

aufgrund eines Beschlusses
des Deutschen Bundestages

ReDiverse

Biodiversität innerhalb und zwischen roten europäischen Milchviehrassen – Erhaltung durch Nutzung – Teilvorhaben 2

Förderkennzeichen: 2817ERA11D

Vorhabenlaufzeit: 09.2017 bis 08.2021

KURZDARSTELLUNG

In Nordeuropa existiert eine Vielzahl an roten Milchviehrassen, die eine schützenswerte Ressource an genetischer Diversität repräsentieren. Geeignete Maßnahmen sind notwendig, um die Wettbewerbsfähigkeit dieser Rassen zu steigern und ihren weiteren Fortbestand zu sichern.

Ziel dieses Teilprojektes war es, verschiedene Möglichkeiten aufzuzeigen und zu eruieren, um die Zucht von Rotviehrassen zu fördern und die zukünftige Nutzung dieser Rassen sicherzustellen. Hierfür wurden unterschiedliche Aspekte, wie die genomische Charakterisierung von Rotviehrassen, die Zuchtzielsetzung sowie die Optimierung von Zuchtprogrammen betrachtet.

VORHABENSCHWERPUNKT UND ERA-NET

In Nordeuropa existiert eine Vielzahl von roten Milchviehrassen. Diese Rassen sind an vorherrschende Umweltbedingungen angepasst und zeichnen sich durch gute funktionale Rasseigenschaften, wie überdurchschnittliche Fruchtbarkeit und Krankheitsresistenz, aus. Zudem repräsentieren diese Rinderpopulationen eine Ressource an einzigartiger genetischer Diversität, die es zu schützen und zu erhalten gilt. In den vergangenen Jahrzehnten allerdings haben viele Rotviehrassen einen starken Rückgang ihrer Populationsgröße verzeichnet, wobei einige dieser Populationen heute sogar vom Aussterben bedroht sind. Daher sind Maßnahmen notwendig, um diese Rassen zu fördern und somit ihren Fortbestand zu sichern. Ziel dieses Teilprojektes war es, Möglichkeiten für die Optimierung von Zuchtprogrammen nordeuropäischer Rotviehrassen aufzuzeigen.

ERGEBNISSE

Genomische Charakterisierung

Erfolgreiches genomisches Management von Nutztierpopulationen erfordert Kenntnisse über deren genetische Konstitution. In dieser Studie wurden genomweite Markerdaten genutzt, um zehn Rotviehrassen aus Deutschland, den Niederlanden und Dänemark genetisch zu charakterisieren. Hierbei wurden die genetische Diversität sowie die Populationsstruktur der Rassen untersucht. Außerdem wurden Selektionssignaturen für drei der betrachteten Rassen identifiziert. Die Ergebnisse zeigten die höchste genomische Inzucht für die lokalen Rassen Traditionelles Dänisches Rotvieh, Groninger Blaarkop Rind und Lakenfelder Rind. Alle Analysen belegten die engste genomische Verwandtschaft zwischen Rotbunt in Doppelnutzung und Maas-Rhein-Ijssel. Weiterhin wurde erheblicher Genfluss von Holstein Rotbunt zu den Rassen Angler und Rotbunt in Doppelnutzung festgestellt. Dies kann auf intensive Kreuzung in der Vergangenheit zur Verbesserung der Produktivität lokaler Populationen zurückgeführt werden. Darüber hinaus zeigten die Ergebnisse der Studie Selektionssignaturen in den Rassen Holstein Rotbunt, Rotbunt in Doppelnutzung und Maas-Rhein-Ijssel. Die entsprechenden Genomregionen beherbergten verschiedene Gene, die in vorherigen Studien mit Merkmalen wie Milch- und Fleischproduktion, Mastitis und Fruchtbarkeit assoziiert wurden.

Zuchtzielsetzung

Die Definition des Zuchtziels ist ein wichtiger Schritt für die Optimierung von Zuchtprogrammen. In dieser Studie wurden ökonomische Gewichte für die Rassen Deutsche Holstein, Angler und Rotbunt in Doppelnutzung abgeleitet. Hierfür wurde ein bio-ökonomisches Herdenmodell in Kombination mit einem multiplen Regressionsansatz unter Einbeziehung von Mediatorvariablen genutzt. Einerseits ermöglichte dieses methodische Vorgehen die Berücksichtigung von strukturellen Herden-

effekten (d.h., monetäre Folgen resultierend aus einer Änderung der Herdenstruktur) bei der Berechnung der Wirtschaftlichkeitskoeffizienten. Andererseits wurde das sogenannte ‚double counting‘ von ökonomischen Effekten vermieden. Ökonomische Gewichte wurden für 23 Einzelmerkmale (Produktion, Exterieur und Melkbarkeit, Fruchtbarkeit, Gesundheit, Kuhsterblichkeit, Kälberfitness) berechnet. Weiterhin wurde die relative Gewichtung aller Merkmale im Selektionsindex ermittelt. Die relative Bedeutung der Produktionsmerkmale lag zwischen 39,9 und 44,4 % bei den untersuchten Rassen. Für direkte Gesundheitsmerkmale wurden die höchsten Gesamtkosten für Lahmheit (270 € bis 310 € pro Krankheitsfall) und Mastitis (257 € bis 271 € pro Krankheitsfall) ermittelt. Die relative Gewichtung aller direkten Gesundheitsmerkmale lag zwischen 15,7 und 17,9 %. Für Fruchtbarkeitsmerkmale wurden die größten Unterschiede zwischen den Rassen festgestellt. Die relative Bedeutung im Selektionsindex lag bei 10,5 % für Deutsche Holstein, 10,8 % für Angler und nur 6,5 % für Rotbunt in Doppelnutzung. Insgesamt zeigten die Ergebnisse der Studie die hohe ökonomische Bedeutung von funktionellen Merkmalen in den untersuchten Rassen.

Optimierung von Zuchtprogrammen

In der Rinderzucht kann Kooperation zwischen unterschiedlichen Ländern, Rassen oder Zuchtunternehmen von Vorteil sein. Im dieser Studie wurden Konsequenzen der Zusammenarbeit zwischen nordeuropäischen Rotviehrassen aufgezeigt und bewertet. Zusammenarbeit war hierbei als Austausch von männlichen Zuchttieren zwischen den Populationen definiert. Durch stochastische Simulationen wurden die Zuchtprogramme zweier Zuchtlinien (Milchbetont und Doppelnutzung) nachgeahmt. Verschiedene Szenarien wurden untersucht, in denen linien-übergreifende Selektion von Bullen entweder erlaubt oder unzulässig war. Weiterhin variierten die Korrelationen zwischen den Zuchtzielen beider Linien in den unterschiedlichen Szenarien. Als besonderer Aspekt dieser Studie wurden Unterschiede zwischen den Linien im genetischen Niveau der Zuchtmerkmale (Milch- und Fleischproduktion, Mastitisresistenz, Fruchtbarkeit, Futtereffizienz) berücksichtigt.

Bei einer hohen genetischen Korrelation zwischen den Zuchtzielen beider Zuchtlinien konnte der genetische Fortschritt in einigen Merkmalen durch die Selektion externer Bullen gesteigert werden. Weiterhin wurde die Inzuchtrate pro Generation

reduziert und der monetäre Gewinn stieg in beiden Zuchtprogrammen an. Mit abnehmender genetischer Korrelation zwischen den Zuchtzielen beider Linien endete die Kooperation zwischen den Linien schnell. Ein langfristiger Austausch von Zuchttieren wurde nur beobachtet, wenn die Korrelation zwischen den Zuchtzielen nahe Eins lag. Allerdings zeigten sich an diesem Punkt auch negative Aspekte einer langfristigen Kooperation zwischen den beiden Zuchtlinien. Zum einen wurden die Zuchtlinien genetisch ähnlicher, wodurch sich die genetische Diversität zwischen den Rassen verringerte. Zum anderen wurde in der Doppelnutzungs-Linie ein deutlich reduzierter genetischer Fortschritt in den Merkmalen Fleischproduktion, Mastitisresistenz und Fruchtbarkeit beobachtet. Insgesamt müssen kurz- und langfristige Folgen einer Zusammenarbeit zwischen Rotviehpopulationen in Nordeuropa sorgfältig abgewägt werden.

FAZIT

Mit diesem ReDiverse-Teilprojekt wurden geeignete Maßnahmen betrachtet und evaluiert, um Rotviehrassen in Nordeuropa zu fördern und deren weitere Nutzung sicherzustellen. Die generierten Ergebnisse sind unmittelbar für die praktische Zucht relevant und leisten einen wichtigen Beitrag zur nachhaltigen Entwicklung von Rotviehrassen.

PUBLIKATIONEN

Schmidtman, C., Schönherz, A., Guldbandsen, B., Marjanovic, J., Calus, M., Hinrichs, D., Thaller, G. (2021): **Assessing the genetic background and genomic relatedness of red cattle populations originating from Northern Europe**. *Genetics Selection Evolution* 53:23.

Schmidtman, C., Thaller, G., Kargo, M., Hinrichs, D., Ettema, J. (2021): **Derivation of economic values for German dairy breeds by means of a bio-economic model – with special emphasis on functional traits**. *Journal of Dairy Science* 104:3144-3157.

Schmidtman, C.; Slagboom, M.; Sørensen, A.C.; Hinrichs, D.; Thaller, G.; Kargo, M.: **Short and long-term consequences of collaboration between Northern European Red dairy and dual-purpose cattle**. (*Under review*)

Projektbeteiligte:

Christian-Albrechts-Universität zu Kiel (DE), Universität Hohenheim (DE), Wageningen UR Livestock Research (NL), Aarhus University (DK), Swedish University of Agricultural Sciences (SE), Norwegian University of Life Sciences (NO), Lithuanian University of Health Sciences (LT), Wrocław University of Environmental and Life Sciences (PL), CRV BV (NL), VikingGenetics (SE), Animal Breeders Association of Latvia (LV), The Lithuanian Red Cattle Improvement Association (LT), Rinderzucht Schleswig-Holstein eG (DE)

Kontakt:

Prof. Dr. Georg Thaller, gthaller@tierzucht.uni-kiel.de, +49 431 880 7329; Institut für Tierzucht und Tierhaltung, Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Hermann-Rodewald-Str. 6, 24118 Kiel