

Entwicklung der Erregerbefunde und Zellzahlen aus Viertelanfängemilchen in Herden des pro-Q Projekts

Walkenhorst, M.¹, Heil, F.¹, Ivemeyer, S.¹, Klocke, P.¹, Notz, C.¹, Maeschli, A.¹, und Staehli, P.¹

Keywords: minimising antibiotic use, dairy intramammary infection, somatic cell score

Abstract

The objective of this study was to assess effects on intramammary infections and somatic cell score (SCS) upon reduction antibiotic udder treatments. The study was part of an udder health programme (pro-Q) implementing preventive measures and complementary treatment methods. The treatment proportion decreased from annually 39 to 20 per 100 cows. A total of 10'000 of quarter milk samples out of 4 yearly investigations of 33 Swiss dairy herds were analysed. There was no general change in somatic cell score (SCS) considering all taken samples. A significant increase of *Staphylococcus ssp.* findings (12%) could be observed beside a decrease of the SCS in samples of this pathogens group. Using GLM statistical analysis, significant effects by lactation number, days in milk, pathogens and farm on SCS could be shown.

Einleitung und Zielsetzung

Bisherige Auswertungen konnten zeigen, dass sich mittels der pro-Q Methodik (Ivemeyer 2007) auf Projektbetrieben der Antibiotikaeinsatz in der Therapie von Euterkrankungen deutlich verringern liess. Dabei blieb die Eutergesundheit gemessen an der Zellzahl laut Milchleistungsprüfungsresultaten (Ivemeyer 2008) gleich. Mit der vorliegenden Auswertung sollte nun geprüft werden, ob sich auch anhand der Befunde aus Viertelanfängemilchen eine unveränderte Eutergesundheit verifizieren lässt. Die Entwicklung des Erregerspektrums sowie zusätzlicher Einflussfaktoren auf den Entzündungsparameter Zellzahl während dreier Projektjahre wurden sowohl auf Ebene des Euterviertels als auch des Betriebes analysiert.

Methoden

Im Rahmen des pro-Q-Projektes wurden zum Einstieg in das Projekt sowie in der Folge im Jahresrhythmus Bestandesmilchproben entnommen. Hierzu wurden während einer regulären Melkzeit Proben von Viertelanfängemilchen aller laktierenden Kühen eines Betriebes genommen und anschliessend auf Mastitiserreger sowie Zellzahl untersucht. Zur statistischen Auswertung wurden die Zellzahlen in den Somatic Cell Score ($SCS = \log_2(\text{Zellzahl}/100'000)+3$) umgerechnet. Eine Erregerdifferenzierung wurde zwischen *Staphylococcus aureus* (*S. aureus*), anderen Staphylokokken (*S. ssp.*), *Corynebacterium bovis* (*C. bovis*), Umweltstreptokokken (*Streptococcus uberis* und Enterokokken, *Äskul pos*) und *Streptococcus dysgalactiae* (*Sc. dysgal.*) vorgenommen. Alle anderen Befunde sowie alle Befunde mit mehr als einer Erregerspezies pro Probe wurden zur Gruppe sonstige zusammengefasst. Lag kein Erregerbefund vor, galt das Viertel als steril. Viertel ohne Zellzahlbefund wurden von der Auswertung ausgeschlossen. Zum Auswertungszeitpunkt lagen von 33 Betrieben 4 aufeinander folgende Jahresmilchproben (JMP0-4) mit insgesamt knapp 10'000 Viertelbefunden vor. Auf Basis von Zuchtverbandsinformationen liess sich der Laktationstag (LT) sowie die Laktationsnummer (LN) individuell jedem Viertelbefund zuord-

¹ FiBL, Ackerstrasse, 5070, Frick, Schweiz, michael.walkenhorst@fibl.org, Internet: www.fibl.org

nen. Auf Ebene aller Einzelviertelbefunde wurde statistisch der Einfluss der Bakterienbefunde und des Projektjahres auf den Viertel-SCS mithilfe einer ANOVA und posthoc Tukey-Kramer-Test ermittelt. Um über den Erregerbefund hinausgehende Einflussfaktoren (LN, LT und Betrieb) auf den SCS des Einzelviertels zu ermitteln, wurden für jedes Projektjahr ein General Linear Model (GLM) berechnet. Zur Auswertung der Betriebsebene wurde je Betrieb und JMP der mittlere betriebliche SCS über alle Euterviertel gebildet, sowie das betriebliche Keimpektrum in Anteil Befunden an den untersuchten Vierteln der jeweiligen JMP ausgewiesen. Anhand der Behandlungsjournale der Betriebe wurde die Zahl an antibiotischen Euterbehandlungen erhoben und daraus die Anzahl Therapien je 100 Kühe, Betrieb und Projektjahr ermittelt. Auf Betriebsebene wurde der Einfluss des Projektjahres auf den Anteil Bakterienbefunde mithilfe des Wilcoxon-Rangsummentestes und Zusammenhänge von Bakterienbefund und Antibiotikaeinsatz mit Spearman-Rangkorrelationen errechnet. Alle statistischen Auswertungen wurden mit JMP 5.0 (SAS Institute) durchgeführt.

Ergebnisse

Ebene der Einzelviertelbefunde

Tabelle 1 stellt eine Übersicht über Erregerbefunde und SCS aller Einzelviertelbefunde dar.

Tab. 1: Erregerbefunde der Viertelanzfangsgemelksproben und deren Einfluss auf den Viertel-SCS in den 4 durchgeführten Jahresmilchproben (JMP)

		JMP0	JMP1	JMP2	JMP3
Steril	N (%)	1592 (66%)	1499 (59%)	1489 (61%)	1240 (50%)
	SCS	1.25 a z	1.39 a z	1.32a z	1.31a z
Sonstige	N	91 (4%)	163 (6%)	146 (6%)	184 (7%)
	SCS	2.35 ab x	2.21 b x	3.03 a v	2.21 b x
<i>C.bovis</i>	N (%)	45 (2%)	105 (4%)	63 (3%)	81 (3%)
	SCS	2.46 a x	2.27 a x	1.95 a xz	2.12 a x
<i>S.ssp</i>	N (%)	356 (15%)	430 (17%)	497 (20%)	663 (27%)
	SCS	2.11 ab x	2.17 a x	2.41 a x	1.78 b x
<i>S.aureus</i>	N (%)	201 (8%)	177 (7%)	110 (5%)	134 (5%)
	SCS	3.64 a y	3.62 a y	4.09 a wy	3.94 a y
<i>Sc.dysgal</i>	N (%)	37 (2%)	27 (1%)	30 (1%)	30 (1%)
	SCS	4.33 ab y	3.29 b xy	5.32 a w	3.75 ab wy
Äskul pos	N (%)	100 (4%)	130 (5%)	108 (4%)	164 (7%)
	SCS	4, 00 a y	3.48 ab y	3.61 ab vy	3.10 b w
Alle	N (%)	2422 (100%)	2531 (100%)	2443 (100%)	2496 (100%)
	SCS	1.80 a	1.90 a	1.93 a	1.81 a
Minor ¹		2.15 a	2.19 a	2.35 a	1.80 b
Major ²		3.82 ab	3.54 b	4.03 a	3.50 b

a,b: signifikanter Unterschied ($p < 0.05$) zwischen den Jahresmilchproben (JMP0 bis JMP3);

v,w,x,y,z: signifikanter Unterschied ($p < 0.05$) zwischen den Erregerbefunden einer JMP;

¹ *C.bovis*, *S.ssp*; ² *S.aureus*, *Sc.dysgal*, Äskul pos

Anhand des SCS lassen sich Minorpathogene (Minor: *S.ssp* und *C.bovis*) deutlich von Majorpathogenen (Major: Äskul pos, *S.aureus* und *Sc.dysgal*) unterscheiden. Im Verlauf der Projektjahre ist eine Zunahme der *S.ssp* um 12% bei gleichzeitiger Abnahme der sterilen Befunde um 14% zu verzeichnen. Gegenüber JMP1 und JMP2 zeichnen sich *S.ssp* in der vierten Jahresmilchprobe (JMP4) durch eine signifikant

niedrigere Zellzahl aus. Unter Berücksichtigung aller Viertelbefunde zeigte sich keine signifikante Veränderung des SCS im Verlauf der 4 Jahresmilchproben.

Neben dem Erregerbefund haben auch LN, LT und der Betrieb selbst einen signifikanten Einfluss auf den SCS in der Gesamtheit aller Viertelbefunde ($p < 0.001$). Gemessen an der F Ratio waren LN, LT und Erregerbefund überwiegend vergleichbar, der Betriebseinfluss deutlich weniger bedeutsam (Tab. 2). Sowohl LT als auch LN erhöhten den SCS signifikant. Dies traf auch auf den Erregerbefund Major gegenüber sterilen Vierteln zu. Minor erniedrigte in JMP1 und 4 den SCS gegenüber sterilen Vierteln. Die mittlere LN zur JMP steigerte sich im Verlauf des Projektes (JMP0-4) von 3.44 signifikant auf 3.61.

Tab. 2: Einfluss von LN, LT, Erregerbefund und Betrieb auf den SCS pro Projektjahr (GLM)

	JMP0		JMP1		JMP2		JMP3	
p-Wert des Modells	<0.001		<0.001		<0.001		<0.001	
	F	estim.	F	estim.	F	estim.	F	estim.
LT	119	0.004	155	0.004	147	0.004	169	0.005
LN	108	0.19	106	0.19	81	0.16	219	0.22
Erregerbefund	125		91		120		98	
Steril - Sonstige								
Steril - major		1.33		1.15		1.15		1.15
Steril - minor		-0.26						-0.34
Betrieb	7	¹	7	¹	12	¹	10	¹

Alle aufgeführten Faktoren im Modell weisen einen p Wert < 0.001 auf, (Ausnahme Steril-minor in JMP0 $p=0.009$), ¹ estimates der Einzelbetriebe sind aus Platzgründen nicht aufgeführt

Betriebsebene

Auf Betriebsebene ist ein signifikanter Anstieg an *S.ssp* und *C.bovis* um insgesamt 14% zu bemerken. Dies erklärt den überwiegenden Anteil der Zunahme positiver Erregerbefunde von 33% auf 50% (Tab. 3). Der Mittelwert aller betrieblicher SCS verändert sich nicht. Der Einsatz der Antibiose reduziert sich während dreier Projektjahre von 39 auf 20 antibiotische Euterbehandlungen je 100 Kühe und Jahr.

Tab. 3: Entwicklung von Erregerbefunden, SCS und Antibiotikaeinsatz (n=33 Betriebe)

	JMP0	JMP1	JMP2	JMP3	p-Wert ²
mittlerer betrieblicher Anteil <i>C.bovis</i> (%)	2.6	3.8	2.8	3.6	0.022
mittlerer betrieblicher Anteil <i>S.ssp</i> (%)	12.5	15.4	19.2	25.2	0.015
mittlerer betrieblicher Anteil <i>S.aureus</i> (%)	9.8	8.1	5.3	4.5	0.106
mittlerer betrieblicher Anteil <i>Sc.dysgal</i> (%)	1.5	0.9	1.4	1.2	0.590
mittlerer betrieblicher Anteil Äskul pos(%)	4.2	4.9	4.3	6.8	0.190
Gesamtanteil positiver Erregerbefunde (%)	33	38	37	50	0.003
betrieblicher Mittelwert SCS	1.74	1.76	1.70	1.62	0.855
Antibiotische Euterbehandlungen¹	39	38	26	20	0.004

¹je 100 Kühe und Jahr, ²Wilcoxon-Rangsummentest

Zu keiner JMP bestand ein signifikanter Zusammenhang (Spearman, $p < 0.05$) zwischen Antibiose im Vorjahr und mittlerem betrieblichen SCS bzw. Gesamtanteil positiver Erregerbefunde. Bis auf zwei Ausnahmen in JMP2 (Anteil *C.bovis* und *Sc.dysgal*

waren hier bei höherem Antibioseinsatz erniedrigt) fehlte ein solcher Zusammenhang auch hinsichtlich einzelner Erregerbefunde.

Diskussion

Die Zusammenhänge zwischen Erreger, LT, LN und SCS verhalten sich übereinstimmend mit vergleichbaren Studien (z.B. Reksen et al., 2008). Die vorliegende Analyse untermauert anhand von Einzelviertelbefunden die Möglichkeit, bei reduziertem Einsatz von Antibiotika in der Euterbehandlung eine gleichbleibende Eutergesundheit aufrecht erhalten zu können (Ivemeyer et al. 2008). Es bleibt dabei offen, ob die Antibiose in ihrer Wirksamkeit bisher erheblich überbewertet wurde oder ob mittels der pro-Q Methodik (präventive Bestandesmedizin und komplementärmedizinische Therapie) der reduzierte Einsatz der Antibiose kompensiert werden konnte. Diese postulierbare Kompensation war nachweislich nicht mit einer Verjüngung der Herden verbunden.

Zu diskutieren bleibt die Veränderung im Keimspektrum während der drei Projektjahre. Der Anteil steriler Befunde nimmt im Verlauf des Projektes ab, was zum grössten Teil durch einen steigenden Anteil an Befunden mit *S.ssp* bedingt war. Gleichzeitig konnte -gemessen am SCS- die Abnahme der Pathogenität dieser Erregergruppe festgestellt werden. Viele *S.ssp* gehören zur apathogenen Hautflora. Eine deutlich verminderte Anzahl antibiotischer Therapien und damit auch intrazisternaler Applikationen lässt möglicherweise häufiger eine Besiedlung des Zitzenkanals mit anderen Staphylokokken zu. Eine stärkere Differenzierung dieser Befundgruppe könnte hier zur Klärung beitragen.

Schlussfolgerungen

Die Ergebnisse belegen anhand von Befunden aus Viertelanfangsgemelken, dass durch die Anwendung der auf Prävention und Komplementärmedizin beruhenden pro-Q Methodik eine erhebliche Verminderung antibiotischer Euterbehandlungen ohne Verschlechterung der betrieblichen Eutergesundheit möglich ist. Eine insgesamt gleichbleibende Infektionsrate mit major-pathogenen Erregern ist hierfür besonders bedeutungsvoll. Eine erhöhte Rate an Befunden mit minor-pathogenen Erregern bleibt ohne Auswirkungen auf Viertelanfangsgemelkszellzahlen.

Danksagung

Wir danken Coop für die finanzielle Unterstützung durch Gelder aus dem Coop Fonds für Nachhaltigkeit und den pro-Q-Betrieben für die Teilnahmebeiträge und die gute Zusammenarbeit im Projekt.

Literatur

- Ivemeyer, S., Raillard, D., Heil, F., Klocke, P. (2007): Datenbanksystem zur Bestandesbetreuung von Milchviehherden mit Schwerpunkt auf der Eutergesundheit. Schweizer Archiv für Tierheilkunde 149(10): 449-456.
- Ivemeyer, S., Maeschli, A., Walkenhorst, M., Klocke, P., Heil, P., Oser, S., Notz, C. (2008) Auswirkungen einer zweijährigen Bestandesbetreuung von Milchviehbeständen hinsichtlich Eutergesundheit, Antibiotikaeinsatz und Nutzungsdauer. Schweizer Archiv für Tierheilkunde 150(10), im Druck
- Reksen, O., Sølvørød, L., Østerås, O. (2008): Relationship between milk culture results and composite milk somatic cell counts in norwegian dairy cattle, J Dairy Sci 91: 3102-3113