
GG, kg	**		***		***	
200TZ, kg	***	***	***	***	***	***
365TZ, kg	***	***	***	***	***	***
ZKZ, d	***	***	***	***	***	***
	nHS-Klasse genestet innerhalb der Kalbesaison					
GG, kg	**		***		***	
200TZ, kg	***	***	***	***	***	***
365TZ, kg	***	***	***	***	***	***
ZKZ, d	***	***	*	***	*	***

¹Merkmale: GG = Geburtsgewicht; 200TZ = 200 Tage-Zunahme; 365TZ = 365 Tage-Zunahme; ZKZ = Zwischenkalbezeit; TG = Wahrscheinlichkeit für Totgeburt.

²Beobachtungszeiträume: 7 Tage = 7 Tage-Zeitraum; 42 Tage = 42 Tage-Zeitraum; 56 Tage = 56 Tage-Zeitraum

³a.p. = ante partum / pränatal.

⁴p.p. = post partum / postnatal.

⁵mTHI = Mittlerer Temperature-Humidity Index.

⁶nHS = Anzahl Hitzetage.

⁷ns = nicht signifikant.

* $P < 0,05$; ** $P < 0,01$; *** $P < 0,001$.

Im durch die nHS signifikant beeinflussten pränatalen 7 Tage-Zeitraum war das GG am niedrigsten ($35,8 \pm 0,61$ kg), wenn die nHS die höchste Klasse (6 bis 7 Tage) erreichte. Auch während der letzten 6 bis 8 Wochen der Trächtigkeit (42 Tage- und 56 Tage-Zeitraum a.p.) war ein $mTHI \geq 60$ und eine $nHS > 30$ während der 56 Tage a.p. mit einem reduzierten GG assoziiert (n.s.). Saisonale Effekte auf das GG von Kälbern mit höheren GG während der kühleren Monate des Jahres wurden bereits in Holsteinkälbern nachgewiesen (Linden et al., 2009). Die zeitlich verzögerte negative Wirkung von HS während der letzten 6 Wochen der Trächtigkeit auf das GG von Kälbern und sogar auf das Jährlingsgewicht wurde ebenfalls schon für Holsteinkälber beschrieben (Monteiro et al., 2016). Gründe für derartige zeitversetzte Effekte von HS können a) eine reduzierte Trächtigkeitsdauer um 4 Tage (Tao et al., 2012), b) eine Plazenta-Insuffizienz mit intrauteriner Wachstumshemmung (Yates et al., 2011), oder c) fötale Hyperthermie,

verursacht durch die steigende Körpertemperatur des Muttertieres (Faurie et al., 2001) sein. Außerdem wurden bei Milchkühen eine durch HS verursachte Reduktion der Futterraufnahme (Ominski et al., 2002) sowie eine verkürzte Futter- und Ruminationsdauer pro Tag (Halli, 2018) nachgewiesen, was sich negativ auf die Kondition der Tiere auswirkt. Ein schlechter Ernährungszustand kann sich dann wiederum negativ auf das GG des Nachwuchses auswirken, wie es für primipare Kühe bereits beschrieben wurde (Drennan, 1979). Bei Betrachtung der genesteten Effekte der HS-Indikatoren innerhalb der Saison wurden reduzierte GG bei HS-Konditionen vor Herbstgeburten gefunden, was auf eine erhöhte Sensibilität gegenüber auftretender Hitze während der generell kühleren Herbstmonate hinweist. Weiterhin wirken eine zum Ende des Sommers gegebene schlechtere Qualität des Grünlandbewuchses und auch eine schlechtere Futtersverfügbarkeit negativ auf die GG.

Das Merkmal 200TZ wurde durch den mTHI pränatal lediglich im 7 Tage-Zeitraum signifikant beeinflusst, wobei ein $mTHI \geq 60$ mit den niedrigsten 200TZ assoziiert war (202.4 ± 3.76 kg). Ebenso negativ beeinflussten hohe nHS während des 7 Tage- ($P < 0,01$) und des 42 Tage-Zeitraumes ($P < 0,05$) die 200TZ. Während der Trockenstehphase hitzestressste Milchkühe zeigten einen Rückgang der Milchleistung bis zur 30. Laktationswoche (Fabris et al., 2019), was im Falle von Mutterkühen zu reduzierten Zunahmen der Kälber führen könnte. Hitzestress während der Spätträchtigkeit könnte außerdem das fötale Genom epigenetisch modifizieren wofür es bereits Ansätze gibt (Sakatani, 2017; Skibieli et al., 2018) und was sich negativ auf die Leistung der Kälber auswirken könnte (Monteiro et al., 2016; Tao et al., 2012). Waren die Kälber in den 7 Tagen bzw. den 56 Tagen nach ihrer Geburt einem $mTHI \geq 60$ ausgesetzt, so zeigten sich die niedrigsten 200TZ von 203 ± 4.41 kg (7 Tage-Zeitraum; n.s.) bzw. 201.6 ± 3.19 kg (56 Tage-Zeitraum; $P < 0,001$). Auch hohe nHS während der ersten 6 bis 8 Wochen nach der Geburt hatten einen höchstsignifikanten negativen Einfluss auf die 200TZ. Derartige hitzestressbedingte Effekte mit reduzierten Zunahmen wurden schon in Kreuzungs-Kälbern (Habeeb et al., 2011) und auch in Feedlot-Färsen (Mitlöhner et al., 2001) nachgewiesen. Bei Betrachtung der genesteten Effekte der HS-Indikatoren innerhalb der Saison zeigten sich die niedrigsten 200TZ, bei einem $mTHI \geq 60$ während der 7 Tage (192.4 ± 3.38 kg) bzw. der 56 Tage (184.6 ± 3.85 kg) vor Sommergeburten. Ebenso zeigten sich reduzierte 200TZ, wenn der mTHI während der 7 Tage nach Sommergeburten ≥ 60 war (**Abb. 8**). Auch hohe nHS vor oder nach Sommergeburten wirkten sich negativ auf die 200TZ aus (**Abb. 9**). Insgesamt zeigte sich für das Merkmal 200TZ ein starker negativer Einfluss hohem mTHI oder hoher nHS in Kombination mit der Saison „Sommer“, was auch mit einer reduzierten Futterqualität zu dieser Jahreszeit zusammenhängen kann, da das RHV in der Regel während der Sommermonate nicht zugefüttert wird. Da niedrige nHS während der Sommermonate mit den höchsten 200TZ assoziiert waren, könnten Anpassungsprozesse wie allmähliche Akklimatisierung (Prosser, 2013) an die klimatischen Bedingungen ebenfalls eine Rolle spielen, die die negativen Auswirkungen von HS minimieren sollen. In diesem Zusammenhang stellt auch die nächtliche Abkühlung eine Möglichkeit der HS-Kompensation dar, die den Tieren zumindest bei einer moderaten Anzahl von Hitzetagen zu einer kurzzeitigen Hitzetoleranz verhilft (Scott et al., 1983). Diese Kapazität ist jedoch begrenzt, beispielsweise bei länger andauernder oder auch bei sehr plötzlich auftretender Hitze (Kadzere et al., 2002), weshalb das Bewusstsein der Landwirte in Hinblick auf die Wichtigkeit der HS-Prävention dringend geschärft werden sollte.

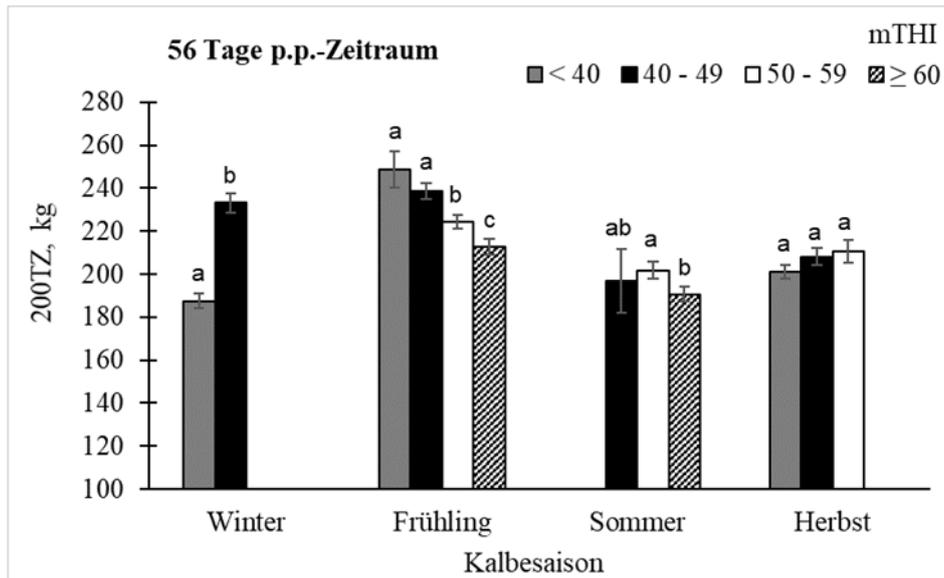


Abbildung 8: Least-squares means (LSMeans) mit zugehörigem SE für die 200 Tage-Zunahme (200TZ) in Abhängigkeit vom mittleren Temperature-Humidity Index (mTHI), genestet innerhalb der Kalbesaison im postnatalen 56 Tage-Zeitraum. Signifikanz (P < 0,05) der paarweisen Vergleiche sind mit den Buchstaben a bis c gekennzeichnet.

Ähnlich wie für die 200TZ, zeigt sich auch für die 365TZ ein deutlicherer Effekt von HS während der mehrwöchigen Zeiträume (42 Tage und 56 Tage) nach der Geburt des Kalbes. In diesen Zeiträumen waren die 365TZ am niedrigsten, wenn der mTHI ≥ 60 war. Bei Betrachtung der genesteten Effekte der HS-Indikatoren innerhalb der Saison bewirkte ein hoher mTHI von 50 bis 59 vor Sommergeburten die niedrigsten 365TZ, in allen Zeiträumen. Das gleiche konnte für diesen mTHI-Bereich im 7 Tage-Zeitraum nach Sommergeburten beobachtet werden. Auch eine hohe nHS während der 42 oder 56 Tage nach Sommergeburten bewirkten reduzierte 365TZ. Die Ergebnisse sprechen dafür, dass die Zunahmen der Kälber stärker von direktem HS nach der Geburt, als von intrauterinem HS vor der Geburt beeinflusst werden.

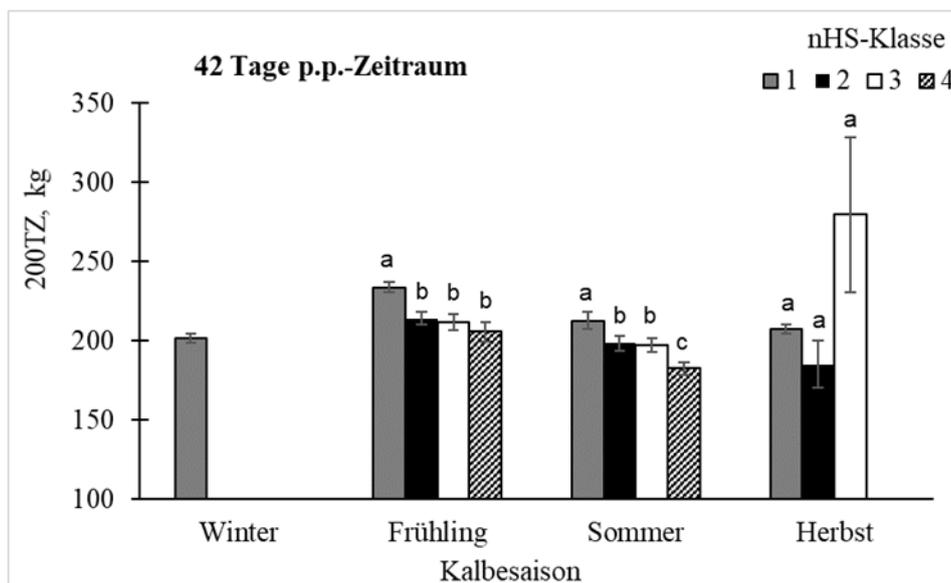


Abbildung 9: Least-squares means (LSMeans) mit zugehörigem SE für die 200 Tage-Zunahme (200TZ) in Abhängigkeit von der nHS-Klasse, genestet innerhalb der Kalbesaison im postnatalen 42 Tage-Zeitraum. Signifikanz (P < 0,05) der paarweisen Vergleiche sind mit den Buchstaben a bis c gekennzeichnet.

Die Wahrscheinlichkeiten für Totgeburten, die in diesem Projekt berechnet wurden, reichten von $3,1 \pm 0,7$ % bis $6,1 \pm 1,3$ %, was die Angaben aus der Literatur für andere Rinderrassen wie Deutsch Angus (2,6 bis 5,3 %; Müllenhoff, 2008; Hohnholz Bassum, 2019) oder Deutsch Fleckvieh (0,9 bis 5,4 %; Müllenhoff, 2008) widerspiegelt. Die höchsten Wahrscheinlichkeiten für Totgeburten traten auf, wenn der mTHI während der 42 oder 56 Tage a.p. ≥ 60 war ($5,31 \pm 1,01$ % bzw. $5,37 \pm 1,01$ %). Auch sehr hohe nHS während dieser Zeiträume verursachten die höchsten Wahrscheinlichkeiten für Totgeburten ($5,69 \pm 1,25$ % bzw. $6,07 \pm 1,33$ %) (Abb. 10).

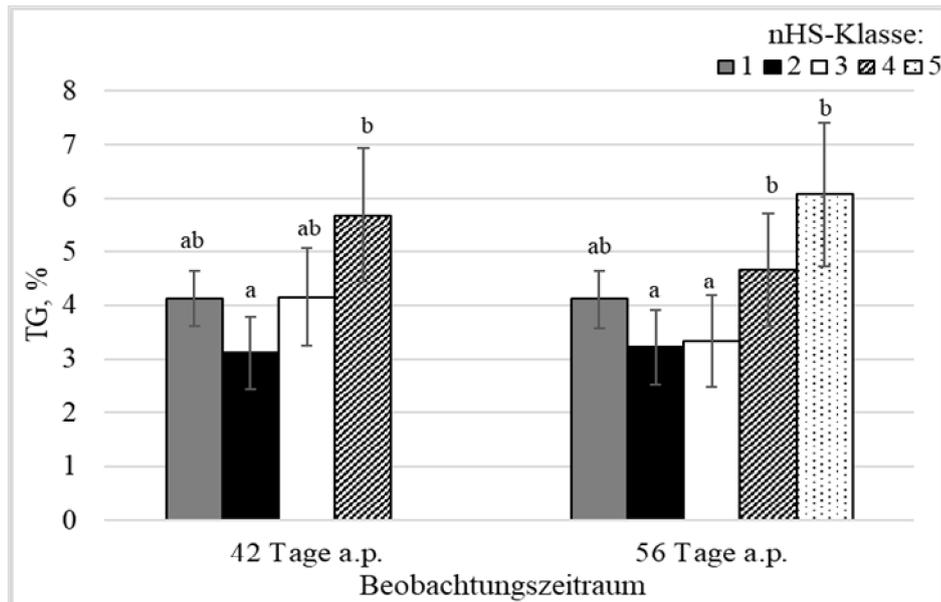


Abbildung 10: Wahrscheinlichkeit für Totgeburten (TG, %) mit zugehörigem SE in Abhängigkeit von der nHS-Klasse des 42 Tage- und des 56 Tage-Zeitraums. Signifikanz (P < 0,05) der paarweisen Vergleiche sind mit den Buchstaben a bis b gekennzeichnet.

Ähnliche Ergebnisse finden sich in der Literatur. So konnte Hovingh (2009) einen Anstieg von Fehlgeburten während eines plötzlichen Anstiegs der Umgebungstemperatur beobachten und Avendaño-Reyes et al. (2010) fanden höhere Raten von Schweregeburten während der heißen Monate des Jahres, verglichen mit den kühleren Monaten. Auch Monteiro et al. (2016) berichteten von einer erhöhten Totgeburtenrate bei Kühen die während der Trockenstehphase unter HS litten, verglichen mit Kühen, die während dieser Zeit gekühlt wurden.

Sehr hohe mTHI-Werte während aller a.p.-Zeiträume, sowie während des 56 Tage-Zeitraums p.p., waren mit verlängerten ZKZ assoziiert. Eine hohe nHS a.p. bedeutete nicht unbedingt eine verlängerte ZKZ. Während der p.p.-Zeiträume verursachten hohe nHS jedoch verlängerte ZKZ. Die Hormonsekretion wird durch Hitze beeinflusst. Zum Beispiel reduziert HS die Plasma-Konzentration von Östradiol (Wolfenson et al., 1995), oder Progesteron und erhöht die Plasma-Konzentration von Prolaktin (Ronchi et al., 2001). Eine reduzierte Östradiol-Sekretion verursacht eine verringerte Ausprägung der Anzeichen des Östrus, Ovulationsstörungen (De Rensis und Scaramuzzi, 2003) und verhindert die Luteolyse des Gelbkörpers (Lucy, 2002). Außerdem können HS-Effekte aus dem Sommer verschleppt werden. Somit kann die Fruchtbarkeit noch bis zu 2 der kühleren Herbstmonate lang negativ beeinflusst sein (Negrón-Pérez et al., 2019).

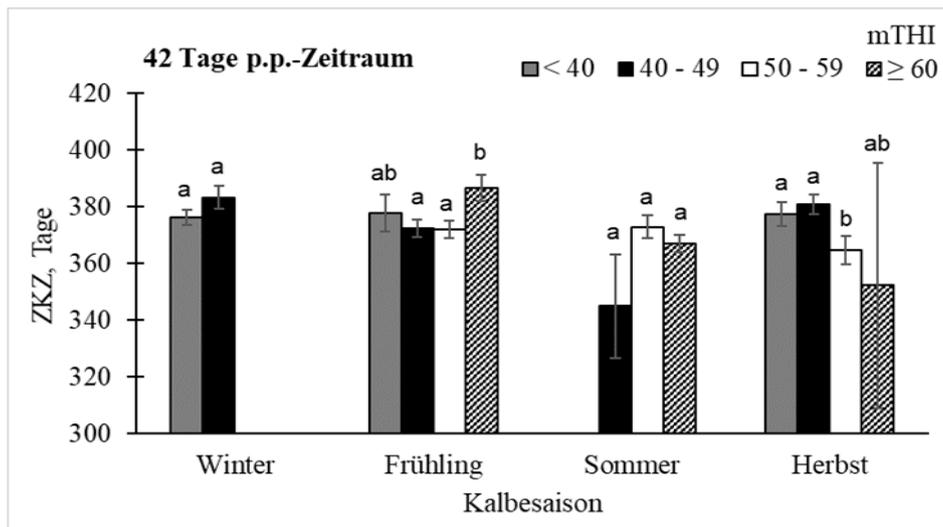


Abbildung 11: Least-squares means (LSMeans) mit zugehörigem SE für die Zwischenkalbezeit (ZKZ) in Abhängigkeit vom mittleren Temperature-Humidity Index (mTHI), genestet innerhalb der Kalbesaison im postnatalen 42 Tage-Zeitraum. Signifikanzen ($P < 0,05$) der paarweisen Vergleiche sind mit den Buchstaben a bis b gekennzeichnet.

Bei Betrachtung der genesteten Effekte der HS-Indikatoren innerhalb der Saison (**Abb. 11**) zeigten sich verlängerte ZKZ bei hohen mTHI-Werten vor oder nach Frühlingsgeburten. Auch eine hohe nHS vor Herbstgeburten oder nach Frühlingsgeburten verursachte lange ZKZ. Diese Ergebnisse könnten mit einer zu diesen Jahreszeiten verringerten Akklimatisierung an hohe Temperaturen zusammenhängen (Prosser, 2013). Da auch die Spermakonzentration von Bullen durch HS negativ beeinflusst wird, die Anzahl motiler Spermien verringert ist (Methevon et al., 1998) und Spermidefekte tendenziell häufiger auftreten (Nichi et al., 2006), bewirkt dies in Kombination mit einer verringerten Fruchtbarkeit der weiblichen Tiere und einer zusätzlich verringerten Akklimatisierung an auftretenden Hitzesituationen eine verringerte Konzeptionsrate, was wiederum die ZKZ beeinflusst.

Das GG wurde durch einen hohen mTHI und eine hohe nHS vor Herbstgeburten am deutlichsten beeinträchtigt, was auf eine erhöhte Sensibilität gegenüber HS während der generell kühleren Herbstmonate hindeutet. Ein ähnlicher Effekt wurde für die Wahrscheinlichkeit für Totgeburten nachgewiesen. Die Zunahmen wurden durch HS am deutlichsten beeinflusst, wenn dieser während der mehrwöchigen Zeiträume nach der Geburt auftrat. Generell hatten Kälber, die während der Sommermonate geboren wurden und dabei vor oder nach der Geburt unter HS litten, niedrigere Zunahmen als Kälber, die während anderer Jahreszeiten oder unter kühleren Bedingungen geboren wurden. Verlängerte ZKZ traten vorwiegend dann auf, wenn die Kühe nach Frühlingsgeburten unter HS litten, was die Theorie der erhöhten Sensibilität gegenüber HS während der kühleren Monate hindeutet. Die Ergebnisse dieser Auswertungen heben die Bedeutsamkeit der HS-Problematik hervor, die auch in als robust geltenden Rassen Beeinträchtigungen in Leistung und Fruchtbarkeit hervorruft. Es konnten nicht nur direkte Effekte, sondern auch zeitversetzte Effekte von HS nachgewiesen werden, was möglicherweise mit epigenetischen Modifikationen des Genoms, hervorgerufen durch HS, in Zusammenhang steht. Außerdem weisen die Ergebnisse auf eine begrenzte Kapazität von Akklimatisierungsprozessen hin, besonders wenn HS während der generell kühleren Jahreszeiten auftritt. Da in extensiven Haltungs- und Produktionssystemen, wie sie für das RHV üblicherweise Standard sind, können Ventilatoren oder Kuhduschen, wie sie in der Milchviehhaltung häufig eingesetzt werden, nicht zur Abkühlung der Tiere genutzt werden. Das Anbieten von Schatten, auf den Weideflächen kann die Leistung der Tiere jedoch positiv

beeinflussen (Mitlöhner et al., 2001). Aus diesem Grund empfehlen wir dringend das Weidemanagement in dieser Hinsicht zu optimieren und auch den uneingeschränkten Zugang zu Wasser sicherzustellen, besonders dann, wenn sich mehrwöchige Hitzeperioden andeuten oder wenn während der Frühlings- oder Herbstmonate plötzlich unerwartete hohe Temperaturen auftreten. Auch die Zucht sollte sich mit Hilfe von gezielten Zuchtstrategien zukünftig vermehrt auf die Robustheit der Tiere gegenüber HS konzentrieren. Dabei sollten Untersuchungen in Hinblick auf zeitversetzte Wirkungen von HS nicht zu kurz kommen.

AP3: Die Heritabilitäten des GG umfassten unter Berücksichtigung des 7 Tage-Zeitraums vor der Geburt und in Abhängigkeit des mTHI Schätzwerte zwischen 0,42 und 0,58 (**Abb. 12a**) und in Abhängigkeit der nHS Schätzwerte zwischen 0,42 und 0,59 (**Abb. 12b**).

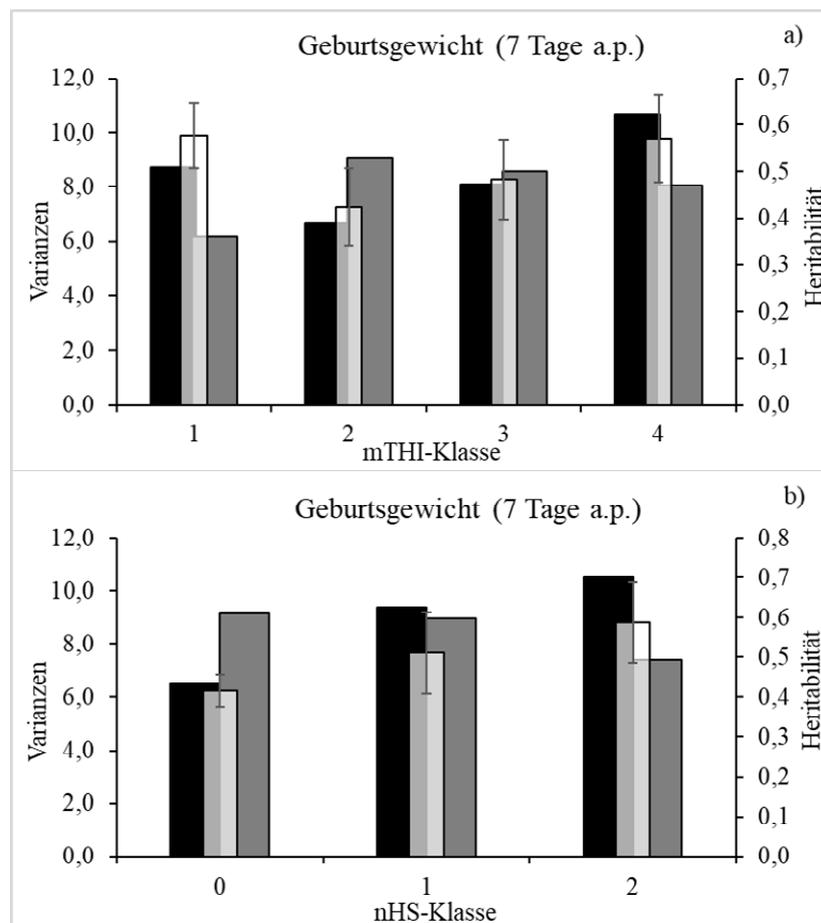


Abbildung 12: Additiv genetische Varianz (schwarz), Restvarianz (grau) und Heritabilität (weiß) mit zugehörigem Standardfehler für das Geburtsgewicht in Abhängigkeit von a) der mTHI-Klasse oder b) der nHS-Klasse im 7 Tage-Zeitraum vor der Geburt.

Diese Werte reflektieren Schätzwerte anderer Studien, z.B. Mackinnon et al. (1991) die eine Heritabilität für GG von 0,61 schätzten. In anderen Studien, in denen zusätzlich der maternale genetische Effekt im Modell mitberücksichtigt wurde, wurden für dieses Merkmal niedrigere Heritabilitäten geschätzt (Müllenhoff, 2008; Chud et al., 2004 oder Eler et al., 1995). Bei Rassen wie dem RHV, die häufig als Mutterkühe genutzt werden, werden die Kälber nicht zwangsläufig nur vom Muttertier getränkt. Exemplarisch haben wir den Einfluss des maternalen genetischen Effektes im Modell für das GG getestet und herausgefunden, dass der Effekt nur sehr gering war, was auch frühere Ergebnisse von Yin und König (2019) in der Milchrinderzucht bestätigte. Aus diesem Grund haben wir uns dazu entschieden, unsere

Modelle zu vereinfachen und den maternalen genetischen Effekt zu ignorieren. Die additive genetische Varianz war für beide HS-Indikatoren am höchsten, wenn während dieses Zeitraumes HS-Bedingungen (mTHI \geq 60 (mTHI-Klasse 4) und 4 bis 7 HS-Tage (nHS-Klasse 2)) vorlagen. Aber auch sehr niedrige mTHI-Werte \leq 39 verursachten erhöhte additiv genetische Varianzen und Heritabilitäten, im Vergleich zu mTHI-Werten des gemäßigten Bereichs. Diese Ergebnisse bestätigen die Beobachtungen von Schierenbeck et al. (2011), die unter der Gegebenheit schwieriger Umgebungen, stressbedingt, höhere additiv genetische Varianzen für Töchterleistungen nachwies. Santana et al. (2013) hingegen berichteten von höheren Heritabilitäten für GG brasilianischer Fleischrinder unter vorteilhaften Umgebungsbedingungen, im Vergleich zu unvorteilhafteren Bedingungen. Da die Genauigkeit der Selektion von der Heritabilität abhängt, deuten Veränderungen der Heritabilität in einem Merkmal über veränderte klimatische Bedingungen hinweg darauf hin, dass der Zuchterfolg eben durch die klimatischen Gegebenheiten beeinflusst wird. Epigenetische Modifikationen, hervorgerufen durch HS, wie sie bereits durch Skibieli et al. (2018) in Kühen nachgewiesen wurden, stellen eine mögliche Ursache für reduzierte Leistungen der Nachkommen dar, da sie über Generationen hinweg weitergegeben werden können. Während Merkmale benachbarter mTHI- oder nHS-Klassen genetischen Korrelationen zwischen 0,71 und 0,80 aufwiesen, lagen die genetischen Korrelationen von einander weit entfernt liegenden Klassen deutlich niedriger (**Tab. 4 und Tab. 5**). Nach Robertson (1959) und Guidolin et al. (2012) ist eine genetische Korrelation $<0,80$ mit einem Standardfehler (SE) $<0,20$ ein Indikator einer Genotyp-Umweltinteraktion. Unsere Auswertungen für GG ergaben SE zwischen 0,11 und 0,17. Auch frühere Untersuchungen (Bohlouli et al., 2013; 2018) konnten derartige Genotyp-Umweltinteraktionen, verursacht durch direkten HS, zwischen verschiedenen THI an Milchkühen beobachten.

Generell lagen die Heritabilitäten für die 200 Tage-Zunahme im moderaten bis hohen Bereich (zwischen 0,42 und 0,53 bei Betrachtung der unterschiedlichen mTHI-Klassen und zwischen 0,34 und 0,57 bei Betrachtung der unterschiedlichen nHS-Klassen). Diese Werte sind höher, verglichen mit den Ergebnissen für die Heritabilität des Absetzgewichtes von Fleischrindern anderer Studien (0,11 bis 0,28) (Bradford, et al., 2016; Jeyaruban et al., 2009; Mackinnon et al., 1991; Meyer, 1995; Santana et al., 2013; Williams et al., 2012), welches in den meisten der genetischen Studien analysiert wird und mit der 200 Tage-Zunahme vergleichbar ist. Eine mögliche Erklärung für die niedrigeren Heritabilitäten in diesem Merkmal in kommerziellen Fleischrinderrassen ist der Effekt der intensiven Selektion mit Einfluss auf phänotypische Uniformitäten (Via und Lande, 1985).

Tabelle 4: Heritabilitäten für die Merkmale Geburtsgewicht (GG), 200 Tage-Zunahme (200TZ) und 365 Tage-Zunahme (365TZ) mit zugehörigen Standardfehlern (SE) in den unterschiedlichen mTHI-Klassen (Diagonale), und genetische Korrelationen mit zugehörigen SE zwischen mTHI-Klassen im gleichen Merkmal (über der Diagonalen).

Merkmal¹ Zeitraum³	mTHI-Klasse²	1	2	3	4
GG, kg (7 Tage a.p.⁴)	1	0,58 (0,07)	0,71 (0,14)	0,71 (0,11)	0,53 (0,15)
	2		0,42 (0,08)	0,80 (0,11)	0,58 (0,17)
	3			0,48 (0,09)	0,76 (0,12)
	4				0,57 (0,09)
200TZ, kg (56 Tage a.p.)	1	0,49 (0,10)	0,51 (0,21)	0,04 (0,20)	-0,06 (0,27)
	2		0,42 (0,10)	0,38 (0,20)	0,32 (0,23)
	3			0,45 (0,08)	0,55 (0,16)
	4				0,53 (0,11)
365TZ, kg (56 Tage a.p.)	1	0,53(0,09)	0,40 (0,19)	0,34 (0,21)	0,21 (0,27)
	2		0,59 (0,11)	0,87 (0,13)	0,60 (0,22)
	3			0,38 (0,08)	0,93 (0,12)
	4				0,72 (0,16)
200TZ, kg (56 Tage p.p.⁵)	1	0,49 (0,10)	0,43 (0,18)	0,06 (0,20)	0,13 (0,22)
	2		0,63 (0,11)	0,14 (0,16)	0,09 (0,20)
	3			0,59 (0,10)	0,30 (0,18)
	4				0,60 (0,07)
365TZ, kg (56 Tage p.p.)	1	0,64 (0,11)	0,48 (0,20)	0,37 (0,22)	0,21 (0,27)
	2		0,48 (0,11)	0,43 (0,23)	0,53 (0,21)
	3			0,51 (0,12)	0,22 (0,23)
	4				0,52 (0,09)

¹Merkmale: GG = Geburtsgewicht; 200TZ = 200 Tage-Zunahme; 365TZ = 365 Tage-Zunahme.

²mTHI-Klasse = Klasse des mittleren Temperature-Humidity Index (Klasse 1: mTHI ≤ 39, Klasse 2: mTHI 40 bis 49, Klasse 3: mTHI 50 bis 59 und Klasse 4: mTHI ≥ 60).

³Zeitraum= Beobachtungszeiträume (7 Tage = 7 Tage-Zeitraum; 56 Tage = 56 Tage-Zeitraum).

⁴a.p. = ante partum / pränatal.

⁵p.p. = post partum / postnatal.

Tabelle 5: Heritabilitäten für die Merkmale Geburtsgewicht (GG), 200 Tage-Zunahme (200TZ) und 365 Tage-Zunahme (365TZ) mit zugehörigen Standardfehlern (SE) in den unterschiedlichen nHS-Klassen (Diagonale), und genetische Korrelationen mit zugehörigen SE zwischen mTHI-Klassen im gleichen Merkmal (über der Diagonalen).

Merkmal¹ Zeitraum³	nHS-Klasse²	0	1	2	3
GG, kg (7 Tage a.p.⁴)	0	0,42 (0,04)	0,86 (0,11)	0,70 (0,12)	
	1		0,51 (0,10)	0,80 (0,14)	
	2			0,59 (0,10)	
200TZ, kg (56 Tage a.p.)	0	0,43 (0,07)	0,38 (0,19)	0,13 (0,21)	0,27 (0,22)
	1		0,34 (0,10)	0,43 (0,24)	-0,06 (0,25)
	2			0,48 (0,12)	0,74 (0,19)
	3				0,57 (0,12)
365TZ, kg (56 Tage a.p.)	0	0,43 (0,07)	0,53 (0,17)	0,39 (0,22)	0,42 (0,24)
	1		0,52 (0,12)	0,77 (0,18)	0,49 (0,26)
	2			0,47 (0,13)	1,00 (0,16)
	3				0,63 (0,18)
200TZ, kg (56 Tage p.p.⁵)	0	0,42 (0,12)	0,18 (0,20)	0,11 (0,20)	-0,17 (0,20)
	1		0,45 (0,12)	0,67 (0,22)	0,13 (0,24)
	2			0,56 (0,13)	0,58 (0,18)
	3				0,61 (0,12)
365TZ, kg (56 Tage p.p.)	0	0,48 (0,08)	0,78 (0,20)	0,06 (0,23)	0,43 (0,22)
	1		0,47 (0,13)	0,64 (0,26)	0,46 (0,25)
	2			0,48 (0,16)	0,23 (0,27)
	3				0,51 (0,10)

¹Merkmale: GG = Geburtsgewicht; 200TZ = 200 Tage-Zunahme; 365TZ = 365 Tage-Zunahme.

²nHS-Klasse = Klasse der Anzahl Hitzetage (7 Tage-Zeitraum: Klasse 0: 0 Tage; Klasse 1: 1 bis 3 Tage; Klasse 2: 4 bis 7 Tage; 56 Tage-Zeitraum: Klasse 0: 0 Tage; Klasse 1: 1 bis 10 Tage; Klasse 2: 11 bis 30 Tage; Klasse 3: 31 bis 56 Tage).

³Zeitraum= Beobachtungszeiträume (7 Tage = 7 Tage-Zeitraum; 56 Tage = 56 Tage-Zeitraum).

⁴a.p. = ante partum / pränatal.

⁵p.p. = post partum / postnatal.

Die additiv genetische Varianz und die Heritabilität für die 200-Tage-Zunahme waren am höchsten, wenn der mTHI während des 56 Tage-Zeitraumes vor der Geburt ≤ 39 oder ≥ 60 war (**Abb. 13a**) oder wenn die Anzahl Hitzetage in diesem Zeitraum zwischen 31 und 56 Tagen lag (höchste nHS-Klasse) (**Abb. 13b**).

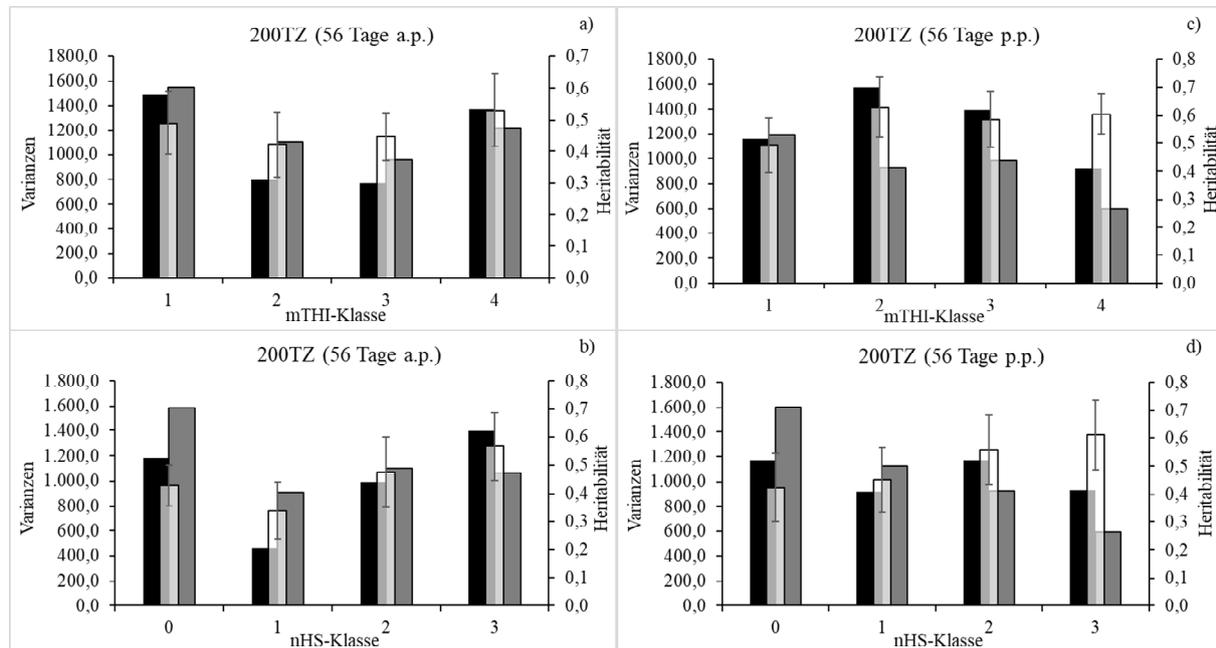


Abbildung 13: Additiv genetische Varianz (schwarz), Restvarianz (grau) und Heritabilität (weiß) mit zugehörigem Standardfehler für die 200 Tage-Zunahme in Abhängigkeit von der mTHI-Klasse im 56 Tage-Zeitraum vor der Geburt (a)) oder nach der Geburt (c)) oder der nHS-Klasse im 56 Tage-Zeitraum vor der Geburt (b)) oder nach der Geburt (d)).

Diese Ergebnisse stimmen mit den Ergebnissen dieser Studie für das GG überein, jedoch nicht mit den Ergebnissen von Bradford et al. (2016), der die höchsten Heritabilitäten für das Absetzgewicht unter thermoneutralen Bedingungen und die niedrigsten unter moderater Hitzebelastung fand. Auch andere Autoren berichteten von höheren Heritabilitäten für das Absetzgewicht unter vorteilhaften, verglichen mit rauen Umweltbedingungen (Santana et al., 2013; Williams et al., 2012). Im 56 Tage-Zeitraum nach der Geburt war lediglich HS mit einer erhöhten genetischen Differenzierung assoziiert. Ein niedriger mTHI von ≤ 39 (mTHI-Klasse 1) oder keine Hitzetage (nHS-Klasse 0) bewirkten stattdessen einen Anstieg der Restvarianz, was darauf hinweist, dass hier noch andere Umwelteffekte eine Rolle spielten, die nicht im statistischen Modell mit einbezogen wurden (**Abb. 13c**). Dazu zählt z.B. die Futtermittellieferung. Dass das Ignorieren dieses Effektes zu einer erhöhten Restvarianz für Milchleistungsmerkmale führen kann, wurde bereits in der Studie von König et al. (2005) bewiesen. Entgegen der Ergebnisse der zitierten Literatur weisen die Ergebnisse der vorliegenden Studie darauf hin, dass der Zuchtfortschritt am höchsten sein wird, wenn die Muttertiere bzw. die Kälber im 56 Tage-Zeitraum vor der Kalbung bzw. nach der Geburt unter Hitzestress leiden. Die genetischen Korrelationen zwischen den unterschiedlichen mTHI-Klassen, bezogen auf den 56 Tage-Zeitraum vor der Kalbung, lagen zwischen -0,06 und 0,55 (**Tabelle 3**). Dabei waren die genetischen Korrelationen zwischen benachbarten Klassen stärker ausgeprägt (0,38 bis 0,55) verglichen mit Klassen mit größerer Distanz zueinander (-0,06 bis 0,32). Auch zwischen nHS-Klassen mit größerer Distanz waren die genetischen Korrelationen im niedrigen Bereich (-0,06 bis 0,27), stiegen allerdings auf bis zu 0,74 zwischen nHS-Klasse 2 und nHS-Klasse 3 an (**Tabelle 4**). Dennoch waren alle genetischen Korrelationen $< 0,80$, wobei der Standardfehler (SE) jedoch die Marke von 0,20 überstieg, was, unter Berücksichtigung des Konzeptes von

Robertson (1959) und Guidolin et al. (2012), auf einige offensichtliche Genotyp-Umweltinteraktionen hindeutete. Die teilweise negativen genetischen Korrelationen zwischen weiter voneinander entfernten Klassen verweisen auf unterschiedliche genetische Mechanismen oder eine unterschiedliche Genexpression bei Hitze- oder Kältestress. Sonna et al. (2002) berichtete von ~100 Genen, die durch HS, und von ~20 Genen, die durch Kältestress beeinflusst waren, wodurch eine unterschiedliche Antwort der Genexpression hervorgerufen wird. Nach Lindquist (1986) verursachen Veränderungen der Genexpression, die durch thermalen Stress hervorgerufen wurden, Stressreaktionen der Zellen, die sich positiv auf die Thermotoleranz auswirken. Wir vermuten, dass diese Veränderungen, im Sinne der Epigenetik, generationsübergreifend wirken können.

Auch für das Merkmal 365TZ lagen die in Abhängigkeit der HS-Indikatoren geschätzten Heritabilitäten im moderaten bis hohen Bereich (0,38 bis 0,64). Ähnlich wie bereits für den Parameter 200TZ beschrieben, die mit Ergebnissen aus der Literatur für das Absetzgewicht verglichen wurden, wurde die 365TZ mit Ergebnissen aus der Literatur für das 365 Tage-Gewicht verglichen. Für das 365 Tage-Gewicht werden in der Literatur Heritabilitäten von 0,24 bis 0,62 für brasilianische Nellore-Rinder (Guidolin et al (2012) bzw. 0,32 für amerikanische Angus-Rinder angegeben (Bradford et al., 2016). Auch für die 365TZ wurden die höchsten additiv genetischen Varianzen und Heritabilitäten in der mTHI-Klasse 4 ($mTHI \geq 60$) und in der nHS-Klasse 3 (31 bis 56 HS-Tage), bezogen auf den 56 Tage-Zeitraum vor der Kalbung und nach der Geburt, gefunden (**Abb. 14a**) und **14b**). Bei Betrachtung des HS-Indikators nHS, fanden sich die höchste additiv genetische Varianz und Heritabilität (0,63) für die höchste nHS-Klasse (31 bis 56 HS-Tage). Auch für dieses Merkmal fand Bradford et al. (2016) entgegengesetzte Ergebnisse, der auch für das 365 Tage-Gewicht höhere Heritabilitäten unter klimatisch stressfreien Bedingungen nachwies, verglichen mit mittelmäßigen Hitze-Bedingungen. Im Gegensatz zur 200TZ konnten, bezogen auf den 56 Tage-Zeitraum nach der Geburt, bei der 365TZ auch erhöhte additiv genetische Varianzen und Heritabilitäten unter Kältestress-Bedingungen gefunden werden (mTHI-Klasse 1 bzw. $mTHI \leq 39$) (**Abb. 14c**) und **14d**). Generell stützen die Ergebnisse für die 365TZ jedoch die Ergebnisse der 200 Tage-Zunahme, da auch für dieses Merkmal aufgrund der erhöhten genetischen Differenzierung ein erhöhter Zuchtfortschritt zu erwarten ist, wenn die Muttertiere in den 56 Tagen vor der Kalbung oder die Kälber in den ersten 56 Lebenstagen klimatischen Stressbedingungen ausgesetzt sind. Derartige zeitversetzte Effekte von uterinem HS wurden von Kipp et al. (2020) bereits für Fruchtbarkeitsmerkmale und Langlebigkeit für Milchkühe beschrieben. Auch die Ergebnisse der genetischen Korrelationen ähnelten denen der 200TZ. So waren die genetischen Korrelationen niedriger, wenn die mTHI- oder nHS-Klassen weiter voneinander entfernt waren. Dies konnte für beide Beobachtungszeiträume (56 Tage a.p. und 56 Tage p.p.) beobachtet werden. Generell lagen die genetischen Korrelationen bei Betrachtung der mTHI-Klassen zwischen 0,21 und 0,93 (**Tabelle 4**) und bei Betrachtung der nHS-Klassen zwischen 0,06 und 1,00 (**Tabelle 5**). Bei spezieller Betrachtung der Klassen, die HS oder Kältestress für die Tiere repräsentierten (mTHI-Klasse 1 vs. mTHI-Klasse 4) zeigten eine deutliche Genotyp-Umweltinteraktion.

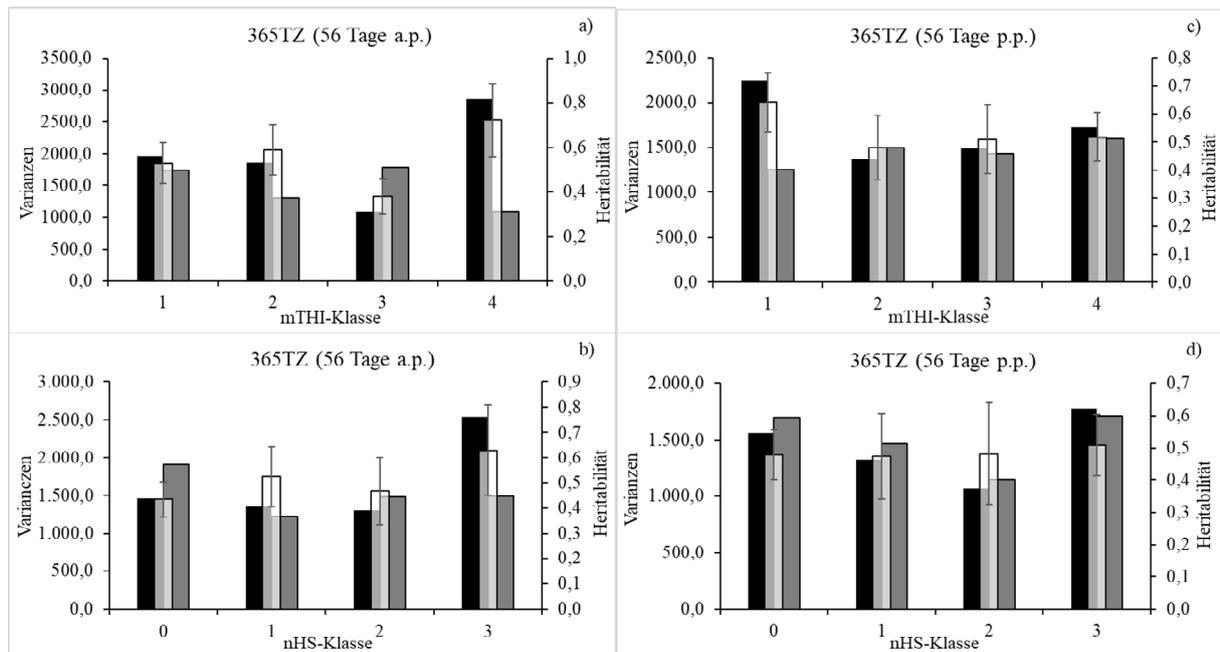


Abbildung 14: Additiv genetische Varianz (schwarz), Restvarianz (grau) und Heritabilität (weiß) mit zugehörigem Standardfehler für die 365 Tage-Zunahme in Abhängigkeit von der mTHI-Klasse im 56 Tage-Zeitraum vor der Geburt (a) oder nach der Geburt (c) oder der nHS-Klasse im 56 Tage-Zeitraum vor der Geburt (b) oder nach der Geburt (d).

Der Einbezug des THI-Effektes in die genetischen und genomischen Modelle hat zu einem Anstieg der genomischen Vorhersagemöglichkeiten und einer erhöhten Genauigkeit der Zuchtwerte geführt. Außerdem konnten Schlussfolgerungen in Hinblick auf Genotyp-Umweltinteraktionen durch Rangverschiebungen von Bullen nach geschätzten Zuchtwerten bei variierenden Umweltbedingungen gezogen werden (Bernabucci et al., 2014; Bohlouli et al., 2018; Santana et al., 2013). Vor dem Hintergrund des Klimawandels und damit einhergehenden steigenden Temperaturen ist es zwingend notwendig robuste Bullen zu selektieren, die über die gesamte THI-Skala hinweg möglichst gleichbleibende Zuchtwerte für Leistungs- und funktionale Merkmale aufweisen. Die 10 ausgewählten Bullen, deren Zuchtwerte in dieser Studie analysiert und dargestellt wurden, zeigten über alle mTHI- und nHS-Klassen eine starke Variation ihrer Zuchtwerte, was auf eine starke Sensibilität gegenüber den Umgebungsbedingungen hinweist (Streit et al., 2012) (**Abb. 15**). Nur wenige Bullen zeigten eine gewisse Robustheit mit positiven Zuchtwerten über alle Klassen hinweg. Interessanterweise gab es auch Bullen, die die höchsten Zuchtwerte in den Klassen aufwiesen, die klimatischen HS oder Kältestress repräsentierten. In Bezug zu Robustheit konnten König und May (2018) relativ stabile Bullenzuchtwerte für Merkmale mit hohen Heritabilitäten identifizieren. Für Merkmale mit niedrigen Heritabilitäten variierten die Zuchtwerte jedoch stark. Auch Yin und König (2018) konnten den Einfluss von genetischen und genomischen Herdencharakteristika auf genetische Korrelationen und Bullenzuchtwerte identifizieren.

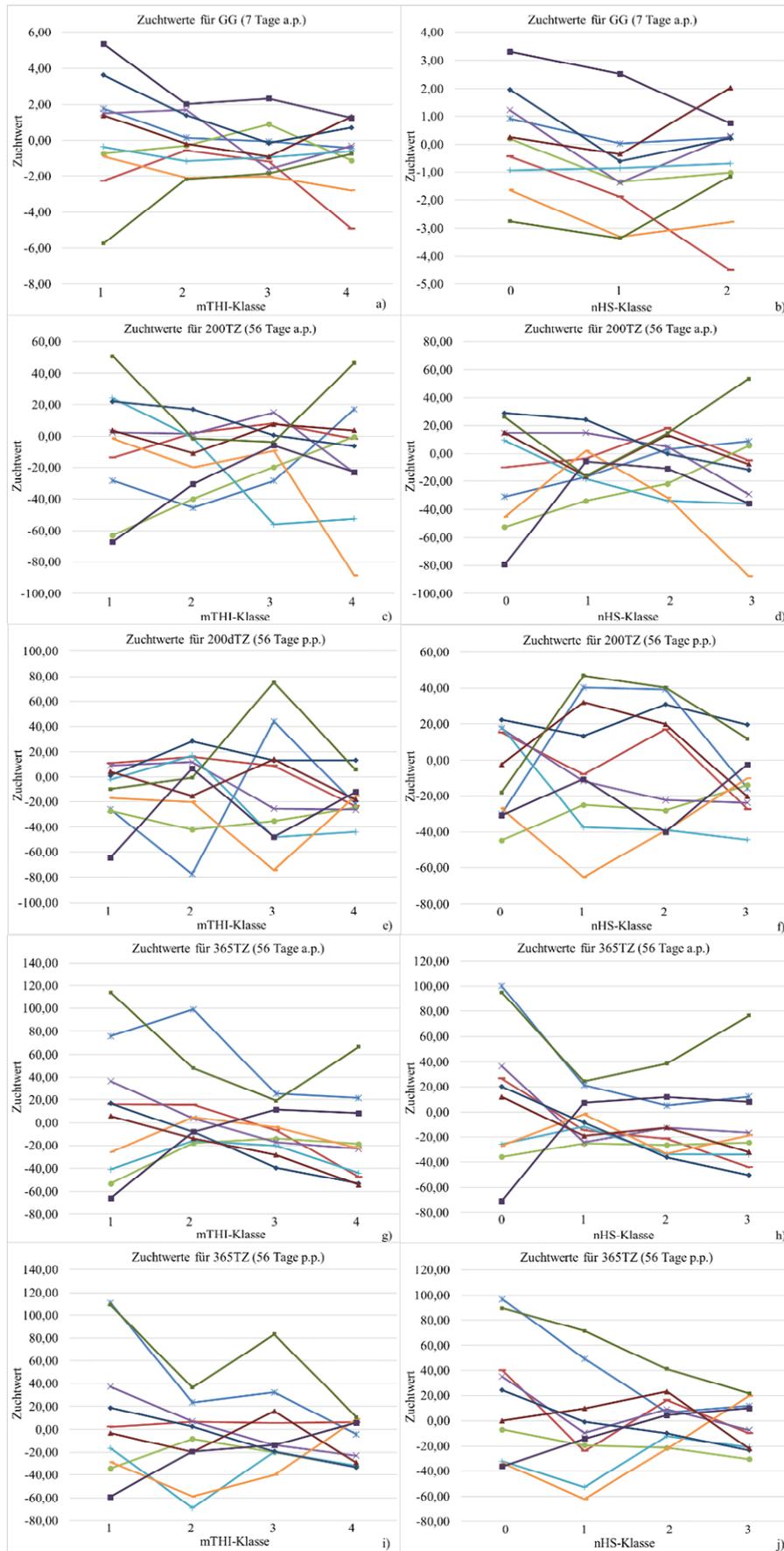


Abbildung 15: Zuchtwerte für das Geburtsgewicht, die 200 Tage-Zunahme und die 365 Tage-Zunahme der 10 ausgewählten Bullen mit mindestens 180 Nachkommen nach Klassen des mTHI (a), (c), (e), (g) und (i)) oder der nHS (b), (d), (f), (h) und (j)) in den unterschiedlichen Zeiträumen. Die individuellen Bullen sind durch die jeweils gleiche Farbe in allen Abbildungen dargestellt.

So zeigten Töchter bestimmter Bullen spezifische Reaktionen auf Umwelt- bzw. Herdenbedingungen, die Einfluss auf die Bullenzuchtwerte hatten. Bezogen auf unsere Untersuchung könnte dies bedeuten, dass die Nachkommen einiger bestimmter Bullen anfälliger für uterinen HS sind als andere. Derartige Mechanismen müssen jedoch noch tiefergehend untersucht werden. Für den praktischen Züchter bedeuten die Ergebnisse, dass es die Möglichkeit gibt, die Robustheit von extensiv gehaltenen Populationen klimatischen Einflüssen gegenüber zu verbessern. Dies bedeutet für die Selektion von Bullen, Zuchtwerte in unterschiedlichen mTHI- und nHS-Klassen zu berücksichtigen.

Klimatische Herausforderungen während der Späträchtigkeit oder auch während der ersten Lebenswochen verursachten in allen Merkmalen erhöhte additiv genetische Varianzen und Heritabilitäten. Besonders zeigte sich das im Falle von HS, aber teilweise auch für Kältestress. Durch die höheren Heritabilitäten, die unter diesen extremen Umweltbedingungen auftraten, kann der Zuchtfortschritt für die Merkmale GG, 200TZ und 365TZ erhöht sein. Aus genetischer Perspektive könnten diese Ergebnisse durch genomische Modifikationen, hervorgerufen durch uterinen HS während der Späträchtigkeit, erklärt werden. Der Einfluss von HS auf die (Ko)Varianzkomponenten verursachte genetische Korrelationen zwischen verschiedenen mTHI- oder nHS-Klassen im gleichen Merkmal von $<0,80$, was auf Genotyp-Umweltinteraktionen hinweist. Diese wurden durch Änderungen der Bullenzuchtwerte für die Leistungsmerkmale in Abhängigkeit der klimatischen Gegebenheiten bestätigt.

AP4: Im Einmerkmals-Tiermodell ohne Berücksichtigung des maternalen genetischen Effekts (**Modell 1**) (**Abb. 16**) wurde eine leicht höhere additiv genetische Varianz und eine deutlich höhere Restvarianz für den IMF geschätzt verglichen mit dem Einmerkmals-Tiermodell mit Berücksichtigung des maternalen genetischen Effekts (**Modell 2**) (**Abb. 17**).

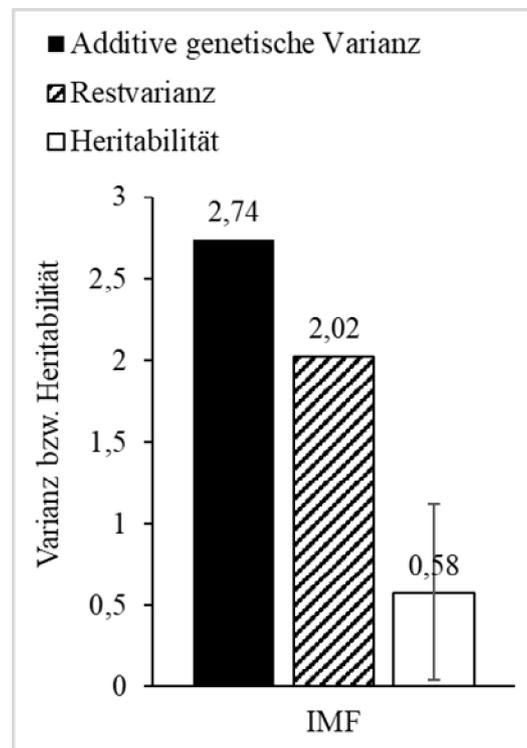


Abbildung 16: Additiv genetische Varianz (schwarz), Restvarianz (schwarz-weiß gestreift) und Heritabilität (weiß) mit zugehörigem Standardfehler für den intramuskulären Fettgehalt (IMF) (Modell 1).

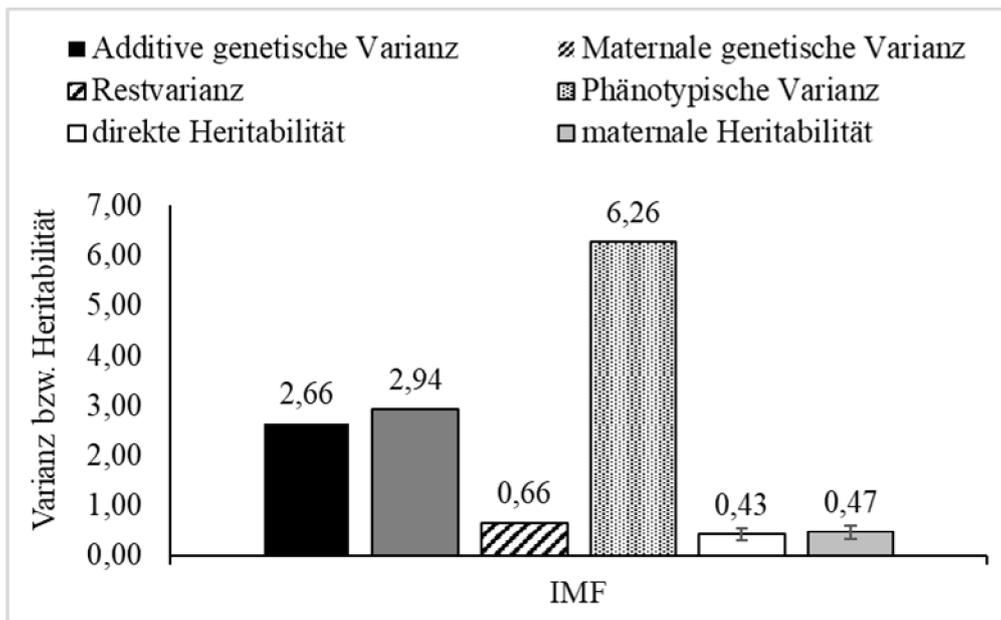


Abbildung 17: Additiv genetische Varianz (schwarz), maternale genetische Varianz (dunkelgrau), Restvarianz (schwarz-weiß gestreift), phänotypische Varianz (schwarz-weiß gepunktet), Heritabilität mit zugehörigem Standardfehler (weiß) und maternale Heritabilität mit zugehörigem Standardfehler (hellgrau) für den intramuskulären Fettgehalt (IMF) (Modell 2).

Der maternale genetische Effekt lag bei diesem Merkmal höher als der additiv genetische und sollte demnach zukünftig dringend in der Zuchtwertschätzung für dieses Merkmal berücksichtigt werden. Die Heritabilität für den IMF lag in **Modell 1** im hohen Bereich bei 0,58. In **Modell 2** lag die direkte Heritabilität ebenfalls im hohen Bereich, bei $h_a^2 = 0,43$. Die maternale Heritabilität lag bei $h_m^2 = 0,47$. Die Ergebnisse des Mehrmerkmals-Tiermodells ohne Berücksichtigung des maternalen genetischen Effekts (**Modell 3**), in dem neben dem IMF auch die Merkmale GG, 200TG und 365TG mit einbezogen waren, ergab sich für den IMF eine additiv genetische Varianz, die oberhalb der Werte der Einmerkmals-Modelle lagen. Die Restvarianz war deutlich niedriger als die additiv genetische Varianz in diesem Modell und lag zwischen den Werten aus den Einmerkmals-Tiermodellen 1 und 2. Die Heritabilität lag jedoch mit $h_a^2 = 0,71$ im hohen Bereich und damit auch deutlich höher verglichen mit den Einmerkmalsmodellen 1 und 2. In der Literatur streuen die Angaben zur Heritabilität des IMF von Fleischrindern sehr stark von 0,01 (Lee et al., 2000) bis 0,93 (Shackelford et al., 1994). Utera und Van Vleck (2004) fassten die Ergebnisse aus 72 verschiedenen Studien zusammen und fanden heraus, dass die meisten Werte im moderaten Bereich zwischen 0,30 und 0,57 lagen. Im Gesamtmittel aller Studien ergab sich eine mittlere Heritabilität von 0,37. Die Heritabilität aus **Modell 2** (0,43) liegt demnach im Bereich des Mittelwerts aus der Literatur.

Tabelle 6 zeigt die in **Modell 3** geschätzten Heritabilitäten der 4 einbezogenen Merkmale sowie die genetischen Korrelationen zwischen den Merkmalen mit zugehörigen Standardfehlern.

Tabelle 6: Heritabilitäten für das Geburtsgewicht (GG), das 200 Tage-Gewicht (200TG), das 365 Tage-Gewicht (365TG) und den intramuskulären Fettgehalt (IMF) mit zugehörigem Standardfehler (Diagonale) und genetische Korrelationen mit zugehörigem Standardfehler zwischen den Merkmalen (oberhalb der Diagonale).

Merkmal	GG	200TZ	365TZ	IMF
GG	0.37 (0.03)	0.34 (0.06)	0.28 (0.07)	0.37 (0.16)
200TG		0.39 (0.03)	0.84 (0.04)	0.16 (0.17)
365TG			0.28 (0.03)	-0.13 (0.16)
IMF				0.71 (0.11)

Es wird deutlich, dass zwischen den Merkmalen GG, 200TG und 365TG jeweils eine positive genetische Korrelation im mittleren bis hohen Bereich mit niedrigen Standardfehlern besteht. Insbesondere zwischen dem 200TG und dem 365TG besteht eine stark positive genetische Korrelation von $0,84 \pm 0,04$. Bennett und Gregory (1996) fanden zwischen dem 200TG und dem 368TG eine genetische Korrelation von 0,87, was im vergleichbaren Bereich mit dem Ergebnis der vorliegenden Studie liegt. Zwischen dem GG und dem 200TG besteht in der vorliegenden Studie nur eine moderate genetische Korrelation von $0,34 \pm 0,06$ und zwischen dem GG und dem 365TG liegt sie leicht niedriger, bei $0,28 \pm 0,07$. Müllenhoff (2008) fand zwischen dem Geburtsgewicht und dem Absetzgewicht von Dt. Angus- und Dt. Fleckvieh-Rindern eine genetische Korrelation von 0,11. Phocas und Laloë (2004) beschrieben für diese beiden Merkmale verschiedener Fleischrinderrassen genetische Korrelationen zwischen 0,26 und 0,44, was die Ergebnisse aus der vorliegenden Untersuchung unterstützt. Auch Bennett und Gregory (1996) fanden eine genetische Korrelation zwischen diesen beiden Merkmalen von 0,52, was in einem vergleichbaren Bereich liegt. Für die Merkmale GG und 368TG beschrieben Bennett und Gregory (1996) eine genetische Korrelation von 0,47, was oberhalb der in der vorliegenden Studie berechneten genetischen Korrelation zwischen diesen Merkmalen lag. Eine positive Korrelation im moderaten Bereich zum IMF besteht jedoch nur für das GG ($0,37 \pm 0,16$). Zwischen dem IMF und dem 200TG lag die genetische Korrelation deutlich niedriger bei $0,16 \pm 0,17$. Zu dem Merkmal 365TG bestand eine leicht negative Korrelation (365TG: $-0,13 \pm 0,16$), wobei der sehr niedrige Wert auf keine starke Beziehung zwischen den Merkmalen hinweisen. Shackelford et al. (1994) und Reverter et al. (2003) konnten ebenfalls eine negative genetische Korrelation zwischen dem IMF und der mittleren täglichen Zunahme von $-0,04$ bzw. $-0,01$ in Fleischrindern nachweisen. Die Ergebnisse der vorliegenden Studie bestätigen diese Ergebnisse zwar, der niedrige Wert der Korrelation zwischen diesen beiden Merkmalen zeigt jedoch, dass eine gezielte Selektion auf einen erhöhten IMF keine starke Reduktion der Jährlingsgewichte befürchten lässt. Die berechneten Heritabilitäten in den unterschiedlichen Modellen von 0,43 bis 0,71 zeigen jedoch, dass durch eine gezielte Zucht in Hinblick auf einen erhöhten IMF ein moderater bis hoher Zuchtfortschritt erwartet werden kann.

Die Analyse der Genotypen der 6 Gene *CAST*, *DGATI*, *FABP4*, *TG*, *CAPNI* und *RORC* konnte für eine Großzahl der beprobten Tiere durchgeführt werden. Leichte Unterschiede in der Anzahl der analysierten Tiere entstanden durch vereinzelt auftretende Ausfälle bei der PCR. In **Tabelle 7** ist die anteilige Verteilung der nachgewiesenen Genotypen innerhalb der RHV-Stichprobe für alle Gene dargestellt. Das jeweils laut Literatur favorisierte Allel ist rot markiert. Das Allel, welches laut eigener Auswertung eine signifikant steigernde Wirkung auf den IMF hatte, ist grün markiert (Gen *RORC*, Allel g.566*G).

Tabelle 7: Anteilige Verteilung der Genvarianten innerhalb der 6 untersuchten Gene der RHV-Tiere. Laut Literatur favorisiertes Allel (Zielallel) in rot. Allel mit signifikant positiver Wirkung laut eigener Auswertung, in grün.

Gen	Fleischqualitätsparameter	Genotyp	Genotypfrequenz n (%)	Allelfrequenz (%)	n
<i>CAST</i>	Zartheit	AA	336 (62,3)	79,4 20,6	539
		AG	184 (34,1)		
		GG	19 (3,6)		
<i>DGATI</i>	Marmorierung	AA	0 (0,0)	2,3 97,7	494
		AG	23 (4,7)		
		GG	471 (95,3)		
<i>FABP4</i>	IMF	GG	443 (82,0)	90,2 9,8	540
		CG	88 (16,3)		
		CC	9 (1,7)		
<i>TG</i>	Marmorierung	CC	318 (59,1)	75,2 24,8	538
		CT	173 (32,2)		
		TT	47 (8,7)		
<i>CAPNI</i>	Zartheit	GG	439 (82,1)	90,3 9,7	535
		CG	88 (16,4)		
		CC	8 (1,5)		
<i>RORC</i>	IMF	GG	36 (6,7)	26,1 73,9	538
		GT	209 (38,8)		
		TT	293 (54,5)		

Der r.455A>G-SNP des *CAST*-Gens ist laut Literatur positiv mit der Zartheit des Fleisches assoziiert, wobei das r.455*A-Allel das zu favorisierende Allel darstellt (Rivera-Prieto et al., 2015). Im untersuchten Tiermaterial war die Allelfrequenz des favorisierten r.455*A-Allels 79,4 %. Der Einfluss des Gens auf die Zartheit des Fleisches konnte jedoch nicht ausgewertet werden, da zu wenige Daten zur Zartheit der analysierten Proben vorlagen. Auch für den IMF konnte kein statistischer Zusammenhang mit dem r.455A>G-SNP des *CAST*-Gens nachgewiesen werden (**Abb. 18**).

Laut Thaller et al. (2003) und Avilés et al. (2013) steht der g.6829A>G-SNP des *DGATI*-Gens mit dem IMF bzw. der Rückenfettdicke in Zusammenhang. Das Allel, welchem dieser positive Einfluss zugesprochen wird, ist das g.6829*A-Allel, welches im untersuchten Tiermaterial allerdings eine Allelfrequenz von 2,3 % hatte. Der homozygote Genotyp AA wurde nicht identifiziert, bedingt durch die niedrige Allelfrequenz des Allels g.6829*A. Warum das laut Literatur in anderen Rassen als positiv wirkende Allel A in der untersuchten RHV-Population so selten vorkam bleibt zu prüfen. Möglicherweise ist die in anderen Rassen beschriebene Assoziation in RHV durch bisher noch nicht identifizierte Sequenzveränderungen im *DGATI*-Gen aufgehoben worden. Andererseits wäre es auch möglich, dass im RHV durch bisher mangelnde züchterische Berücksichtigung der Fleischqualitätsparameter auch indirekt noch nicht auf das favorisierte Allel gezüchtet wurde. Es konnte kein signifikanter Einfluss des SNP auf den IMF nachgewiesen werden.

Dem g.131C>G-SNP des Gens *FABP4* wird in der Literatur ebenfalls ein positiver Zusammenhang mit dem IMF zugesprochen (Avilés et al., 2013; Michal et al., 2006). Zwar

konnte auch für diesen SNP in den eigenen Analysen kein signifikanter Zusammenhang zum IMF nachgewiesen werden, das dabei favorisierte Allel g.131*G bewirkte allerdings leicht gesteigerte IMF-Werte und hatte eine Allelfrequenz von 90,2 %. Die Genotypfrequenz für den homozygoten Genotyp GG lag bei 82,0 %. Weitergehende Sequenzstudien im *FABP4* könnten daher in der RHV-Population sinnvoll sein, um dadurch und durch Einbeziehung weiterer Tiere diesen tendenziellen Effekt statistisch absichern zu können.

Der g.354C>T-SNP des TG-Gens ist laut Literatur positiv mit der Marmorierung des Fleisches assoziiert, wobei das Allel g.354*T das zu favorisierende Allel ist (Anton et al., 2013; Thaller et al., 2003). Die eigenen Analysen ergaben eine Allelfrequenz für dieses Allel von 24,8 %. Der Einfluss des Gens auf die Marmorierung des Fleisches konnte jedoch nicht ausgewertet werden, da die Marmorierung im Rahmen des Projektes generell nicht bestimmt wurde. Auch für den IMF konnte kein statistischer Zusammenhang mit dem SNP nachgewiesen werden.

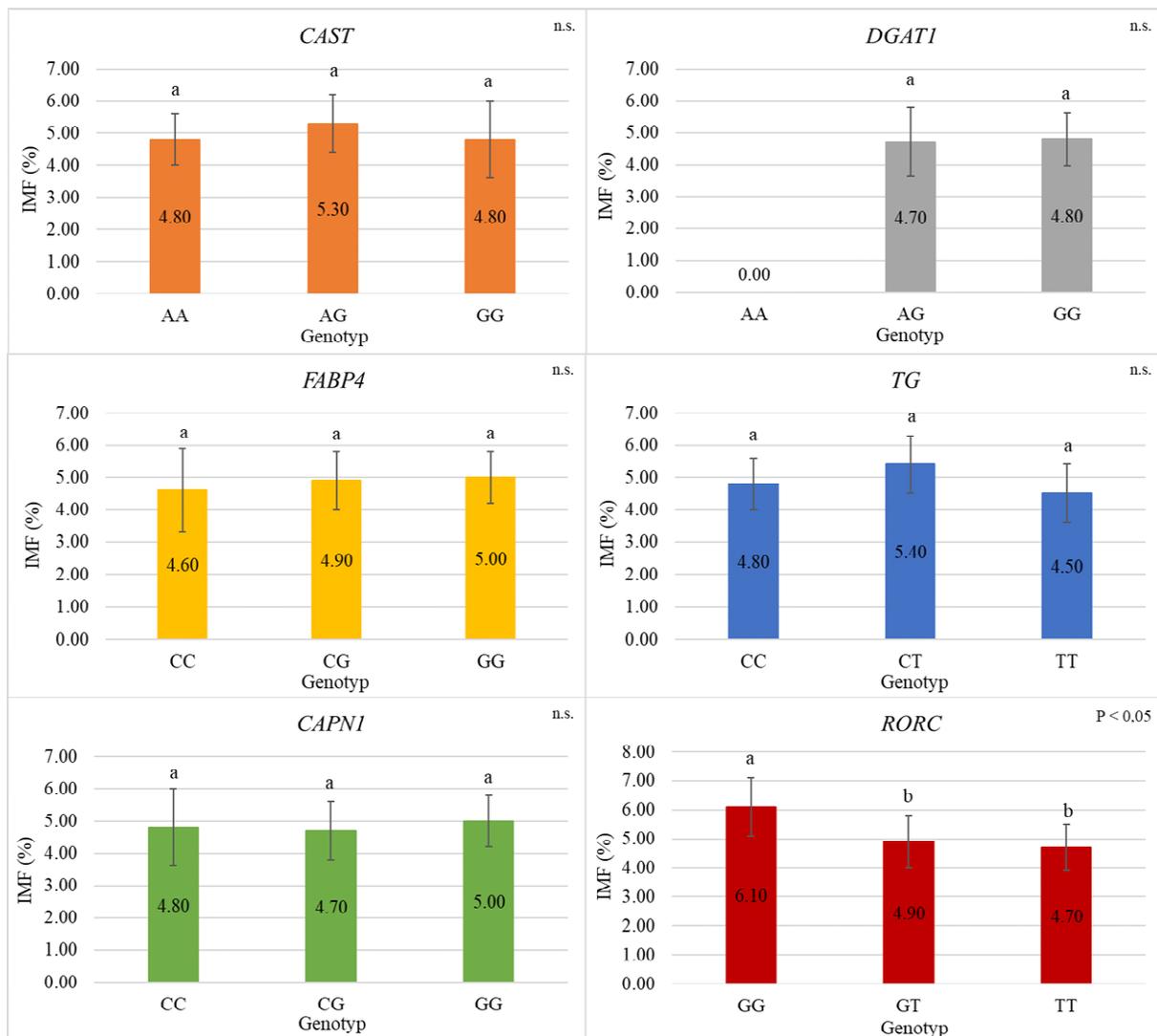


Abbildung 18: Least-squares means (LSMeans) mit zugehörigem SE für die Genotypen der Gene *CAST*, *DGATI*, *FABP4*, *TG*, *CAPNI* und *RORC*. Signifikanzen ($P < 0,05$) der paarweisen Vergleiche sind mit den Buchstaben a bis b gekennzeichnet.

Laut Page et al. (2004) steht der g.5709C>G-SNP des Gens *CAPNI* mit der Zartheit des Fleisches in Zusammenhang. Das Allel, welchem ein positiver Einfluss auf dieses Fleischqualitätsmerkmal zugesprochen wird, ist das g.5709*C-Allel. Dieses Allel hatte in der RHV-Population eine Allelfrequenz von 9,7 %. Eine statistische Auswertung zum Zusammenhang des Gens mit der Zartheit konnte aufgrund der geringen Datenmenge zur

Zartheit nicht ausgewertet werden. Auch konnte kein signifikanter Einfluss des SNP auf den IMF nachgewiesen werden.

Auch dem g.566T>G-SNP des Gens *RORC* wird in der Literatur ein positiver Zusammenhang mit dem IMF zugesprochen (Avilés et al., 2013; Barendse et al., 2010). Auch in den eigenen Analysen konnte ein signifikanter Zusammenhang zwischen dem SNP und dem IMF nachgewiesen werden ($P < 0,05$). Laut Literatur bewirkt das Allel g.566*T einen gesteigerten IMF. Dies konnte in den eigenen Analysen nicht bestätigt werden. Stattdessen stand das g.566*G-Allel in positivem Zusammenhang mit dem IMF. Dieses Allel hatte eine Allelfrequenz von 26,1 % der analysierten Proben. Der homozygote Genotyp GG hatte jedoch lediglich eine Genotypfrequenz von 6,7 %. Bei gezielter Züchtung auf einen gesteigerten IMF würde sich die Bestimmung der vorliegenden Genvariante anhand einer Haarprobe vor der Auswahl von Zuchttieren durchaus lohnen.

AP5: Die folgende **Tabelle 8** zeigt die genetischen Parameter, die für die Konstruktion des Gesamtzuchtwertes berücksichtigt wurden. Hierbei handelt es sich um gemittelte Werte aus der Fülle der durchgeführten Rechenläufe zur Schätzung genetischer Varianz- und Kovarianzkomponenten. Zuchtzielmerkmale mit entsprechenden ökonomischen Gewichten sind als zentrales Merkmal der Mastleistung das 200 Tage-Gewicht in kg (200TG), als Merkmal der weiblichen Fruchtbarkeit das Kalbeintervall in Tagen (KIV) sowie die Labormessungen für den intramuskulären Fettgehalt als Merkmal der Fleischqualität in % (IMF-LAB). Da der Selektionskandidat nicht selber geschlachtet werden darf, um den intramuskulären Fettgehalt zu bestimmen, haben wir als korreliertes Hilfsmerkmal IMF-Ultraschallmessungen (UIMF, in %) und genomische Zuchtwerte für IMF-LAB als Informationsquellen berücksichtigt. Genetische Parameter für UIMF wurden für diese Zuchtplanungsrechnungen der Literatur entnommen (Archer et al., 2004; MacNeil and Northcutt, 2008).

Tabelle 8: Phänotypische Varianzen, Erblichkeiten (Diagonalelemente), genetische Korrelationen (oberhalb der Diagonalen) und phänotypische Korrelationen für bzw. zwischen dem 200 Tage-Gewicht (200TG), dem im Labor gemessenen intramuskulären Fettgehalt (IMF-LAB), dem Kalbeintervall (KIV) und den IMF-Ultraschallmessungen (UIMF).

Trait	200TG	IMF-LAB	KIV	UIMF
200 Tage-Gewicht (200TG)	0,24	-0,05	0,00	-0,06
IMF-Labor (IMF-LAB)	-0,04	0,45	0,00	0,51
Kalbeintervall (KIV)	-0,04	-0,08	0,07	0,04
IMF-Ultraschall (UIMF)	-0,01	0,62	0,02	0,40
Phänotypische Varianz	625	0,61	547,09	0,58

Als Informationsquellen wurden somit in verschiedenen Szenarien Eigenleistungen (jeweils eine Messung) für 200TG, KIV und UIMF des weiblichen Selektionskandidaten berücksichtigt. In weiteren Szenarien wurde modelliert, wie sich der Zuchtfortschritt pro Generation ändert, wenn genomische Zuchtwerte für diese Merkmale vorliegen. Mittels genomischer Zuchtwertschätzung ist es auch möglich, für das Zuchtzielmerkmal IMF-LAB genomische Zuchtwerte auszuweisen. Daher wurde in einem finalen Szenario evaluiert, wie sich verfügbare genomische Zuchtwerte für das Merkmal IMF-LAB auf den Zuchtfortschritt pro Generation auswirken. Die Genauigkeiten der genomischen Zuchtwerte waren 0,60 für 200TG, 0,40 für KIV und 0,60 für UIMF.

Bezüglich der Festlegung der optimalen ökonomischen Gewichte für die Zuchtzielmerkmale wurde so verfahren, dass in einer Vielzahl an Rechenläufen die Relationen der ökonomischen Gewichte untereinander variiert wurden und letztendlich der Gesamtzuchtwert umgesetzt

werden sollte, der den höchsten Zuchtfortschritt pro Generation erlaubt. In einem „desired gain Ansatz“ wurde weiterhin festgelegt, dass der Zuchtfortschritt in einzelnen Merkmalen trotz positivem Zuchtfortschritt im Gesamtzuchtwert, nicht negativ sein darf. Folgende **Tabelle 9** beschreibt die Szenarien, die letztendlich zum höchsten Zuchtfortschritt bei der „desired gain“ Restriktion beigetragen haben und für die im Folgenden die Ergebnisse präsentiert werden.

Tabelle 9: Evaluierete Zuchtszenarien mit den zugehörigen Informationsquellen und ökonomischen Gewichten

Zuchtszenario	Informationsquellen (g = genomischer Zuchtwert verfügbar)	Relation der ökonomischen Gewichte der Zuchtzielmerkmale 200TG, KIF, IMF-LAB in Bezug zu den genetischen Standardabweichungen
Eigenleistung-Grau	200TG, KIV, UIMF	1:1:1
Eigenleistung-Weiß	200TG, KIV, UIMF	2:1:1
EL-G1	200TG, KIV, gIMF-LAB	1:1:1
EL-G1-B	200TG, KIV, gIMF-LAB	2:1:1
EL-G2	200TG, KIV, UIMF, gIMF-LAB	1:1:1
EL-G2-B	200TG, KIV, UIMF, gIMF-LAB	2:1:1
G3	g200TG, gKIV, gUIMF, gIMF-LAB	1:1:1
G3-B	g200TG, gKIV, gUIMF, gIMF-LAB	2:1:1

Sämtliche hier dargestellten Zuchtszenarien ermöglichen sowohl einen Gesamtzuchtfortschritt pro Generation als auch Zuchtfortschritt in allen Einzelmerkmalen. Das gilt generell, wenn die ökonomischen Gewichte im Bereich von 1:1 zu 2:1 je genetischer Standardabweichung zwischen den Merkmalen variiert werden. Es wird aber deutlich (**Abbildung 19**), dass insbesondere eine stärkere wirtschaftliche Gewichtung für das 200 Tage-Gewicht (200TG) zu deutlich höherem Gesamtzuchtfortschritt führt, verglichen mit identischer Merkmalsgewichtung aller Zuchtzielmerkmale je genetischer Standardabweichung. Dieses Resultat ist in der günstigen Merkmalsbeziehung von 200TG zu den übrigen Merkmalen begründet. Weiter fällt auf, dass doch deutlich höherer Gesamtzuchtfortschritt realisiert werden kann, wenn der Selektionskandidat für das Fleischqualitätsmerkmal im Zuchtziel (IMF-LAB) einen genomischen Zuchtwert hat. Schon bei niedrigen Genauigkeiten der genomischen Zuchtwerte für IMF-LAB zeigen sich Vorteile verglichen mit Selektionsstrategien, die auf dem Hilfsmerkmal UIMF basieren (Vergleich des Szenarios G3 mit EL-G2 oder Vergleich des Szenarios G3-B mit EL-G2-B). Eine Zucht auf Eigenleistung ganz ohne genomische Zuchtwerte ist nur dann konkurrenzfähig mit den entsprechenden genomischen Szenarien, wenn die Genauigkeit des genomischen Zuchtwertes für IMF-LAB unter 0,40 liegt. Im vorliegenden Projekt konnte aber schon anhand einer recht kleinen Lernstichprobe gezeigt werden, dass für moderat bis hoch erbliche Merkmale der Fleischqualität Genauigkeiten über 0,40 realisiert werden.

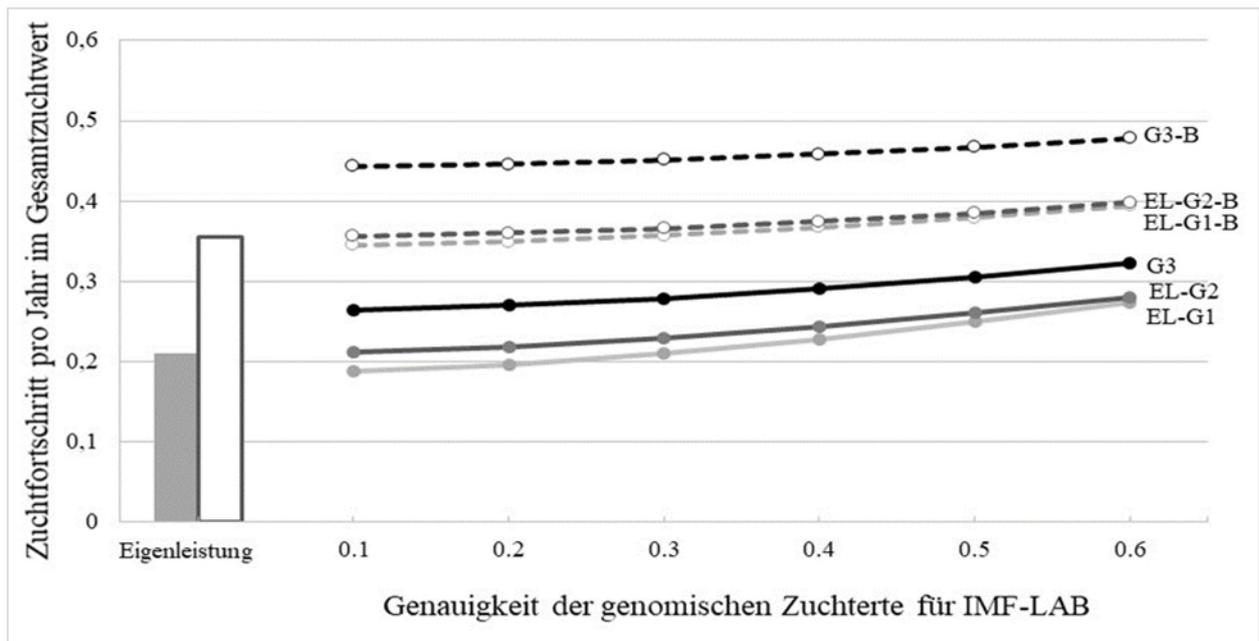


Abbildung 19: Gesamtzuchtfortschritt in einem Zuchtziel mit 200 Tage-Gewicht, Kalbeintervall und intramuskulären Fettgehalt für verschiedene züchterische Szenarien (Erklärungen dazu im Text).

AP6: Die Schätzung der genetischen Parameter für das Fleischqualitätsmerkmal IMF unter Einbezug des HS-Indikators mTHI in das erweiterte statistische Modell ergab einen deutlichen Effekt auf die additiv genetische Varianz und die Heritabilität. Zwar lagen die Heritabilitäten für den IMF in beiden Vergleichsklassen des mTHI ($mTHI < 50$ und $mTHI \geq 50$) im hohen Bereich, sie war jedoch unter HS-Bedingungen noch deutlich höher ($h_a^2 = 1,00$) als unter klimatisch neutralen Bedingungen ($h_a^2 = 0,74$) (**Abb. 20**).

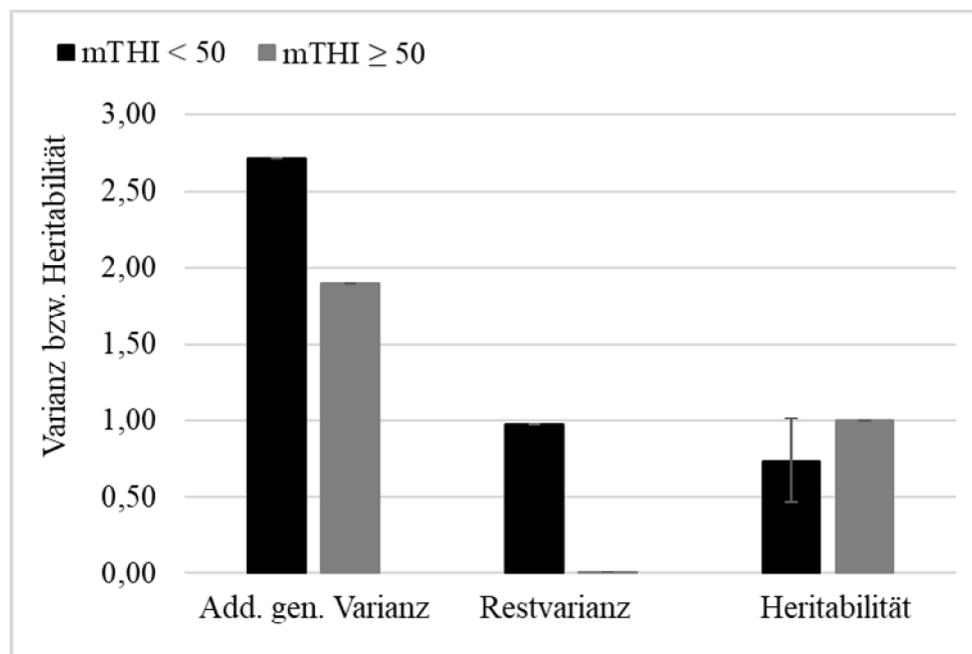


Abbildung 20: Additiv genetische Varianz, Restvarianz und Heritabilität mit zugehörigen Standardfehler für den intramuskulären Fettgehalt in Abhängigkeit von der mTHI-Klasse im 30 Tage-Zeitraum vor der Schlachtung.

Der Zuchterfolg auf das Merkmal IMF kann demnach erhöht sein, wenn die Tiere in den 30 Tagen vor der Schlachtung Hitzestressbedingungen ausgesetzt sind. Ähnlich der Ergebnisse für die Leistungsmerkmale, deuten die Ergebnisse für den IMF auf eine ausgeprägtere genetische Differenzierung unter klimatisch herausfordernden Gegebenheiten hin. Zwischen den unterschiedlichen mTHI-Klassen im gleichen Merkmal bestand eine genetische Korrelation von $-0,75 \pm 0,35$, was auf Genotyp-Umweltinteraktionen hinweist. Klimatischer Stress kann die Fleischqualität beeinflussen (Park et al., 2018). Mader und Davis (2004) fanden eine gesteigerte Marmorierung in Angus-Kreuzungen, wenn diese Tiere stärkerem Hitzestress ausgesetzt waren und vermuteten, dass Hitzestress die IMF-Ablagerung steigert. Kadim et al. (2004) fanden ebenfalls einen positiven Effekt von Hitze auf die Fleischqualität. So konnten sie eine erhöhte Zartheit und einen reduzierten Koch-Saftverlust in der heißen Jahreszeit im Vergleich zur kühlen Jahreszeit nachweisen. Die Autoren vermuten, dass die erhöhte Zartheit in direktem Zusammenhang mit dem unter Hitzebedingungen ebenfalls nachgewiesenem erhöhten pH-Wert des Fleisches steht. Hinweise für Genotyp-Umweltinteraktionen für den IMF bei unterschiedlich starker Fütterung konnten von Hay und Roberts (2018) nachgewiesen werden. Genotyp-Klimainteraktionen für den IMF von Fleischrindern gibt es in der Literatur bisher nicht zu finden.

3.2 Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse

Die Ergebnisse des vorliegenden Projektes tragen dazu bei, das Potenzial der bedrohten Nutztierassen zur Qualitätsfleischerzeugung, insbesondere durch züchterische Strategien, zu verdeutlichen. Das Rote Höhenvieh ist eine der größeren bedrohten Nutztierpopulationen mit Tendenz zu steigenden Populationszahlen. Nicht zuletzt erfreute sich das Rote Höhenvieh aufgrund einer finanziellen Förderung zur Erhaltung der Rasse großer Beliebtheit. Diese Förderung soll wirtschaftliche Nachteile bei der Haltung bedrohter Rassen ausgleichen. Gleichzeitig gilt es bei der Haltung bedrohter Rassen aber auch, eine Eigenständigkeit der Rasse anzustreben. Eine solche Eigenständigkeit kann über nachgewiesene hohe Produktqualitäten begünstigt werden. Bisher haben allerdings kaum Landwirte und Tierhalter mit bedrohten Nutztierassen Kenntnis über die tatsächlichen Qualitäten ihrer Fleischerzeugnisse. Häufig werden die Tiere in kleinen Strukturen geschlachtet, eine Erfassung von Schlachtkörpermerkmalen findet dort nicht statt. Für eine Optimierung von Qualität ist deren Erfassung allerdings zwingend notwendig. Dieses Projekt diene demnach dazu, einerseits Aufschluss über den aktuellen Status Quo der Fleischqualität des RHVs zu erhalten, soll andererseits aber auch dazu führen, dass die Züchter und Halter der Rasse ihre Fleischerzeugung zielgerichteter durchführen.

Die Ergebnisse zeigen, dass eine hohe Fleischqualität nicht unbedingt per se durch die Wahl der Rasse garantiert wird. Vielmehr führen die sehr stark heterogenen Strukturen dazu, dass eine hohe Variation der Fleischqualitätsmerkmale, nicht zuletzt bedingt durch die zahlreichen Einflussfaktoren auf die Fleischqualität, vorherrscht.

Die Ergebnisse dieses Projektes zeigen auf, dass das Potenzial des Roten Höhenviehs zur Qualitätsfleischerzeugung bisher nicht zielführend genutzt wird. Die hohe Variation der Ergebnisse des IMF zeigt, dass hohe Fleischqualitäten unter verschiedenen Voraussetzungen durchaus erreichbar wären. Allerdings kann nur durch entsprechende Maßnahmen wie Kastration, Fütterung und durchdachten Zuchttiereinsatz auch ein annäherndes Qualitätsniveau erreicht werden. Auch der alleinige, ungesteuerte Einsatz der Rasse in der Landschaftspflege bzw. Weidefütterung reicht nicht aus, um entsprechende Produktqualitäten des Fleisches zu erreichen. Darüber hinaus erschweren Zielkonflikte der Fleischerzeugung und des Naturschutzes eine entsprechende Strategie. Eine solche Strategie setzt allerdings eine

entsprechende Zielsetzung zur Qualitätsfleischerzeugung voraus. Diese Zielkonflikte lassen sich kaum einzelbetrieblich lösen. Durch eine sehr gute Vernetzung der RHV-Betriebe in den entsprechenden Regionen, aber auch durch das bereits starke Engagement des Zuchtverbandes ließen sich diese Probleme allerdings möglicherweise dezentral lösen.

Die im Projekt durchgeführten Analysen ausgewählter, mit der Fleischqualität in Verbindung stehender Gene, ließen ein gewisses Potenzial für eine gezielte Selektion auf eine erhöhte Fleischqualität innerhalb der RHV-Population erkennen. Insbesondere die hohe Erbllichkeit des Merkmals IMF spricht dafür, dass sich die Fleischqualität mit Hilfe einer frühzeitig durchgeführten Genotypenbestimmung und damit zielgerichteter Zuchttierauswahl, verbessern lässt. Im Bestreben den Rasseerhalt auch zukünftig zu sichern, stellt die gezielte Ausnutzung dieses Potenzials eine Chance dar, die nicht zwangsläufig mit dem Gedanken, die Rasse in seiner Ursprünglichkeit zu erhalten und sie auch weiterhin in der Landschaftspflege und Mutterkuhhaltung einzusetzen, in Konflikt steht.

Für zukünftige züchterische Strategien wurde das Modell einer Zuchtwertschätzung entwickelt, welches neben der Berücksichtigung der neuen Phänotypen für Fleischqualitätsmerkmale (IMF) erlaubt, detaillierte Umweltbedingungen abzubilden. Dieser Prototyp der Zuchtwertschätzung kann für ähnliche Fragestellungen genutzt werden, wenn es darum geht, robuste Genetik, also insbesondere Vatertiere mit stabilen Zuchtwerten über einen breiten Umweltgradienten hinweg, zu selektieren. Auch die Methodik zur Kombination von phänotypischen und genomischen Daten für eine breite Merkmalspalette im Selektionsindex ist neuartig bzw. wurde in diese Form noch nicht in anwenderfreundliche Computergprogramme umgesetzt. Das ist im Rahmen des Forschungsvorhabens gelungen. Somit steht der RHV-Zucht ein breites Instrumentarium zur Verfügung, das auch zukünftig in Selektions- und Anpaarungsentscheidungen genutzt werden kann.

In den drei Projektjahren waren die Projektpartner TierZucht-GI und TierEG-KS um einen intensiven Austausch mit der BAG-RHV und den RHV-Züchtern bemüht. Dabei wurden nicht nur Besprechungstermine, u.A. zur Projektvorstellung, Projektumsetzung, oder zum Ergebnis-Transfer in die Praxis angesetzt, sondern auch Vorträge auf Züchtertreffen, oder internationalen Tagungen gehalten, um die Erkenntnisse der Projektanalysen umfangreich zu verbreiten. Auch wurden Artikel in nationalen und internationalen Fachzeitschriften zur Veröffentlichung eingereicht, bzw. bereits veröffentlicht. Eine detaillierte Auflistung ist nachfolgend gegeben:

Besprechungen:

- 1) Vorstellung des Projektvorhabens und Austausch mit der BAG-RHV bezüglich der Projektumsetzung auf dem Vorstandstreffen (BAG-RHV) am 30.05.2018 in Witzenhausen.
- 2) Diskussion vorläufiger Ergebnisse und Austausch zum Transfer der Ergebnisse in die Praxis mit einem Vorsitzenden der BAG-RHV am 19.01.2021 in Gießen.

Vorträge:

- 1) Vortrag zur Projektvorstellung auf dem Züchtertreffen der Bundesarbeitsgemeinschaft Rotes Höhenvieh (BAG-RHV) am 24. und 25.08.2018 in Ostercappeln-Venne.

L. Schulz, K. Halli

Titel: Project Q-Fleisch RHV

- 2) Vortrag zur Vorstellung erster Zwischenergebnisse auf dem Züchtertreffen der Bundesarbeitsgemeinschaft Rotes Höhenvieh (BAG-RHV) am 24.08.2019 in Tanne.
L. Schulz
Titel: Entwicklung einer Zuchtwertschätzung unter Einbezug der Fleischqualität der Rinderrasse Rotes Höhenvieh
- 3) Vortragsbeitrag für die 70. Jahrestagung der Europäischen Vereinigung für Tierwissenschaften (EVT Jahrestagung 2019, 26. – 30.08.2019) in Gent, Belgien:
K. Halli, K. Brügemann, M. Bohlouli und S. König
Titel: Impact of heat stress on weights, weight gain and fertility in the local breed ‘Rotes Hoehenvieh’.
- 4) Angenommener Vortragsbeitrag für die 72. Jahrestagung der Europäischen Vereinigung für Tierwissenschaften (EVT Jahrestagung 2021, 30.08. – 03.09.2021) in Davos, Schweiz:
K. Halli, K. Brügemann, M. Bohlouli, T. Yin und S. König
Titel: Transgenerational heat stress effect on genetic parameters for weight traits in dual-purpose cattle.

Veröffentlichungen:

- 1) Journal Article in der internationalen Fachzeitschrift “Translational Animal Science” (Transl. Anim. Sci. 2020.4:1-12. doi: 10.1093/tas/txaa148)
K. Halli, K. Brügemann, M. Bohlouli und S. König
Titel: Time-lagged and acute impact of heat stress on production and fertility traits in the local dual-purpose cattle breed ‘Rotes Höhenvieh’ under pasture-based conditions.
- 2) Akzeptiertes Manuskript in der internationalen Fachzeitschrift „Journal of Animal Science“ (J. Anim. Sci. doi:10.1093/jas/skab106, Akzeptiert am 24.03.2021)
K. Halli, K. Brügemann, M. Bohlouli, T. Yin und S. König
Titel: Heat stress during late pregnancy and postpartum influences genetic parameter estimates for birth weight and weight gain in dual-purpose cattle offspring generations.
- 3) Manuskript eingereicht zur Veröffentlichung in der Fachzeitschrift „Züchtungskunde“
Lisa Schulz, Kathrin Halli, S. König, A. Sundrum
Titel: Potentiale der Qualitätsfleischerzeugung in Verbindung mit der bedrohten Rinderpopulation Rotes Höhenvieh.

4. Zusammenfassung

Für Rassen mit kleiner Populationsgröße ist es schwer in den Merkmalen der routinemäßigen Leistungsprüfung mit kommerziellen Fleischrassen zu konkurrieren. Die Population der deutschen Rasse „Rote Höhenvieh“ besteht heute aus 2006 weiblichen und 157 männlichen im Herdbuch eingetragenen Tieren und wird auf den Listen der bedrohten Nutztierpopulationen als Erhaltungs- oder Beobachtungspopulation geführt. Sie gilt im Fleischrasse-Spektrum als „mittelrahmig“ und wird vorrangig in der Mutterkuhhaltung und zur Landschaftpflege eingesetzt. Auch wenn umfangreiche wissenschaftliche Untersuchungen zur Fleischqualität der Rasse bisher noch nicht zur Verfügung standen, wird dem RHV eine hohe Fleischqualität in den Produktionseigenschaften nachgesagt. Merkmale der Fleischqualität (z.B. der IMF) sind daher für diese Rasse von besonderem Interesse, da sie bisher in der Zuchtwertschätzung nicht bedacht wurden. Ausgehend von der Grundlage der extensiven Weidehaltung mit der Zielsetzung der Weidemast auf teilweise benachteiligten Standorten, sollte überprüft werden, ob sich dieses Produktionsverfahren auf die Fleischqualität der Rasse auswirkt und somit zum Rasseerhalt beitragen kann. Die Arbeitshypothese bestand darin, dass bezüglich einer extensiven Weidemast von Bullen, Ochsen und Färsen deutliche Unterschiede innerhalb der Rasse RHV für Merkmale der Fleischqualität bestehen, dass aber aufgrund von unterschiedlichen Produktionsbedingungen relevante Genotyp-Umweltinteraktionen auftreten. Die Aufgabenstellung des Projektes lautete daher, ein züchterisches Konzept für Merkmale der Fleischqualität, mit Einzelzuchtwerten für Fleischqualitätsmerkmale, Produktionsmerkmale und funktionale Merkmale als auch Gesamtzuchtwerten oder Selektionsinizes, bei der bedrohten Rasse „Rotes Höhenvieh“ zu entwickeln.

Im Rahmen der Besuche auf den teilnehmenden Betrieben wurde schnell deutlich, dass das RHV aus Gründen der Landschaftspflege und des Naturschutzes fast ausschließlich sehr extensiv gehalten wird. Eine gezielte Fütterung bzw. Kraftfuttergabe oder Endmast zur Beeinflussung der Fleischqualität erfolgt nur selten, weshalb nur eine sehr geringe Anzahl an Proben aus Betrieben mit gezielter Fütterung zur Verfügung stand. Auch konnte das Grünland in seiner Diversität und in seinem Aufwuchs nicht erfasst werden. Die ursprünglich geplante Formulierung von Fütterungsstrategien zur Optimierung der Fleischqualitätsmerkmale war dadurch nicht möglich. Anhand aktueller Literatur und auch durch den direkten Austausch mit den Betriebsleitern konnte das Klima, insbesondere Hitzestress, als wesentliche Kenngröße mit Einfluss auf die Leistung und auf die Fruchtbarkeit von RHV-Tieren identifiziert werden, weshalb er stattdessen als entscheidender Umweltfaktor in der Modellentwicklung der Zuchtwertschätzung berücksichtigt wurde.

Zu Projektbeginn und in darauffolgenden Projektjahren wurden Merkmalsdaten der routinemäßigen Leistungsprüfung (Geburtsgewichte, 200 Tage- und 365 Tage-Gewichte, Kalbungen, Totgeburten) sowie Abstammungsdaten der letzten 21 Jahre beim VIT (Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.) angefordert. Alle teilnehmenden Betriebe wurde zu Projektbeginn angefahren und mittels eines Fragebogens in Hinblick auf Haltung und Produktionsrichtung charakterisiert. Datenlogger zur Klimaaufzeichnung wurden auf ausgewählten Betrieben aufgehängt um eine standortgenaue Datenaufzeichnung zu gewährleisten. Für die übrigen Betriebe wurden Klimadaten der jeweils nächstgelegenen Wetterstation heruntergeladen und den Betrieben zugeordnet. Im Laufe der 3 Projektjahre wurden insgesamt 605 Proben (539 RHV-, 42 Angus-, 22 Gelbvieh- und 2 Glanrind-Proben) auf den 29 teilnehmenden Betrieben gesammelt und TierEG-KS zur Fleischqualitätsanalyse zur Verfügung gestellt. Im Rahmen von molekulargenetischen Analysen wurden von TierZucht-GI alle Proben auf SNPs in 6 unterschiedlichen Genen, die laut Literatur bekannt dafür sind, mit

der Fleischqualität in Verbindung zu stehen (*DGATI*, *CAPNI*, *TG*, *FABPI*, *RORC* und *CAST*), bestimmt. Die Genotypen wurden auf ihre Verteilung in der gesammelten Stichprobe der RHV-Population untersucht und bezüglich ihres Einflusses auf die Fleischqualität analysiert, um auch direkte Geneffekte in der Zuchtwertschätzung zu berücksichtigen und somit die Genauigkeit der Zuchtwertschätzung zu erhöhen, wurde ein Teil der Projektgelder umgewidmet und zusätzlich Haushaltsgelder von TierZucht-GI verwendet, um insgesamt 384 Tiere genotypisieren zu lassen.

Die Variation der Leistungsmerkmale und des IMF in der RHV-Population konnte in einer Stichprobe erfasst werden. Das Potential zur Verbesserung des IMF konnte anhand der gesammelten Proben grob eingeschätzt werden. Dabei streuten die IMF-Gehalte der gesammelten RHV-Proben zwischen 0,02 % IMF und 22,9 % IMF. Der mittlere IMF-Gehalt aller RHV-Proben lag bei 2,5 % (SD: 2,8). Der IMF von Ochsen war mit Mittelwerten von 5,9 % am höchsten, gefolgt von Färsen (4,7 %) und Bullen (1,7 %). Signifikante Einflüsse auf den IMF hatte das Geschlecht ($P < 0,01$) und die Produktionsausrichtung ($P < 0,05$). Tendenzielle Einflüsse hatte das Schlachalter ($P < 0,06$). Der Betrieb hatte keinen signifikanten Einfluss (n.s.).

Die phänotypischen Auswirkungen des Klimas auf die Merkmale der routinemäßigen Leistungsprüfung waren insbesondere in Hinblick auf Hitzestresseffekte deutlich. Das Geburtsgewicht und die Wahrscheinlichkeit für Totgeburten wurden insbesondere von Hitzestress (HS) vor Herbstgeburten negativ beeinflusst, was auf eine erhöhte Sensibilität gegenüber HS während der generell kühleren Herbstmonate hindeutete. Die Gewichtszunahmen hingegen wurden durch HS am stärksten beeinträchtigt, wenn dieser über die ersten 6 bis 8 Lebenswochen des Kalbes auftrat. Generell hatten Kälber, die während der Sommermonate geboren wurden und dabei vor oder nach der Geburt unter HS litten, niedrigere Zunahmen als Kälber, die während anderer Jahreszeiten oder unter kühleren Bedingungen geboren wurden. Verlängerte Zwischenkalbezeiten (ZKZ) traten vorwiegend dann auf, wenn die Kühe nach Frühlingsgeburten unter HS litten, was die Theorie der erhöhten Sensibilität gegenüber HS während der kühleren Monate hindeutet.

Auch auf die genetischen Parameter und Zuchtwerte für die Merkmale der routinemäßigen Leistungsprüfung konnten Effekte des Klimas nachgewiesen werden. Dabei verursachten herausfordernde klimatische Bedingungen während der Spätträchtigkeit oder auch während der ersten Lebenswochen des Kalbes in allen Merkmalen erhöhte additiv genetische Varianzen und Heritabilitäten. Besonders zeigte sich das im Falle von HS aber teilweise auch für Kältestress. Auch auf das Fleischqualitätsmerkmal „IMF“ konnte ein Effekt des Klimas auf die genetischen Parameter nachgewiesen werden. So konnte auch für dieses Merkmal eine erhöhte Heritabilität unter HS-Bedingungen nachgewiesen werden. Für den Zuchtfortschritt bedeutet dies, dass extreme klimatische Bedingungen während der untersuchten Zeiträume in diesen Merkmalen begünstigend wirken können. Der Einfluss von HS auf die (Ko)Varianzkomponenten lässt Genoty-Umweltinteraktionen vermuten, was durch Änderungen der Bullenzuchtwerte für die Leistungsmerkmale in Abhängigkeit der klimatischen Gegebenheiten bestätigt wurde.

Sämtliche berechneten Zuchtszenarien ermöglichten sowohl einen Gesamtzuchtfortschritt pro Generation als auch Zuchtfortschritt in allen Einzelmerkmalen. Insbesondere eine stärkere wirtschaftliche Gewichtung für das 200 Tage-Gewicht (200TZ) führte zu deutlich höherem Gesamtzuchtfortschritt verglichen mit identischer Merkmalsgewichtung aller Zuchtzielmerkmale je genetischer Standardabweichung. Weiterhin wurde deutlich, dass ein deutlich höherer Gesamtzuchtfortschritt realisiert werden kann, wenn der Selektionskandidat für das im Labor gemessene Fleischqualitätsmerkmal IMF im Zuchtziel (IMF-LAB) einen

genomischen Zuchtwert hat. Im vorliegenden Projekt konnte schon anhand einer recht kleinen Lernstichprobe gezeigt werden, dass für moderat bis hoch erbliche Merkmale der Fleischqualität Genauigkeiten über 0,40 realisiert werden.

Nach unter Absprache erfolgten Änderungen im Projektablauf konnte ein Großteil der im Rahmen des Projektes ursprünglich geplanten Ziele erreicht werden. Eine hohe Fleischqualität durch die Wahl der Rasse „Rotes Höhenvieh“ kann dem praktischen Landwirt nicht garantiert werden. Vielmehr hat sich eine hohe Variation des Fleischqualitätsmerkmals „IMF“ gezeigt, was auch für ein gewisses Potenzial zur Qualitätsfleischerzeugung spricht. Dieses Potenzial wird allerdings aktuell noch nicht ausreichend ausgenutzt, obwohl durch Kastration, Fütterung und durchdachten Zuchttiereinsatz ein hoher IMF erreicht werden kann. Der alleinige, ungesteuerte Einsatz der Rasse in der Landschaftspflege bzw. Weidefütterung reicht allerdings nicht aus, um entsprechende Produktqualitäten des Fleisches zu erreichen.

Der Einbezug des Umwelteffekts „Klima“ in den Mischmodellgleichungen der Zuchtwertschätzung hob die Wichtigkeit dieses Faktors auch auf robuste Rinderrassen hervor. Es konnten nicht nur direkte Effekte, sondern auch zeitversetzte Effekte von HS nachgewiesen werden, was möglicherweise mit epigenetischen Modifikationen des Genoms, hervorgerufen durch HS, in Zusammenhang steht. Außerdem weisen die Ergebnisse auf eine begrenzte Kapazität von Akklimatisierungsprozessen hin, besonders wenn HS während der generell kühleren Jahreszeiten auftritt. Die Ergebnisse unterstreichen die Notwendigkeit auch unter extensiven Haltungsbedingungen klimatische Stresssituationen, insbesondere Hitzestress, zu vermeiden. Hier stehen das Anbieten von Schatten auf den Weideflächen sowie der uneingeschränkte Zugang zu Wasser im Hauptfokus. Besonders dann, wenn sich mehrwöchige Hitzeperioden andeuten oder wenn während der Frühlings- oder Herbstmonate plötzlich unerwartete hohe Temperaturen auftreten. Auch die Zucht sollte sich mit Hilfe von gezielten Zuchtstrategien zukünftig vermehrt auf die Robustheit der Tiere gegenüber HS konzentrieren. Die Genotypen des mit dem IMF in Verbindung stehenden g.566T>G-SNP des Gens *RORC* und evtl. dem g.131C>G-SNP des Gens *FABP4* können zukünftig anhand einer Haarprobe des zu analysierenden Tieres auch weiterhin von TierZucht-GI bestimmt werden. Die gewonnene Information der Genanalysen können dann von Züchtern für die Selektion von Zuchttieren genutzt werden. Die Modelle und Programme zur Durchführung der Zuchtwertschätzung wurden erstellt und stehen auch zukünftig zur Verfügung. Die Zuchtwertschätzung kann demnach auch nach Projektende von TierZucht-GI durchgeführt werden.

5. Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen; ggf. mit Hinweisen auf weiterführende Fragestellungen

Die im Verlauf des Projektes zu erreichenden Arbeitsziele waren:

- a) Die Entwicklung einer Zuchtwertschätzung für Fleischqualitätsmerkmale.
- b) Die Entwicklung von Gesamtzuchtwerten und Selektionsindizes unter Berücksichtigung der Fleischqualität.
- c) Die Entwicklung eines Zuchtwertschätzverfahrens, das anstelle des allgemeinen Betriebseffekts stattdessen detaillierte Informationen zu den Umwelteffekten in den Mischmodellgleichungen berücksichtigt.
- d) Die Untersuchung der Auswirkungen von Fütterungsstrategien auf die Merkmale der Produktivität und der Fleischqualität.
- e) Die Untersuchung auf Genotyp x Umweltinteraktionen bei der Weidemast.
- f) Die Erfassung der Variation der Leistungs- und Schlachtkörpermerkmale in der RHV-Population und die Auslotung des Potentials zur Verbesserung der Fleischqualität und der damit einhergehenden Vermarktungsfähigkeit.
- g) Die Entwicklung von automatisierten Anwendungen zur Durchführung der Zuchtwertschätzung im Routinebetrieb.

Die im Verlauf des Projektes erreichten Ziele sind:

- Zu a) Eine Zuchtwertschätzung für das übergeordnete und wesentliche Fleischqualitätsmerkmal IMF wurde erfolgreich entwickelt. Hierbei wurden zur Erstellung der Verwandtschaftsmatrix in der deutschen Fleischrinderzucht auch erstmals Abstammungsdaten mit genomischen Markerdaten kombiniert. Die Sicherheiten der geschätzten Zuchtwerte konnten somit gesteigert und auch Tiere anderer Rassen mit ähnlicher Produktionsrichtung berücksichtigt werden. Die Untersuchungen auf Genotypen von 6 verschiedenen mit der Fleischqualität in Verbindung stehenden Genen ergab einen signifikanten Einfluss des g.566T>G-SNP des *RORC*-Gens auf den IMF. Dabei war der Genotyp GG mit einem signifikant höheren IMF ($P < 0,05$) im Vergleich zu den anderen Genotypen GT und TT assoziiert. Für die anderen 5 Gene ergab sich kein signifikanter Effekt auf den IMF (n.s.). Für den Genotyp GG des g.131C>G-SNP des *FABP4*-Gens konnte dennoch ein leicht erhöhter IMF festgestellt werden. Auch zukünftig können weiterhin Gentests auf die Genotypen der Gene *RORC* und *FABP4* von TierZucht-GI angeboten werden. Die Bestimmung der Genotypen kann dann nach Einsenden einer Haarprobe (inklusive Haarwurzel) des zu analysierenden Tieres erfolgen. Die gewonnene Information der Genanalysen kann dann von Züchtern für die Selektion von Zuchttieren genutzt werden.
- Zu b) Auch die Entwicklung von Gesamtzuchtwerten und Selektionsindizes unter Berücksichtigung der Fleischqualität wurde erfolgreich abgeschlossen. Dabei wurden a) die Genauigkeiten der geschätzten Zuchtwerte und b) die ökonomischen Merkmalsgewichtungen im Zuchtziel je genetischer Standardabweichung variiert, um die optimalen Merkmalskombinationen im Gesamtzuchtwert festzulegen. Somit kann

auch zukünftig für verbesserte genomische oder konventionelle Zuchtwertschätzungen mit höheren Genauigkeiten das passende Zuchtszenario gewählt werden.

- Zu c) Ein Zuchtwertschätzverfahren, das zusätzlich zum allgemeinen Betriebseffekt detaillierte Informationen zu den Umwelteffekten in den Mischmodellgleichungen berücksichtigt, konnte erstellt werden. Die Modelle wurden um weitere Umwelteffekte ergänzt. Dabei lagen klimatische Bedingungen im Fokus, da diese auch sehr stark die Futtergrundlage determinierten. Über die Berechnung des Temperature-Humidity Index (THI) konnten insbesondere Effekte von Hitzestress auf genetische Parameter der Produktionsmerkmale „GG“, „200TG“, „365TG“, aber auch auf das Fleischqualitätsmerkmal „IMF“, abgebildet werden.
- Zu d) Ein Teilziel des Projektes war es, das Potenzial der bedrohten Rinderrasse „Rotes Höhenvieh“ zur Qualitätsfleischerzeugung auszuloten. Es konnte gezeigt werden, dass der Rasse nicht per se ein bestimmtes Qualitätsniveau zugesprochen werden kann. Zu einem Großteil wird das mögliche Potenzial der Rasse nicht vollständig genutzt. Die Untersuchung der Auswirkungen von Fütterungsstrategien auf die Merkmale der Produktivität und der Fleischqualität konnten im Rahmen dieses Projektes nicht durchgeführt werden. Die Gründe hierfür wurden bereits im Zwischenbericht erläutert. Einerseits führt ein Großteil der Betriebe keine zielgerichtete Fütterung der Tiere durch. Die Tiere werden dort in sehr extensiver Form gehalten und gefüttert. Darüber hinaus variieren die Grünlandflächen auf denen die Tiere gehalten werden stark in Abhängigkeit von Region, Klima, geografischen Besonderheiten und Managementmaßnahmen des Betriebes. Für eine umfassende Bewertung der Grünlandstrategien ist eine grundlegende interdisziplinäre Herangehensweise erforderlich, die es ermöglicht, die Nährstoffgehalte und Wachstumsverläufe der Fütterungsressource Grünland über einen längeren Zeitraum kontinuierlich zu erfassen. Diese Herangehensweise erfordert jedoch eine eigene Fragestellung. Auf phänotypischer Ebene konnten jedoch die Auswirkungen des Klimas (insbesondere Hitzestress) auf diese Merkmale berechnet werden. Besonders deutlich wurde dabei der negative Einfluss extremer Hitze auf alle Leistungs- und Fruchtbarkeitsparameter. Die Ergebnisse heben die Wichtigkeit der Prävention gegen Hitzestress hervor, der, wie bewiesen werden konnte, nicht nur bei hochleistenden Milchkühen starke Leistungseinbußen bewirkt, sondern auch in einer extensiv gehaltenen Zweinutzungsrasse negative Auswirkungen auf Leistung und Fruchtbarkeit hat.
- Zu e) Untersuchungen zu Genotyp-Umweltinteraktionen im Rahmen der Weidemast fokussierten auf klimatische Einflüsse. Basierend auf dem Konzept der genetischen Korrelationen konnten signifikante Interaktionen nachgewiesen werden. Der Ansatz erlaubt die Identifikation robuster Genetik, also Tiere, mit stabilen Zuchtwerten über einen breiten Umweltgradienten hinweg. Zuchtwerte für eine gezielte Selektion in Hinblick auf eine gesteigerte Robustheit stehen zur Verfügung und können genutzt werden.
- Zu f) Die Variation der Leistungsmerkmale und des IMF in der RHV-Population konnte in einer Stichprobe von 539 Tieren erfasst werden. Die Erfassung der Scherkraft und des Grillverlustes war nur in geringerem Umfang möglich. Die Ergebnisse zeigten, dass das Potenzial des Roten Höhenviehs zur Qualitätsfleischerzeugung bisher nicht zielführend ausgenutzt wird. Die hohe Variation der Ergebnisse des IMF zeigte, dass unter

verschiedenen Voraussetzungen, z.B. die Kastration, eine gezielte Fütterung und durchdachten Zuchttiereinsatz eine hohe Fleischqualität durchaus erreichbar wäre.

- Zu g) Die Modelle und Programme zur Durchführung der Zuchtwertschätzung wurden erstellt und stehen auch zukünftig zur Verfügung. Die Zuchtwertschätzung kann demnach auch nach Projektende von TierZucht-GI durchgeführt werden. Gerne kann Zuchtorganisationen oder interessierten Züchtern der Programmcode zur Verfügung gestellt werden. Mit einer Anleitung sollte eine nutzerfreundliche Bedienung gegeben sein bzw. die Zuchtwertschätzung kann als einfache Auftragsarbeit von TierZucht-GI durchgeführt werden.

6. Literaturverzeichnis

- Al-Kanaan, A., König, S., Brügemann, K. 2015. Effects of heat stress on semen characteristics of Holstein bulls estimated on a continuous phenotypic and genetic scale. *Livestock Sci.* 177:15-24. doi:10.1016/j.livsci.2015.04.003
- Amundson, J.L., T. L. Mader, R. J. Rasby, Q. S. Hu. 2006. Environmental effects on pregnancy rate in beef cattle. *J. Anim. Sci.* 84:3415-3420. doi:10.2527/jas.2005-611
- Anton, I., A. Zsolnai, I. Holló, I. Repa, G. Holló. 2013. Effect of thyroglobulin gene polymorphism on the intramuscular fat content in cattle examined by x-ray computed tomography and Soxhlet methods. *Archiv Tierzucht* 56:593-596. doi:10.7482/0003-9438-56-059
- Archer, J. A., S. A. Barwick, H. U. Graser. 2004. Economic evaluation of beef cattle breeding schemes incorporating performance testing of young bulls for feed intake. *Aust. J. Exp. Agric.* 44:393-404. doi:10.1071/EA02054
- Arneth, W. 1998. About the determination of intramuscular fat. *Fleischwirtschaft* 78:1183-1185.
- Augustini, C. 1987. Einfluss produktionstechnischer Faktoren auf die Schlachtkörper- und Fleischqualität. Rindfleisch – Schlachtkörperwert und Fleischqualität, Kulmbacher Reihe 7:152-179.
- Augustini, C. 1999. Gegenwärtige Produktionsziele im Rahmen von Qualitätsprogrammen. In: Deutsche Gesellschaft für Züchtungskunde e. V. (Hrsg.), Eignung der Fleischrinderrassen – Standortgerecht und Produktionszielorientiert. DGfZ – Schriftenreihe Heft 15:85-92.
- Augustini C., K. Tröger. 2001. Qualitätsorientierte Rindfleischerzeugung mit standortgebundenen Rassen. *Fleischwirtschaft: Von der Erzeugung bis zur Vermarktung von Lebensmitteln tierischen Ursprungs. Organ des Bundesverbandes der deutschen Fleischwarenindustrie e.V.* 81:75-78.
- Avendaño-Reyes, L., J. W. Fuquay, R. B. Moore, Z. Liu, B. L. Clark, C. Vierhout. 2010. Relationship between accumulated heat stress during the dry period, body condition score, and reproduction parameters of Holstein cows in tropical conditions. *Trop. Anim. Health Prod.* 42:265-273. doi:10.1007/s11250-009-9415-7
- Avilés, C., O. Polvillo, F. Peña, M. Juárez, A. L. Martínez, A. Molina. 2013. Associations between DGAT1, FABP4, LEP, RORC, and SCD1 gene polymorphisms and fat deposition in Spanish commercial beef. *J. Anim. Sci.* 91:4571-4577. doi:10.2527/jas2013-6402
- Barendse, W., R. J. Bunch, B. E. Harrison. 2010. The effect of variation at the retinoic acid receptor-related orphan receptor C gene on intramuscular fat percent and marbling score in Australian cattle. *J. Anim. Sci.* 88:47-51. doi:10.2527/jas.2009-2178
- Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft. 2019. Vergleich von Mast-, Schlachtleistung und Fleischqualität von Absettern aus der Mutterkuhhaltung. Eignung von Absetzern aus der Mutterkuhhaltung für intensive Ausmast auf Spaltenboden. Verfügbar unter: https://www.lfl.bayern.de/mam/cms07/itz/dateien/rind_absetzer_artikel.pdf
- Bennett, G. L., K. E. Gregory. 1996. Genetic (Co)variances among birth weight, 200-day weight, and postweaning gain in composites and parental breeds of beef cattle. *J. Anim. Sci.* 74:2598-2611. doi:10.2527/1996.74112598x

- Bernabucci, U., S. Biffani, L. Buggiotti, A. Vitali, N. Lacetera, A. Nardone. 2014. The effects of heat stress in Italian Holstein dairy cattle. *J. Dairy. Sci.* 97:471-486. doi:10.3168/jds.2013-6611
- Bohlouli, M., J. Shodja, S. Alijani, A. Eghbal. 2013. The relationship between temperature-humidity index and test-day milk yield of Iranian Holstein dairy cattle using random regression model. *Livestock Sci.* 157:414-420. doi:10.1016/j.livsci.2013.09.005
- Bohlouli, M., S. Alijani, S. Naderi, T. Yin, S. König. 2018. Prediction accuracies and genetic parameters for test-day traits from genomic and pedigree-based random regression models with or without heat stress interactions. *J. Dairy Sci.* 102:488-502. doi:10.3168/jds.2018-15329
- Bonny, S. P. F., D. W. Pethick, I. Legrand, J. Wierzbicki. 2016. European conformation and fat scores have no relationship with eating quality. *Animal* 10:996–1006. doi:10.1017/S1751731115002839
- Bradford, H. L., B. O. Fragomeni, J. K. Bertrand, D. A. L. Lourenco, I. Misztal. 2016. Genetic evaluations for growth heat tolerance in Angus cattle. *J. Anim. Sci.* 94:4143-4150. doi:10.2527/jas2016-0707
- Branscheid, W., K. O. Honikel, G. von Lengerken, K. Troeger. 2007. *Qualität von Fleisch und Fleischwaren*. Deutscher Fachverlag, Frankfurt am Main.
- Bremond, J. 2001. Molekulargenetische Differenzierung verschiedener Rotviehpopulationen – Beschreibung eines Modellprojektes. *Arche Nova* 3:14-15.
- Brinkmann, D. 2008. Untersuchungen über die Eignung der Video-Image-Analyse (VIA) des VBS 2000 zur Beurteilung der Schlachtkörperqualität von Kälbern und Jungbullen. Dissertation. Institut für Tierwissenschaften der Rheinischen Friedrich–Wilhelms-Universität zu Bonn.
- Bruegemann, K., E. Gernand, U. U. von Borstel, S. König. 2011. Genetic analyses of protein yield in dairy cows applying random regression models with time-dependent and temperature x humidity-dependent covariates. *J. Dairy Sci.* 94:4129-4139. doi:10.3168/jds.2010-4063
- Bruegemann, K., E. Gernand, U. König von Borstel, S. König. 2012. Defining and evaluating heat stress thresholds in different dairy cow production systems. *Arch. Anim. Breed.* 55:13-24. doi:10.5194/aab-55-13-2012, 2012.
- Bundesarbeitsgemeinschaft Rotes Höhenvieh. 2021. Rasseportrait. Verfügbar unter: <https://www.ropes-hoehenvieh.de/mktext.php>
- Bundesverband Rind und Schwein e. V. 2012. Rassebeschreibung und Zuchtziel der Rasse Rotes Höhenvieh. Verfügbar unter: <https://www.rind-schwein.de/services/files/bdf/rassebeschreibungen/Rotes%20H%C3%B6henvieh%20BRS.pdf>
- Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung. 2019: Einheimische Nutztierassen in Deutschland und Rote Liste gefährdeter Nutztierassen 2019. Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung, Bonn. Verfügbar unter: https://www.ble.de/SharedDocs/Downloads/DE/Landwirtschaft/Biologische-Vielfalt/RoteListe.pdf;jsessionid=E341F3399AC647BD1F7F2C8291F94295.1_cid335?_bl ob=publicationFile&v=6

- Cafferky, J., R. M. Hamill, P. Allen, J. V. O'Doherty, A. Cromie, T. Sweeney. 2019. Effect of breed and gender on meat quality of *M. lingissimus thoracis et lumborum* muscle from crossbreed beef bulls and steers. *Foods* 8:173. doi:10.3390/foods8050173
- Carabaño, M. J., B. Logar, J. Bormann, J. Minet, M.-L. Vanrobays, C. Díaz, B. Tychon, N. Gengler, H. Hammami. 2016. Modeling heat stress under different environmental conditions. *J. Dairy Sci.* 99:1-17. doi:10.3168/jds.2015-10212
- Changping, X., J. Wegner, G. A. Brockmann, C. Kazala, R. J. Weselake, K. Ender. 1999. Leptin, a palatability molecule. *Arch. Tierzucht* 42:191-199. doi:10.7939/r3-g5yg-j023
- Cheng, W., J.-H. Cheng, D.-W. Sun, H. Pu. 2015. Marbling analysis for evaluating meat quality. Methods and techniques. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety* 5:523-535.
- Chud, T. C. S., S. L. Caetano, M. E. Buzanskas, D. A. Grossi, D. G. F. Guidolin, G. B. Nascimento, J. O. Rosa, R. B. Lôbo, D. P. Munari. 2014. Genetic analysis for gestation length, birth weight, weaning weight, and accumulated productivity in Nellore beef cattle. *Livest. Sci.* 170:16-21. doi:10.1016/j.livsci.2014.09.024
- Craigie C. R., E. A. Navajas, R. W. Purchas, C. A. Maltin, L. Bünger, S. O. Hoskin. 2012. A review of the development and use of video image analysis (VIA) for beef carcass evaluation as an alternative to the current EUROP system and other subjective systems. *Meat Science* 2012, 92:307-318. doi:10.1016/j.meatsci.2012.05.028.
- Daxinger, L., E. Whitelaw. 2012. Understanding transgenerational epigenetic inheritance via the gametes in mammals. *Nature Reviews Genetics* 13:153-162.
- De Rensis, F., R. J. Scaramuzzi. 2003. Heat stress and seasonal effects on reproduction in the dairy cows – a review. *Theriogenology* 60:1139-1151. doi:10.1016/S0093-691X(03)00126-2
- Drennan, M. J. 1979. Effect of plane of nutrition during late pregnancy on the incidence of calving problems in beef cows and heifers. In: B. Hoffmann, I. L. Mason, J. Schmidt, *Calving problems and early viability of the calf*. Springer, Dordrecht, Freising, Germany. p. 429-443. doi:10.1007/978-94-009-9315-0
- Du M., B. Wang, X. Fu, Q. Yang, M.J. Zhu. 2015. Fetal programming in meat production. *Meat Science*. 109:40-7. doi:10.1111/1541-4337.12149
- Du M., J. Tong, J. Zhao. 2010. Fetal programming of skeletal muscle development in ruminant animals. *J. Anim. Sci.* 88:51-60. doi:10.2527/jas.2009-2311
- Du M., Y. Huang, A.K. Das, Q. Yang, M. S. Duarte, M. V. Dodson, M.-J. Zhu. 2013. Meat Science and muscle biology symposium: manipulating mesenchymal progenitor cell differentiation to optimize performance and carcass value of beef cattle. *J. Anim. Sci.* 91:1419–27. doi:10.2527/jas.2012-5670
- Eler, J. P., L. D. Van Vleck, J. B. Ferraz, R. B. Lobo. 1995. Estimation of variances due to direct and maternal effects for growth traits of Nellore cattle. *J. Anim. Sci.* 73:3253-3258. doi:10.2527/1995.7311325
- Fabris, T. F., J. Laporta, A. L. Skibieli, F. N. Corra, B. D. Senn, S. E. Wohlgemuth, G. E. Dahl. 2019. Effect of heat stress during early, late, and entire dry period on dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 102:5647-5656. doi:10.3168/jds.2018-15721

- Faurie, A. S., D. Mitchell, H. P. Laburn. 2001. Feto-maternal relationships in goats during heat and cold exposure. *Exp. Physiol.* 86:199-204. doi:10.1113/eph8602152
- Frickh, J., A. Steinwidder, R. Baumung. 2003. Einfluss von Rationsgestaltung, Geschlecht und Mastendmasse auf die Fleischqualität von Fleckviehtieren. *Züchtungskunde* 75:16-30.
- Frickh, j. G. Ibi, K. Elixhauser. 2004. Einfluss der Fleischreifung auf die Zartheit von Kalbinnen und Jungstierfleisch. Abschlussbericht des Forschungsprojektes Nr. 1358.
- Golze M., Görner C., Klunker M., Schröder C. (2000): Ergebnisse der Milchleistungsprüfung sowie Wachstums-, Schlacht- und Mastleistung von Rindern der Rasse Rotes Höhenvieh. Sächsische Landesanstalt für Landwirtschaft. Fachbereich Tierzucht, Fischerei und Grünland. Verfügbar unter: <https://www.ropes-hoehenvieh.de/Besamungsbullen/Fleischqualitaet.PDF>
- Guidolin, D. G. F., M. E. Buzanskas, S. B. Ramos, G. C. Venturini, R. B. Lôbo, C. C. P. Paz, D. P. Munari, J. A. Oliveira. 2012. Genotype-environment interaction for post-weaning traits in Nellore beef cattle. *Anim. Prod. Sci.* 52:975-980. doi:10.1071/AN11037
- Habeeb, A. A. M., A. E. Gad, A. A. El-Tarabany. 2011. Effect of two climatic conditions and types of feeding on body weight gain and some physiological and biochemical parameters in crossing calves. *Zagazig Vet. J.*, 39:34-48. In: Habeeb, A. A. M., A. E. Gad, A. A. El-Tarabany, M. A. A. Atta. 2018. Negative effects of heat stress on growth and milk production of farm animals. *J. Anim. Husband. Dairy Sci.* 2:1-12.
- Halli, K. 2018. Automatische Ruminationsmessung zur Prognose des Abkalbebeginns sowie zur Bewertung des Einflusses von Temperatur und Temperature-Humidity Index (THI) auf Milchkühe. Dissertation. Justus-Liebig-Univ., Gießen, Deutschland.
- Halli, K., K. Brügemann, M. Bohlouli, S. König. 2020. Time-lagged and acute impact of heat stress on production and fertility traits in the local dual-purpose cattle breed “Rotes Höhenvieh” under pasture-based conditions. *Transl. Anim. Sci.* 4:1-12. doi:10.1093/tas/txaa148
- Hay, E. H., A. Roberts. 2018. Genotype × prenatal and post-weaning nutritional environment interaction in a composite beef cattle breed using reaction norms and a multi-trait model. *J. Anim. Sci.* 96:444-453. doi:10.1093/jas/skx057
- Henderson, C. R. 1975. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics* 31:423-447. doi:10.2307/2529430
- Hijmans, R. J., E. Williams, C. Vennes. 2019. Package ‘geosphere’. <https://cran.r-project.org/web/packages/geosphere/index.html> (Accessed 25 March 2020).
- Hocquette J.F., F. Gondret, E. Baéza, F. Médale, C. Jurie, D. W. Pethick. 2010. Intramuscular fat content in meat-producing animals: development, genetic and nutritional control, and identification of putative markers. *Animal* 4:303-319. doi:10.1017/S1751731109991091
- Hofmann, K. 1973. Was ist Fleischqualität? *Fleischwirtschaft* 53:485.
- Hohnholz Bassum, T. A. 2019. Analyse züchterisch nutzbarer Daten für die Eignung von Mutterkühen auf Grünland. Dissertation. Univ. of Veterinary Medicine, Hannover, Deutschland.
- Hovingh, E. 2009. Abortions in dairy cattle – I. Common causes of abortions. Publication 404-288. Virginia Cooperative Extension. Virginia State University, Virginia.

- Jeyaruban, M. G., D. J. Johnston, H.-U. Graser. 2009. Estimation of genotype x environment interactions for growth, fatness and reproductive traits in Australian Angus cattle. *Anim. Prod. Sci.* 49:1-8. doi:10.1071/EA08098
- Kadim, T., O. Mahgoub, D. S. Al-Ajmi, R. S. Al-Maqbaly, S. M. Al-Mugheiry, D. Y. Bartolome. 2004. The influence of season on quality characteristics of hot-boned beef m. longissimus thoracis. *Meat SCI.* 66:831-836. doi:10.1016/j.meatsci.2003.08.001
- Kadzere, C. T., M. R. Murphy, N. Silanikove, E. Maltz. 2002. Heat stress in lactating dairy cows: a review. *Livest. Prod. Sci.* 77:59-91. doi:10.1016/S0301-6226(01)00330-X
- Kaspar, F. G. Müller-Westerner, E. Penda, H. Mächel, K. Zimmermann, A. Kaiser-Weiss, T. Deutschländer. 2013. Monitoring of climate change in Germany – data, products and services of Germany’s National Climate Data Centre. *Adv. Sci. Res.* 10:99-106. doi:10.5194/asr-10-99-2013.
- Kiefer A., M. Elsäßer, K. Grant, R. Lindner, U. Treck, A. Risius, A. Schulze, A. Spiller, J. Dentler, K. Wacke, C. Sonagel, J. Weber, E. Bahrs. 2020. Grünlandschutz in benachteiligten Mittelgebirgsregionen durch ein Bio-Weiderindkonzept am Beispiel des Südschwarzwalds. *Berichte über Landwirtschaft Zeitschrift für Agrarpolitik und Landwirtschaft.*
- Kipp, C., K. Brügemann, P. Zieger, K. Mütze, S. Möcklinghoff Wicke, S. König. 2020. Across-generation influence of maternal heat stress during late gestation in dairy cows. *Proc. EAAP 2020 Virtual Meeting.*
- König, S. 2001. Untersuchungen zu einem kooperativen Zuchtprogramm der Rasse Holstein-Friesian. *Dissertationsschrift, Universität Göttingen.* Cuivillier Verlag, ISBN 3-89873-594-X.
- König, S., H. Simianer, H. H. Swalve. 2002. Genetic relationships between dairy performance under large-scale farm and family farm conditions estimated from different group of common sires. *7th World Congress on Genetics, Montpellier.* CD-ROM Communication 18:12.
- König, S., G. Dietl, I. Raeder, H. H. Swalve. 2005. Genetic relationships for dairy performance between large-scale and small-scale farm conditions. *J. Dairy Sci.* 88:4087-4096. doi:10.3168/jds.S0022-0302(05)73093-9
- König, S., K. May. 2018. Invited Review: Phenotyping strategies and quantitative genetic background of resistance, tolerance and resilience associated traits in dairy cattle. *Animal* 13:897-908. doi:10.1017/S1751731118003208
- Kononoff, P. J., H. M. Deobald, E. L. Stewart, A. D. Laycock, F. L. S. Marquess. 2005. The effect of a leptin single nucleotide polymorphism on quality, yield grade, and carcass weight of beef cattle. *J. Anim. Sci.* 83:927-932. doi:10.2527/2005.834927x
- Kononoff, P. J., P. J. Defoor, M. J. Engler, R. S. Swingle, S. T. James, H. M. Deobald, J. L. Deobald, F. L. S. Marquess. 2013. Impact of a leptin single nucleotide polymorphism and zilpaterol hydrochloride on growth and carcass characteristics in finishing steers. *J. Anim. Sci.* 91:5011-5017. doi:10.2527/jas.2012-5229
- Korn, A., U. Hamm. 2014. Konzept zur Produktdifferenzierung am Rindfleischmarkt – Kommunikationsmöglichkeiten und Zahlungsbereitschaft für Rindfleisch aus extensiver artgerechter Mutterkuhhaltung auf Grünland. *Bundesprogramm Ökolandbau.*

- Kreienkamp, F. P. Lorenz, T. Geiger. 2020. Statistically downscaled CMIP6 projections show stronger warming for Germany. *Atmosphere* 11:1245. doi:10.3390/atmos11111245
- Kreuzer, M. 2007. Gesundheitswert und Beschaffenheit von Milch und Fleisch aus dem Grünlandgebiet. 13. Alpenländisches Expertenforum 2007, Höhere Lehr- und Forschungsanstalt für Landwirtschaft, Irdning, Österreich, 7-13.
- Lee, J.W., S. B. Choi, J. S. Kim, J. F. Keown, L. D. Van Vleck. 2000. Parameter estimates for genetic effects on carcass traits of Korean native cattle. *J. ANim. Sci.* 78:1181-1190. doi: 10.2527/2000.7851181x
- Linden, T. C., R. C. Bicalho, D. V. Nydam. 2009. Calf birth weight and its association with calf and cow survivability, disease incidence, reproductive performance, and milk production. *J. Dairy Sci.* 92:2580-2588. doi:10.3168/jds.2008-1603
- Lindquist, S. 1986. The heat-shock response. *Annual review of biochemistry.* 55:1151-1191.
- Lucy, M. C. 2002. Reproductive loss in farm animals during heat stress. *Proceedings 15th Conference on Biometeorology and Aerobiology*, 50-53. University of Missouri, Columbia.
- Mackinnon, M. J., K. Meyer, D. J. S. Hetzel. 1991. Genetic variation and covariation for growth, parasite resistance and heat tolerance in tropical cattle. *Livest. Prod. Sci.* 27:105-122. doi:10.1016/0301-6226(91)90090-D
- MacNeil, M.D., S. L. Northcutt. 2008. National cattle evaluation system for combined analysis of carcass characteristics and indicator traits recorded by using ultrasound in Angus cattle. *J. Anim. Sci.* 86:2518-2524. doi:10.2527/jas.2008-0901
- Mader, T. L., M. S. Davis. 2004. Effect of management strategies on reducing heat stress of feedlot cattle: Feed and water intake. *J. Anim. Sci.* 82:3077-3087. doi:10.2527/2004.82103077x
- Madsen, P., J. Jensen. 2013. DMU: A package for analysing multivariate mixed models. Accessed November 18, 2020. [http://dmu.agrsci.dk/DMU/Doc Current/dmuv6guide.5.2.pdf](http://dmu.agrsci.dk/DMU/Doc%20Current/dmuv6guide.5.2.pdf).Craig
- Mathevon, M., M. M. Buhr, J. C. M. Dekkers. 1998. Environmental, Management, and Genetic Factors Affecting Semen Production in Holstein Bulls. *J. Dairy Sci.* 81:3321-3330. doi:10.3168/jds.S0022-0302(98)75898-9
- Meyer, K. 1995. Estimates of genetic parameters and breeding values for New Zealand and Australian Angus cattle. *Aust. J. Agric. Res.* 46:1219-1229. doi:10.1071/AR9951219
- Michal, J. J., Z. W. Zhang, C. T. Gaskins, Z. Jiang. 2006. The bovine fatty acid binding protein 4 gene is significantly associated with marbling and subcutaneous fat depth in Wagyu x Limousin F2 crosses. *Animal Genetics* 37:400-402. doi:10.1111/j.1365-2052.2006.01464.x
- Misztal, I., S. Tsuruta, T. Strabel, B. Auvra, T. Druet, and D. Lee. 2002. BLUPF90 and related programs. Communication no. 28-07. in *Proc. Proceedings of the 7th World Congress for the Genetic Applied Livestock Production*, Montpellier, France.
- Misztal, I., S. Tsuruta, D. Lourenco, I. Aguilar, A. Legarra, Z. Vitezica. 2014. *Manual for BLUPF90 Family of Programs*; University of Georgia, Athen, GA, USA.

- Mitlöhner, F. M., J. L. Morrow, J. W. Dailey, S. C. Wilson, M. L. Galyean, M. F. Miller, J. J. McGlone. 2001. Shade and water misting effects on behavior, physiology, performance, and carcass traits of heat-stressed feedlot cattle. *J. of Anim. Sci.* 79:2327-2335. doi:10.2527/2001.7992327x
- Monteils, V., C. Sibra, M.-P. Ellies-Oury, R. Botreau, A. de La Torre, C. A. Laurent. 2017. A set of indicators to better characterize beef carcasses at the slaughterhouse level in addition to the EUROP system. *Livest. Sci.* 202:44-51. doi:10.1016/j.livsci.2017.05.017
- Monteiro, A. P. A., S. Tao, I. M. T. Thompson, G. E. Dahl. 2016. In utero heat stress decreases calf survival and performance through the first lactation. *J. Dairy Sci.* 99:1-8. doi:10.3168/jds.2016-11072
- Moore, R. B., J. W. Fuquay, W. J. Drapala. 1992. Effects of Late Gestation Heat Stress on Postpartum Milk Production and Reproduction in Dairy Cattle. *J. Dairy Sci.* 75:1877-1882. doi:10.3168/jds.S0022-0302(92)77947-8
- Morgan, J. B., T. L. Wheeler, M. Koohmaraie, J. W. Savell, J. D. Crouse. 1993. Meat tenderness and the calpain proteolytic system in longissimus muscle of young bulls and steers. *J. Anim. Sci.* 71:1471-1476. doi:10.2527/1993.7161471x
- Müllenhoff, A. 2008. Schätzung genetisch-statistischer Parameter bei Fleischrindern der Rassen Deutsche Angus und Deutsche Fleckvieh sowie deren Einfachkreuzungen. Dissertation. Justus-Liebig-Univ., Gießen, Deutschland.
- Muggeo, V. M. R. 2021. Package ‘segmented’. <https://cran.r-project.org/web/packages/segmented/segmented.pdf> (Accessed 18 February 2021).
- National Research Council (NRC). 1971. A guide to environmental research on animals. Natl. Acad. Sci., Washington, DC.
- Negrón-Pérez, V. M, D. W. Fausnacht, M. L. Rhoads. 2019. Invited review: Management strategies capable of improving the reproductive performance of heat-stressed dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 102:10695-10710. doi:10.3168/jds.2019-16718
- Nichi, M., P. E. J. Bols, R. M. Züge, V. H. Barnabe, I. G. F. Goovaerts, R. C. Barnabe, C. N. M. Cortada. 2006. Seasonal variation in semen quality in *Bos indicus* and *Bos taurus* bulls raised under tropical conditions. *Theriogenology* 66:822-828. doi:10.1016/j.theriogenology.2006.01.056
- Noci, F., F. J. Monahan, P. French, A. P. Moloney. 2005. The fatty acid composition of muscle fat and subcutaneous adipose tissue of pasture-fed beef heifers: Influence of the duration of grazing. *J. Anim. Sci.* 83:1167-1178. doi:10.2527/2005.8351167x
- Nuernberg, K., K. Ender. 2001. Weidehaltung und Fleischqualität. Forschungsreport 1/2001.
- Nuernberg, K., D. Dannenberger, G. Nuernberg, K. Ender, J. Voigt, N. D. Scollan, J. D. Wood, G. R. Nute, R. I. Richardson. 2005. Effect of a grass-based and a concentrate feeding system on meat quality characteristics and fatty acid composition of longissimus muscle in different cattle breeds. *Livest. Prod. Sci.* 94:137-147. doi:10.1016/j.livprodsci.2004.11.036
- O’Brien, M. D., R. P. Rhoads, S. R. Sanders, G. C. Duff, L. H. Baumgard. 2010. Metabolic adaptations to heat stress in growing cattle. *Domest. Anim. Endocrin.* 38:86-94. doi:10.1016/j.domaniend.2009.08.005

- Ominski, K. H., A. D. Kennedy, K. M. Wittenberg, S. A. Moshtaghi Nia. 2002. Physiological and production responses to feeding schedule in lactating dairy cows exposed to short-term, moderate heat stress. *J. Dairy Sci.* 85:730-737. doi:10.3168/jds.S0022-0302(02)74130-1
- Page, B. T., E. Casas, R. L. Quaas, R. M. Thallmann, T. L. Wheeler, S. D. Shackelford, M. Koohmaraie, S. N. White, G. L. Bennett, J. W. Keele, M. E. Dikeman, T. P. L. Smith. 2004. Association of markers in the bovine CAPN1 gene with meat tenderness in large crossbred populations that sample influential industry sires. *J. Anim. Sci.* 82:3474-3481. doi:10.2527/2004.82123474x
- Pariacote, F., L. D. Van Vleck, R. E. Hunsley. 1998. Genetic and phenotypic parameters for carcass traits of American Shorthorn beef cattle. *J. Anim. Sci.* 6:2584-2585. doi:10.2527/1998.76102584x
- Park, S. J., S.-H. Beak, D. J. S. Jung, S. Y. Kim, I. H. Jeong, M. Y. Piao, H. J. Kang, D. M. Fassah, S. W. Na, S. P. Yoo, M. Baik. 2018. Genetic, management, and nutritional factors affecting intramuscular fat deposition in beef cattle — A review. *Asian-Australa J. Anim. Sci.* 3:1043-1061. doi:10.5713/ajas.18.0310
- Pethik, D. W., G. S. Harper, V. H. Oddy. 2004. Growth, development and nutritional manipulation of marbling in cattle: a review. *Australian Journal of Experimental Agriculture* 44:705-715. doi:10.1071/EA02165
- Phocas, F., D. Laloë. 2004. Genetic parameters for birth and weaning traits in French specialized beef cattle breeds. *Livest. Prod. Sci.* 89:121-128. doi:10.1016/j.livprodsci.2004.02.007
- Pimentel, E. C. G., S. König. 2012. Genomic selection for the improvement of meat quality in beef. *J. Anim. Sci.* 90:3418-3426. doi:10.2527/jas.2011-5005
- Polkinghorne R.J., J. M. Thompson. 2010. Meat standards and grading: a world view. *Meat Sci.* 86:227-35. doi: 10.1016/j.meatsci.2010.05.010
- Prosser, C. L. 2013. Principles and general concepts of adaptation. In: *Physiology, Environment, and Man: Based on a symposium conducted by the National Academy of Sciences-National Research Council, August, 1966.* Elsevier, p. 88-100.
- Raidan, F. S. S., T. L. Passafaro, B. O. Fragomeni, L. A. Josahkian, I. G. Pereira, F. L. B. Toral. 2015. Genotype x environment interaction in individual performance and progeny tests in beef cattle. *J. Anim. Sci.* 93:920-933. doi:10.2527/jas2014-798
- Reverter, A., D. J. Johnston, D. M. Ferguson, D. Perry, M. E. Goddard, H. M. Burrow, V. H. Oddy, J. M. Thompson, B. M. Bindon. 2003. Genetic and phenotypic characterization of animal, carcass, and meat quality traits from temperate and tropically adapted beef breeds. 4. Correlations among animal, carcass, and meat quality traits. *Australian Journal of Agricultural Research* 54:149-158. doi:10.1071/AR02088
- Rivera-Prieto, R. A., D. Garza-Hernandez, A. A. Torres-Grimaldo, S. G. Cardenas-Ramos, L. M. Reyes-Cortes, S. F. Karr-de-Leon, H. A. Barrera-Saldaña. 2015. Analysis of tenderness and marbling-related polymorphisms in beefmaster cattle. *Asian Journal of Animal and Veterinary Advances* 10:345-351.
- Robertson, A. 1959. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. *Biometrics* 15:469-485. doi:10.2307/2527750

- Ronchi, B., G. Stradaioli, A. Verini Supplizi, U. Bernabucci, N. Lacetera, P. A. Accorsi, A. Nardone, E. Seren. 2001. Influence of heat stress or feed restriction on plasma progesterone, estradiol-17 β , LH, FSH, prolactin and cortisol in Holstein heifers. *Livest Prod Sci*, 68:231-241. doi:10.1016/S0301-6226(00)00232-3
- Rozen, S., H. Skaletsky. 2000. Primer3 on the WWW for general users and for biologist programmers. *Methods Mol. Biol.* 132:365-386.
- Saiki, R. K., D. H. Gelfand, S. Stoffel, S. J. Scharf, R. Higuchi, G. T. Horn, K. B. Mullis, H. A. Erlich. 1988. Primer-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase. *Science* 239:487-491. doi:10.1126/science.239.4839.487
- Sakatani, M. 2017. Effects of heat stress on bovine preimplantation embryos produced in vitro. *J. Reprod. Dev.* 63:347-352. doi:10.1262/jrd.2017-045
- Santana, M. L., J. P. Eler, F. F. Cardoso, L. G. Albuquerque, J. B. S Ferraz. 2013. Phenotypic plasticity of composite beef cattle performance using reaction norms model with unknown covariate. *Animal* 7:202-210. doi:10.1017/S1751731112001711
- Schaeffer, L. R., J. Jamrozic, G. Kistemaker, B. J. Van Dormal. 2000. Experience with a test-day model. *J. Dairy Sci.* 83. 1135-1144. doi:10.3168/jds.S0022-0302(00)74979-4
- Schierenbeck, S., F. Reinhardt, R. Reents, H. Simianer, S. König. 2011. Identification of informative cooperator herds for progeny testing based on yield deviations. *J. Dairy Sci.* 94:2071-2081. doi:10.3168/jds.2010-3466
- Schulz L., A. Sundrum. 2019. Assessing marbling scores of beef at the 10th rib vs. 12th rib of longissimus thoracis in the slaughter line using camera grading technology in Germany. *Meat Sci.* 152:116-120. doi:10.1016/j.meatsci.2019.02.021
- Schulz, L.; A. Sundrum. 2021. Determining relationships between marbling scores and carcass yield traits of German beef bull carcasses using video-image analysis at the 12th and 10th rib position of longissimus thoracis and EUROP classification. *Appl. Sci.* 11:269. doi:10.3390/app11010269
- Scott, I. M., H. D. Johnson, G. L. Hahn. 1983. Effect of programmed diurnal temperature cycles on plasma thyroxine level, body temperature, and feed intake of Holstein dairy cows. *Int. J. Biometeorol.* 27:47-62. doi:10.1007/BF02186300
- Seenger, J., K. Ender, C. Ábrahám, E. Szücs, G. Kuhn, K. Nürnberg. 2005. Vergleichende Untersuchungen zur Bestimmung der Zartheit beim Rindfleisch. *Züchtungskunde* 77:281–290. doi:10.1055/b-0034-60603.
- Seyfert, H.-M. 2005. Präparation und Charakterisierung von Nucleinsäuren. Gelelektrophoretische Analysen und Präparationen von DNA-Molekülen. S. 101-102. In: *Tier-Biothechnologie*. 2005. Hrsg. H. Geldermann. Verlag Eugen Ulmer Stuttgart, Deutschland.
- Seyfert, H.-M. 2005. Vermehrung von DNA-Molekülen durch Polymerasekettenreaktion (PCR). Prinzip der PCR-Reaktion. S. 117-120. In: *Tier-Biothechnologie*. 2005. Hrsg. H. Geldermann. Verlag Eugen Ulmer Stuttgart, Deutschland.
- Shackelford, S. D., M. Koohmaraie, L. V. Cundiff, K. E. Gregory, G. A. Rohrer, J. W. Savell. 1994. Heritabilities and phenotypic and genetic correlations for bovine postrigor calpastatin activity, intramuscular fat content, Warner-Bratzler shear force, retail product yield, and growth rate. *J. Anim. Sci.* 72:857-863. doi:10.2527/1994.724857x

- Skibieli, A. L., F. Peñagaricano, R. Amorín, B. M. Ahmed, G. E. Dahl, J. Laporta. 2018. In utero heat stress alters the offspring epigenome. *Scientific Reports* 8:1-5. doi:10.1038/s41598-018-32975-1
- Sonna, L. A., Fujita, J., S. L. Gaffin, C. M. Lilly. 2002. Invited review: Effects of heat and cold stress on mammalian gene expression. *J. Appl. Physiol.* 92:1725-1742. doi:10.1152/jappphysiol.01143.2001
- Steinwider, A. 2003. Qualitäts-Rindermast im Grünland – Mutterkuhhaltung und Jungrinder; Ochsen-, Kalbinnen- und Bullenmast. Leopold Stocker Verlag Graz – Stuttgart.
- Steinwider, A. 2005. Fütterungsstrategien für optimale Ergebnisse in der Kalbinnen- und Ochsenmast, Extensive Rinderhaltung. 14. ATV-Seminar. 30. November 2005, HBLFA Raumberg-Gumpenstein, ARGE für Tierernährung und Veredelungswirtschaft, Tagungsbericht, 26-40.
- Steinwider, A., R. Wollinger, O. Kicker, H. Gebeltsroither. 2007. Bio-Kalbinnen- und Ochsenmast. *ÖAG-Info* 10/2007, 1-12.
- Stockinger, C., A. Weiß. 1991. Die Wirtschaftlichkeit der Rindermast, Ökonomische Kenndaten Einflussfaktoren und relative Wettbewerbsstellung von Bullenmast, Fressererzeugung, Färsenmast mit Vornutzung, Ochsenmast, Altkuhmast, Mutterkuhhaltung. 2. Auflage. Stand Juni 1991. LBA Bayern, München.
- St-Pierre, N. R., B. Cobanov, G. Schmitkey. 2003. Economic Losses from Heat Stress by US Livestock Industries. *J. Dairy Sci.* 86 (E. Suppl.):E52-E77. doi:10.3168/jds.S0022-0302(03)74040-5
- Streit, M., F. Reinhardt, G. Thaller, J. Bennewitz. 2012. Reaction norms and genotype-by-environment interaction in the German Holstein dairy cattle. *J. Anim. Breed. Genet.* 129:380-389. doi:10.1111/j.1439-0388.2012.00999.x
- Sundrum, A. 2010. Assessing impact of organic production on porc and beef quality. In: CAB-Review: Perspectives in Agriculture Veterinary Science, Nutrition and Natural Resources, <http://www.cabi.org/cabreviews>, 5, 4-13.
- Tao, S., A. P. A. Monteiro, I. M. Thompson, M. J. Hayen, G. E. Dahl. 2012. Effect of late-gestation maternal heat stress on growth and immune function of dairy calves. *J. Dairy Sci.* 95:7128-7136. doi:10.3168/jds.2012-5697
- Thaller, G., C. Kühn, A. Winter, G. Ewald, O. Bellmann, J. Wegner, H. Zühlke, R. Fries. 2003. DGAT1, a new positional and functional candidate gene for intramuscular fat deposition in cattle. *Animal Genetics* 34:354-357. doi:10.1046/j.1365-2052.2003.01011.x
- Thies, C., T. Tschardtke, K.-W. Becker, M. Gerken, H. Inhetveen, H. Bergmann, R. Marggraf. 2006. Die Harzer Bergwiesen und das Harzer Rotvieh – Management alter Kulturlandschaften. Universitätsdruckerei Göttingen.
- Utera, A. R., L. D. Van Vleck. 2003. Heritability estimates for carcass traits of cattle: a review. *Gent. Mol. Res.* 3:380-394.
- Velik, M. 2009. Fleischqualität und Fettsäuremuster österreichischer Rindfleisch-Markenprogramme. Abschlussbericht WT_Rindfleischlabel. Lehr- und Forschungszentrum Landwirtschaft Raumberg-Gumpenstein. Verfügbar unter: https://www.dafne.at/prod/dafne_plus_common/attachment_download/bc390980675f9999370322ba458b3935/Rindfleischlabel_WT.pdf

- Verein zur Erhaltung und Förderung des Roten Höhenviehs e.V. 2016. Rotes Höhenvieh – Was Sie schon immer über das Rote Höhenvieh wissen wollten. Informationsbroschüre.
- Via, S., R. Lande. 1985. Genotype-environment interaction and the evolution of phenotypic plasticity. *Evolution* 39:505-522. doi:10.1111/j.1558-5646.1985.tb00391.x
- Villa-Mancera, A., M. Méndez-Mendoza, R. Huerta-Crispín, F. Vázquez-Flores, A. Córdova-Izquierdo. 2011. Effect of climate factors on conception rate of lactating dairy cows in Mexico. *Trop. Anim. Health Pro.* 43:597-601. doi:10.1007/s11250-010-9737-5
- Vögtlin, J., B. Wippel, D. Weiß. 2009. Das Potenzial von Ochsen in Extensivweidesystemen – Eine Nutzungsvariante zur Erhaltung artenreichen Grünlandes. *Naturschutz und Landschaftsplanung* 41:205-208.
- Wegner, J., E. Albrecht, K. Ender. 1998. Morphologische Aspekte des subkutanen und intramuskulären Fettzellwachstums. *Arch. Tierzucht* 41:313-320.
- Weigel, K. A., R. Rekaya. 1999. Clustering herds across country borderless for international genetic evaluation. Interbull Meeting. Zürich, 26.-27. August.
- Weissmann, F., R. Löser, R. Oppermann, G. Rahmann. 2007. Ökologische Rindfleischerzeugung In: Flachowski, G. und R. Brade. Rindfleischerzeugung im ökologischen Landbau. Hrsg.: Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft. Sonderheft 313:198-210.
- Williams, J. L., J. K. Bertrand, I. Misztal, M. Lukaszewicz. 2012. Genotype by environment interaction for growth due to altitude in United States Angus cattle. *J. Anim. Sci.* 90:2152-2158. doi:10.2527/jas2011-4365
- Wolfenson D., W. W. Thatcher, L. Badinga, J. D. Savio, R. Median, B. J. Lew, R. Braw-Tal, A. Berman. 1995. Effect of heat stress on follicular development during the estrous cycle in lactating dairy cattle. *Biol. Reprod.* 52:1106-1113. doi:10.1095/biolreprod52.5.1106
- Yates, D. T., A. S. Green, S. W. Limesand. 2011. Catecholamines mediate multiple fetal adaptations during placental insufficiency that contribute to intrauterine growth restriction: Lessons from hyperthermic sheep. *J. Pregnancy.* 2011:740408. doi:10.1155/2011/740408
- Yin, T., S. König. 2018. Heritabilities and genetic correlations in the same traits across different strata of herds created according to continuous genomic, genetic, and phenotypic descriptors. *J. Dairy Sci.* 101:2171-2186. doi:10.3168/jds.2017-13575
- Yin, T., S. König. 2019. Genome-wide associations and detection of potential candidate genes for direct genetic and maternal genetic effects influencing dairy cattle body weight at different ages. *Genetics Selection Evolution* 51:1-14. doi:10.1186/s12711-018-0444-4