

## **In Richtung eines präventiven Gesundheitsmanagements für heimische Zweinutzungsrinder in ökologischen Weideproduktionssystemen mittels neuartiger Zuchtstrategien auf Basis von innovativen Datenerfassungssystemen**

**Towards preventive health management in native dual-purpose cattle adapted to organic pasture based production systems via novel breeding strategies based on novel trait recording**

**FKZ: 15OE104**

**Projektnehmer:**

Justus-Liebig-Universität  
Institut für Tierzucht und Haustiergenetik  
Ludwigstraße 21, 35390 Gießen  
Tel.: +49 641 9937620  
Fax: +49 641 9937629  
E-Mail: [sven.koenig@agrar.uni-giessen.de](mailto:sven.koenig@agrar.uni-giessen.de)  
Internet: [www.uni-giessen.de/fbz/fb09/institute/ith](http://www.uni-giessen.de/fbz/fb09/institute/ith)

**Autoren:**

König, Sven; Jaeger, Maria

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

Die inhaltliche Verantwortung für den vorliegenden Abschlussbericht inkl. aller erarbeiteten Ergebnisse und der daraus abgeleiteten Schlussfolgerungen liegt beim Autor / der Autorin / dem Autorenteam. Bis zum formellen Abschluss des Projektes in der Geschäftsstelle Bundesprogramm Ökologischer Landbau und andere Formen nachhaltiger Landwirtschaft können sich noch Änderungen ergeben.

# Schlussbericht

zum Vorhaben

Thema:

**In Richtung eines präventiven  
Gesundheitsmanagements für heimische  
Zweintutzungsrinder in ökologischen  
Weideproduktionssystemen, mittels neuartiger  
Zuchtstrategien auf Basis von innovativen  
Datenerfassungssystemen**

Zuwendungsempfänger:

**Justus-Liebig-Universität Gießen - Fachbereich 09  
Agrarwissenschaften, Ökotrophologie und  
Umweltmanagement  
Institut für Tierzucht und Haustiergenetik  
Ludwigstr. 21 b  
35390 Gießen**

Förderkennzeichen:

**2815OE104**

Laufzeit:

**07.04.2015 bis 31.05.2018**

Monat der Erstellung:

**08/2018**

Gefördert durch:



Bundesministerium  
für Ernährung  
und Landwirtschaft

aufgrund eines Beschlusses  
des Deutschen Bundestages

Das diesem Bericht zugrundeliegende Vorhaben wurde aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages mit Mitteln des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) über die Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e.V. (FNR) als Projektträger des BMEL für das Förderprogramm Nachwachsende Rohstoffe unterstützt. Die Verantwortung für den Inhalt dieser Veröffentlichung liegt beim Autor.

## Inhaltsverzeichnis

1. Einführung.....	3
1.1 Gegenstand des Vorhabens.....	3
1.2 Ziele und Aufgabenstellung.....	3
1.3 Planung und Ablauf des Projektes .....	6
2. Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde.....	9
3. Material und Methoden.....	9
4. Ausführliche Darstellung der wichtigsten Ergebnisse .....	25
5. Diskussion der Ergebnisse .....	44
6. Nutzen und Verwertbarkeit.....	52
7. Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen .....	54
8. Zusammenfassung.....	56
9. Literaturverzeichnis .....	57
10. Veröffentlichungen.....	61
<b>I. Anlage – Erfolgskontrollbericht .....</b>	<b>Fehler! Textmarke nicht definiert.</b>
<b>II. Berichtsblatt .....</b>	<b>Fehler! Textmarke nicht definiert.</b>

## 1. Einführung

### 1.1 Gegenstand des Vorhabens

Zum Zeitpunkt des Projektstarts gab es nur wenig Information zum Zusammenhang von Graslandcharakteristika bzw. weiteren Umweltdeskriptoren (u.a. Hitzestress) und der Merkmalsausprägung von Zweinutzungsrindern auf phänotypischer, quantitativ-genetischer und genomischer Skala. Daher war es das primäre Ziel, unter Einsatz moderner technischer Verfahren zur Datenerfassung mittels Sensor-Technologie, diese Wechselwirkungen zu analysieren, um weiterführend Zuchtziele von Zweinutzungsrindern zu formulieren und darauf basierende Zuchtstrategien (ökonomisch) evaluieren zu können. Die Erfassung innovativer Merkmale der Kategorien Tiergesundheit und Tierverhalten kann final dazu beitragen, Besonderheiten von lokal angepassten, aber vom Aussterben bedrohten Rassen, zu identifizieren. Solche identifizierten Besonderheiten für Robustheit, Fitness, Langlebigkeit und Produktqualität, auch auf genomischer Ebene, tragen zum Erhalt dieser Rassen im Sinne einer ökologisch ausgerichteten Tierzucht bei.

Für die praktische Zucht von Zweinutzungsrindern spielt hierbei die Erstellung eines ökologischen Gesamtzuchtwertes, unter Berücksichtigung innovativer phänotypischer Merkmale für die Tiergesundheit, des Tierwohlbefindens und der Produktqualität, eine zentrale Rolle. Um dem Gedanken der ökologischen Landwirtschaft Rechnung zu tragen und eine ressourcenschonende Produktion zu gewährleisten, wurde nicht nur auf lokale Rassen fokussiert, sondern auch auf natürliche Produktionsbedingungen mit reduziertem Krafftutereinsatz in Graslandsystemen. Diese Ansprüche betrafen auch die generelle Zuchtzieldefinition, welche eine bessere Adaption des Tieres an seine natürliche Umwelt vorsehen. Vice versa erlaubte das Versuchsdesign Rückschlüsse auf die Optimierung der Weidewirtschaft, eben durch das intensive Studium der Tiergesundheitsindikatoren unter Weidebedingungen. Die Untersuchungen wurden an Zweinutzungstieren aus Weidehaltungen durchgeführt, wobei für die Arbeitsgruppe Tierzucht der Universität Gießen und die Arbeitsgruppe Agrartechnik der Universität Kassel primär die ökologische Versuchsherde aus Frankenhausen, dem Versuchsgut der Universität Kassel, genutzt wurde. Weitere Zweinutzungsherden im internationalen Kontext inkludierten Bleue du Nord in Belgien, Normande und Montbéliard in Frankreich, Schwarzbunte Milchrinder in den Niederlanden, Original Braunvieh und polnische Friesian in Polen, Simmental und Braunvieh in Slowenien, original Braunvieh und Simmental in der Schweiz und Boz Irk in der Türkei. Dieser breite Datenpool an Zweinutzungsrindern, einhergehend mit der Harmonisierung bzgl. der Merkmalserhebung, war die notwendige Grundlage, um an einem großen Datenmaterial genetische innovative Studien, wie die Detektion von Selektionssignaturen, genomweite Assoziationsstudien oder rasseübergreifende genomische Zuchtwertschätzungen, durchzuführen.

### 1.2 Ziele und Aufgabenstellung

Das Ziel des Projektes war eine Bewertung von neuartigen funktionalen Merkmalen in Abhängigkeit von relevanten Umweltdeskriptoren. Dies ist Voraussetzung a) für die Umsetzung von ökologischen

Zuchtstrategien für Zweinutzungsrinder welche in ökologischen Weideproduktionssystemen gehalten werden, und b) für ein vorbeugendes Gesundheitsmanagement. Auf Basis eines interdisziplinären Forschungsdesigns wurde für die deutschen Partner die Zweinutzungsrinderrasse „Deutsches Schwarzbuntes Niederungsrind“ (DSN) ausgewählt. Diese Zweinutzungsrasse zeigt auch genetische Verwandtschaften zu schwarzbunten Zweinutzungsrindern der Projektpartner aus den Niederlanden und aus Polen. Neben phänotypischen Rasse- oder Linienvergleichen wurden länderübergreifend auch Selektionssignaturen identifiziert, Diversitätsmuster verglichen und Zuchtstrategien ökonomisch evaluiert. Dies alles diente einem übergeordneten Zweck, nämlich eine Optimierung der Anpassung des Zweinutzungsrindes an die lokalen weidebasierten Haltungssysteme. Dies gelang aber nur, weil Merkmale über Ländergrenzen hinweg identisch und nach einheitlichen Kriterien erfasst wurden. Den „roten Faden“ zur Datenerfassung über Ländergrenzen hinweg ermöglichte der Einsatz der SensOor<sup>®</sup>-Technologie (ww.agis.nl), welche für eine einheitliche Erfassung von Merkmalen in allen Versuchsherden genutzt wurde. Die damit assoziierten Aufgabenfelder finden sich daher in den thematischen Komplexen a) Produktionssysteme, b) neuartige Erfassungssysteme und c) genetische und zuchtplanerische Evaluierungen und resultieren zusammen in d) der Optimierung von Zuchtprogrammen und e) einem optimierten Herdenmanagement für weidebasierte Betriebe. Alle in dem Projekt vorgesehenen Aufgaben und Arbeitspakete wurden mit den dazugehörigen Meilensteinen von der Universität Gießen umgesetzt. Der eindrucksvolle Beleg hierfür sind die bereits akzeptierten internationalen Publikationen in begutachteten Fachjournalen (siehe Arbeitspaket 10 zu den Publikationen der Arbeitsgruppe Gießen) und der Transfer der Zuchtergebnisse in die Praxis (u.a. Verfügbarkeit von Zuchtwerten für distinkte Produktionssysteme unter Berücksichtigung von Genotyp-Umwelt-Interaktionen). In diesem Bericht fokussieren wir uns explizit auf die Arbeitspakete, in die das Tierzuchtinstitut der Universität Gießen laut Vorhabenbeschreibung involviert ist. Für eine übergeordnete Betrachtung unter Berücksichtigung aller Arbeitspakete verweisen wir auf den englischsprachigen EU-Endbericht, der dem deutschen nationalen Ministerium vorliegt.

Das **erste Arbeitspaket** beinhaltete die Datenerfassung von Umwelteinflüssen in Weideproduktionssystemen und von phänotypischen Merkmalen. Hierfür wurden Weidesysteme klassifiziert und die SensOor<sup>®</sup>-Technologie zur Messung von Tierverhaltensdaten bzw. Tiergesundheitsindikatoren installiert. Zur Aufnahme von Umweltdeskriptoren dienten Aufwuchsmessungen der Grasnarbe mittels ‚Platemeter‘ sowie Temperatur- und Luftfeuchtigkeitsmessungen.

Im **zweiten Arbeitspaket** wurden die erfassten phänotypischen Merkmale der Tiere und Umweltdeskriptordaten mittels ‚linear mixed model‘ und ‚generalized linear mixed model‘ (GLMM) Analysen ausgewertet, um Zusammenhänge zwischen Umwelteffekten in weidebasierten Haltungssystemen und innovativen Merkmalen abbilden zu können.

Das **vierte Arbeitspaket** umfasste umfangreiche Untersuchungen zu Genotyp-Umwelt-Interaktionen (GUI) unter Berücksichtigung des ‚Multiple-Trait Models‘ (MTM) von Falconer, welches

die Tiermerkmale länderübergreifend für verschiedene Produktionssysteme berücksichtigt. Zusätzlich wurden mit Hilfe von ‚random regression‘ bzw. ‚reaction norm models‘ (RRM/ RNM) genetische Parameter unter wechselnden kontinuierlichen Umweltdeskriptoren (z.B. Hitzestressbelastungen) geschätzt.

Im **fünften Arbeitspaket** wurden genomische SNP-Markerdaten mit elektronisch erfassten SensOor®-Daten kombiniert, um signifikante Single Nucleotide Polymorphisms (SNP), Kandidatengene und physiologische Pfade für das longitudinale Tierverhalten zu identifizieren. Darüber hinaus wurde mittels einer Hauptkomponenten-Analyse (PCA) die funktionelle Biodiversität verschiedener Europäischer (Zweinutzungs-) Rinderrassen untersucht.

**Arbeitspaket acht** kombinierte den Selektionsindex mit der Genfluss-Methode unter Verwendung von Kosten und Erlösen sowie mit biologisch-technischen Koeffizienten (u.a. Remontierungsrate für Kühe und Bullen, prozentualer Anteil genutzter Bullen für Zuchtprogramme, Altersstrukturen), um Zuchtprogramme für Zweinutzungsrinder ökonomisch zu evaluieren. Ziel war eine diskontierte Profitrechnung einer Investitionsperiode von 20 Jahren. Für die Simulation und Bewertung verschiedener Zuchtszenarien wurde die Software ZPLAN+ verwendet, ergänzt mit eigenen Programmierungen zu genomischen Zuchtplanungsstrategien und der erstmaligen Berücksichtigung von Genotyp-Umwelt-Interaktionen in der deterministischen Zuchtplanung.

Das **Arbeitspaket neun** wurde federführend vom Kooperationspartner der Agrartechnik in Witzenhausen bearbeitet. Hier wurden die Sensoraufzeichnungen durch visuelle Beobachtungen der Tiere mit Sensoren validiert. Bezüglich der Sensorinstallation, der Kuhkontrolle und der Validierung (teilweise visuell) erfolgte eine enge Kooperation bzw. Arbeitsteilung zwischen den Arbeitsgruppen Tierzucht und Agrartechnik. Ohne die Expertise zur Erstellung des Datenbanksystems mit Sensor-Eintragungen (durchgeführt von der Arbeitsgruppe Agrartechnik) hätte die Arbeitsgruppe nicht die umfassenden Analysen bis zur genomischen Ebene in dem kurzen Zeitfenster der Projektlaufzeit realisieren können.

Das **zehnte Arbeitspaket** sah die Publikation der wichtigsten Ergebnisse vor. Zuchtwerte für Zweinutzungsbullen wurden geschätzt (spezielle Zuchtwerte für spezifische Produktionsbedingungen) und können von den Züchtern bei Bedarf für Selektions- und Anpaarungsentscheidungen verwendet werden. Des Weiteren wurde erstmals auf europäischer Ebene ein Leitfaden zur Merkmalerfassung der Tiergesundheit zur Verbesserung des Tierwohls, der Fruchtbarkeit und der Produktqualität erstellt. Ergebnisse wurden in Form von Konferenzbeiträgen (u.a. Europäische Tagung für Tierzucht, Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Züchtungskunde, DSN-Züchtertagung in Frankenhausen) und in begutachteten renommierten Fachzeitschriften (Züchtungskunde, Journal Dairy Science, Journal Animal Breeding and Genetics, Animal) publiziert bzw. zur Publikation eingereicht.

### 1.3 Planung und Ablauf des Projektes

Das Projekt war, gemäß Vorhabenbeschreibung, über eine Gesamtlaufzeit von 3 Jahren in insgesamt 10 Arbeitspakete (AP) unterteilt, die in chronologischer Abfolge zeitlich aufeinander abgestimmt sind, aber sich auch in ihren Wechselwirkungen beeinflussen (insbesondere was die Zusammenarbeit zwischen dem Fachgebiet Agrartechnik der Universität Kassel (UNI-KS) und dem Institut für Tierzucht und Haustiergenetik der Universität Gießen (UNI-G) anbelangt). UNI-G war inhaltlich in die Arbeitspakete 1, 2, 4, 5, 8 und 10 involviert. Die Übersicht zu allen Arbeitspaketen und definierten Meilensteinen ergibt sich wie folgt:

AP1: Erfassung von funktionalen Merkmalen und Umweltfaktoren

AP2: Statistische Modellierung: Schätzen der Umwelteffekten in Bezug zu innovativen Kuhmerkmalen

AP3: Rassevergleiche für funktionale Merkmale

AP4: Schätzen von genetischen Parametern und Zuchtwerten innerhalb Rasse

AP5: Identifikation von Rassecharakteristika (auch auf genomischer Ebene)

AP6: Ableitung ökonomischer Gewichte für Zuchtzielmerkmale

AP7: Entwicklung ökologischer Gesamtzuchtwerte für Zweinutzungsrinder

AP8: Ökonomische Evaluierung ökologischer Zuchtplanungsschemata

AP9: Installation und Evaluierung weiterer Technik zur Merkmalerfassung

AP10: Wissenschaftliche und wirtschaftliche Ergebnisverwertung

**Tabelle 1:** Aufteilung der Arbeitspakete (AP) im Gesamtverbund nach Quartalen

Work package	Partner	Year 1				Year 2				Year 3			
		I	II	III	IV	I	II	III	IV	I	II	III	IV
Phenotypic and environmental data recording (AP1)	All								M1				
Identification of relevant environmental descriptors (AP2)	IGAB, R-Ju, UNI-G, QAG, WU-FSE								M2				
Across breed comparisons (AP3)	UL, QAG, Idele										M3		
Within dual-cattle breeds genetic evaluations (AP4)	Idele, ULg, UNI-G, QAG										M4		
Identification of dual-cattle breed characteristics (AP5)	ULg, UNI-G, QAG, TAGEM										M5		
Derivation of economic weights for traits of breeding goals (AP6)	UL, Idele										M6		
Development of breeding tools (AP7)	UL, Idele, ULg												M7
Economic evaluation of organic breeding strategies (AP8)	WU-FSE,UNI-G, R-Ju, TAGEM, QAG												M8
Technical improvement / implementation of recording systems (AP9)	UNI-KS, R-Ju, TAGEM												M9
Dissemination (AP10)	All												M10

Im ersten Projektjahr wurden Umweltdeskriptordaten sowie phänotypische Kuhmerkmale in der ökologisch ausgerichteten DSN-Herde (DSN = Deutsches Schwarzbuntes Niederungsrind) des Versuchsgutes der Universität Kassel in Frankenhausen erhoben (AP1). Relevante Umweltdeskriptoren waren die botanische Zusammensetzung der Weiden sowie die Aufwuchshöhe,

Temperatur und Luftfeuchtigkeit. Aufwuchsproben wurden jeweils von einem ein Quadratmeter großen abgesteckten Bereich auf der Weide zur Bestimmung der botanischen Zusammensetzung entnommen. Die Messung der Aufwuchshöhe erfolgte mit einem Platemeter und Temperatur und Luftfeuchte wurden durch die vor Ort installierte Wetterstation aufgezeichnet. Bezüglich der technischen Datenerfassung der Umweltdeskriptoren und des diesbezüglichen Datentransfers erfolgte eine enge Zusammenarbeit mit der Arbeitsgruppe Agrartechnik der UNI-KS.

Funktionale eigens erfasste Kuhmerkmale umfassten eine Beurteilung der Körperkondition (Body Condition Score = BCS), der Lahmheit (Locomotion Score = LS) und des Verschmutzungsgrades (Hygiene Score = HS) der Tiere. Zusätzlich wurde das Temperament der Kühe während des Melkens (general temperament = GT), gegenüber ihren Herdengefährtinnen (aggressiveness = AGG) und ihre Stellung in der Rangordnung (intra herd rank order = IHRO) von der zuständigen Herdenmanagerin erfasst. Mittels Korrelationskoeffizienten und linear gemischter Modelle wurden Zusammenhänge zwischen Gesundheitsindikatoren und Temperamentmerkmalen analysiert. Zur Messung des täglichen Tierverhaltens wurden zusätzlich 50 Kühe mit elektronischen Sensorohrmarken ausgestattet, welche zwischen dem Fress-, Wiederkäu-, Schlaf-, Aktivitäts- und gesteigerten Aktivitätsverhalten unterschieden und zusätzlich die Ohrtemperatur aufzeichneten. Die gesammelten täglichen Verhaltensdaten wurden von der Arbeitsgruppe Agrartechnik aufbereitet und über eine online-Datenbank den Projektpartnern zugänglich gemacht. Die Sensordaten wurden zusätzlich mit Testtagsdaten der Milchleistungsprüfung zusammengespielt, um Beziehungen zwischen dem täglichen Tierverhalten, der Produktivität und der Eutergesundheit (somatische Zellzahl) zu identifizieren. In Verbindung mit dem Umweltdeskriptor „Weide“ wurde über acht Wochen das Weideverhalten der DSN-Kühe in Frankenhausen notiert und zwischen Bissfrequenz, Bissgröße, Weidegeschwindigkeit, Präferenz und Effizienz unterschieden. Lineare gemischte Modelle wurden anschließend zur Bewertung des Weideverhaltens angewendet (AP2).

Zusätzlich wurden Kotproben von DSN-Kühen und Holstein Friesian- (HF) Kühen (Vergleichstiere), welche auf 30 ökologisch ausgerichteten Weidebetrieben in Nordwestdeutschland und Frankenhausen gehalten wurden, für Endoparasitenuntersuchungen gewonnen. Für anschließende molekulargenetische Studien (siehe AP4) wurde von einer Stichprobe an Kühen zusätzlich Blut gezogen, um später DNA extrahieren zu können. Die Anwendung gemischter linearer Modelle für Assoziationsstudien auf phänotypischer Ebene sowie Schätzungen genetischer Parameter und genomische Auswertungen, folgten im zweiten und dritten Projektjahr.

Im zweiten Projektjahr wurden überwiegend Aufgaben aus AP4 bearbeitet, sowie wiederholte funktionale Phänotypdaten an den Kühen erhoben. Vor dem Hintergrund möglicher Genotyp-Umwelt-Interaktionen (GUI) wurden quantitativ-genetische Analysen auf Basis von Testtagsdaten (Milch-kg, Fettprozent, Eiweißprozent, log-transformierte somatische Zellzahl, Fett-Eiweiß Quotient) von DSN und HF durchgeführt. Insgesamt wurden 46 Betriebe, welche sowohl DSN als auch HF Tiere hielten, gemäß verschiedener Umweltdeskriptoren (z.B. durchschnittliche Herdengröße, Milchleistung, etc.) klassifiziert und genetische Parameter innerhalb definierter Umweltdeskriptoren

geschätzt. Weiter wurden etwaige GUI bzgl. der definierten Herden-/ Umweltdeskriptoren im Mehrmerkmalsansatz mittels genetischer Korrelationen analysiert. Zusätzlich wurden Linienvergleiche auf quantitativ-genetischer Ebene zwischen Holstein- und DSN-Kühen aus Weidebetrieben bezüglich Parasitenresistenzen durchgeführt. Für die genomweite Assoziationsstudie (GWAS) wurden 80 möglichst unverwandte DSN-Kühe aus dem Versuchsbetrieb Frankenhausen sowie 186 weitere DSN-Kühe von Praxisbetrieben ausgewählt. Für Diversitätsstudien wurden weitere 20 Doppelnutzung Rotbunt- (DN) Kühe mit einem *50k Illumina BeadChip* genotypisiert. Zu Beginn des dritten Projektjahres waren die Genotypdaten für genetisch-statistische Analysen aufbereitet. Die Partnerländer Schweiz, Slowenien und Polen erklärten sich bereit, ebenfalls Genotypdaten von den Zweinutzungstieren zur Verfügung zu stellen, die über Sensor- und Milchleistungsdaten verfügten. Dies war eine einmalige Datenbasis für sogenannte ‚multi-breed genome wide association studies‘ über Ländergrenzen hinweg. Erstmals wurde hierbei nach unserem Kenntnisstand auf longitudinale Tierverhaltensmerkmale, die mit Sensoren erfasst wurden, fokussiert.

Das dritte Projektjahr sah die Identifikation von Rassecharakteristiken auf genetischer Ebene (AP5) sowie die ökonomische Bewertung verschiedener ökologischer Zuchtplanungsschemata (AP8) vor. Mittels der multi-breed GWAS wurden Sensor-Daten der europäischen ökologischen Versuchsherden analysiert. Genomweite Assoziationsstudien mit dem Softwarepaket GCTA wurden auch für die Endoparasitenmerkmale durchgeführt. Zusätzlich konnten prozentuale Verwandtschaften zu anderen Rinderrassen auf Basis von gemeinsamen Allelen (allele sharing distance = ASD) berechnet werden. Eine Stratifizierung der genotypisierten Populationen erfolgte durch eine Hauptkomponentenanalyse (PCA). Tabelle 2 fasst die Tierzahlen und Rassen der genotypisierten (Zweinutzungs-) Kühe zusammen, auf denen die multi-breed GWAS und die genetischen Diversitätsstudien in AP5 basierten.

**Tabelle 2:** Genotypdaten europäischer Rinderrassen als Basis für eine multi-breed GWAS

Partnerland	Rasse*	Anzahl SNP	Tierzahl
Deutschland	DE_DSN	54.609	190
		53.218	76
	DE_DN	53.218	20
	DE_HF	45.613	50
Polen	PL_BS	53.218	34
	PL_HF	53.218	59
Slowenien	SI_Si	52.445	46
	SI_BS	52.445	36
	SI_HF	52.445	14
Schweiz	CH_OBS	26.151	1
		30.105	1
		54.609	2
		139.480	32
		777.962	12
	CH_Si	30.105	2
		139.480	17
	777.962	29	

\*Rassen: DE\_DSN= Deutsches Schwarzbuntes Niederungs- und Bergschaf aus Deutschland, DN= doppelnutzung Rotbunt aus Deutschland, PL\_BS= Brown Swiss aus Polen, PL\_HF= Holstein Friesian aus Polen, SI\_Si= Simmental aus Slowenien, SI\_BS= Brown Swiss aus Slowenien, SI\_HF= Holstein Friesian aus Slowenien, CH\_OBS= Original Braunvieh aus der Schweiz, CH\_Si= Simmental aus der Schweiz

Für die in AP8 geplanten Zuchtplanungsrechnungen wurde das Softwarepaket ZPLAN+ unter Berücksichtigung von biologisch-technischen Koeffizienten verwendet. Basierend auf ökonomischen Evaluierungskriterien (diskontierter Gewinn, diskontierte Koste, diskontierte Erlöse) wurden vier verschiedene Zuchtprogramme für die DSN-Rasse über einen Planungshorizont von 20 Jahren bewertet. Neben einem ökologischen Zuchtprogramm mit Deckbulleneinsatz wurde ein konventionelles Besamungszuchtprogramm mit Testbulleneinsatz simuliert. Für die Zuchtprogramme wurden in einem weiteren Schritt zusätzlich Effekte etwaiger GUI auf ökonomische und züchterische Bewertungskriterien (u.a. Selektionserfolg) untersucht. Das vierte Zuchtszenario umfasste ein kombiniertes Modell aus konventionellem und ökologischen Zuchtprogramm mit prozentual variierendem Einsatz von Test- als auch Deckbullen, sowohl auf dem weiblichen als auch auf dem männlichen Selektionspfad. Somit wurden erstmals die Effekte der Genotyp-Umwelt-Interaktion und der ökologischen Nutzung von Natursprungbullen mittels deterministischer Programmierung ökonomisch evaluiert.

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

Das Institut für Tierzucht und Genetik der Universität Gießen kann auf eine Vielzahl an wissenschaftlichen Studien verweisen, die im Rahmen von 2-Org-Cows angefertigt wurden. Dabei wurde immer eine inhaltliche und methodische Weiterentwicklung des gerade aktuellen „Status Quo“ angestrebt. Auf welchen wissenschaftlichen Methoden und auf welcher wissenschaftlichen Fachliteratur die methodischen Weiterentwicklungen basieren bzw. die inhaltlichen Fragestellungen vorangetrieben wurden, ist der Darstellung der jeweiligen Arbeitspakete zu entnehmen.

### *Zusammenarbeit mit anderen Stellen*

Gemäß Vorhabenbeschreibung erfolgte eine enge inhaltliche und wissenschaftliche Abstimmung mit den wissenschaftlichen Projektpartnern IGAB, R-Ju, QAG, WU-FSE, Idele, ULg, UL, UNI-KS und TAGEM. Hierbei sei insbesondere auf die Ausführungen des gemeinsamen EU-Berichtes verwiesen, der den nationalen Ministerien vorliegt. Der Erfolg der wirtschaftlich-wissenschaftlichen Zusammenarbeit konnte auch einem breiten deutschen Fachpublikum (praktische Züchter und Wissenschaftler) anlässlich der Züchertagung „Frankenhaustag“ am 03. November 2017 demonstriert werden.

## **3. Material und Methoden**

### **AP1: Erfassung von funktionalen Merkmalen und Umweltfaktoren**

Die Vorhabenbeschreibung sieht die Entwicklungen von Richtlinien für die systematische Erfassung funktionaler Merkmalskomplexe (Verhalten, Temperament, Gesundheit) vor. Zusätzlich sollte die SensOor®-Technologie auf dem Versuchsgut implementiert und eine Anleitung zur Bedienung der Datenbank und Aufbereitung der elektronisch gemessenen Daten entwickelt werden. Die

Datenbankentwicklung wurde von UNI-KS durchgeführt. Die Bewertung funktionaler Merkmale sowie von Temperaments-, und Verhaltensmerkmale basierte auf Daten von 118 DSN-Kühen (Laktationen eins bis vier) der Versuchsherde in Frankenhausen. In der Zeit von April bis November verbrachten die Tiere täglich mindestens 6 Stunden auf einer Standweide.

#### *Temperaments- und funktionale Merkmale*

Die Universität Gießen (UNI-G) entwickelte einen sogenannten ‚Trait Atlas‘, in dem detaillierte Beschreibungen zur Erfassung von funktionalen (BCS, LS, HS), Gesundheits- (Diagnose klinische Mastitis, Nachgeburtsverhaltung, Milchfieber, Ketose, Klauenkrankheiten) und Temperamentsmerkmalen (Melkverhalten, Aggressivität, Rangordnung) zusammengefasst wurden. Hierbei wurde auf bereits etablierte Methoden zurückgegriffen. Die Beurteilung der Körperkondition (BCS) erfolgte auf einer Skala von 1-5 nach Spengler Neff et al. (2015). Die Lahmheitsbefundung (LS) basierte auf dem entwickelten System der Zinpro Corporation, welches einen maximalen Lahmheitsgrad von 5 zulässt. Die Verschmutzung der Kühe wurde an Euter (UHS) und Hinterbeinen (LHS) in 5 Stufen nach Reneau et al. (2005) eingeteilt. In der Zeit von April 2016 bis Mai 2017 wurden die Merkmale BCS, LS, LHS, UHS im Abstand von 2-3 Monaten an fünf Terminen von derselben Person erfasst, sodass 385 Beobachtungen von 118 Tieren vorlagen.

Die Temperamentsbeurteilung der DSN-Kühe wurde zu Beginn (Juli 2016) und zum Ende (Mai 2017) der Datenaufnahme von der Herdenmanagerin durchgeführt. Hier wurde zwischen dem allgemeinen Temperament während des Melkens (GT: 1= nervös - 5= sehr ruhig), der Aggressivität (AGG: 1= aggressiv, 0= friedlich) gegenüber anderen Herdengefährtinnen und dem Rang des Tieres innerhalb der Herde (IHRO: 1= unterwürfig, 2= ausgeglichen, 3= dominant) unterschieden.

#### *SensOor®-Verhaltensmerkmale*

Die Verhaltensdaten von 49 DSN-Kühen wurden mittels elektronischer SensOor®-Ohrmarken (Agis Automatisering BV, Harmelen, the Netherlands) von September 2016 bis August 2017 erfasst. Jede Ohrmarke wurde spätestens zwei Tage vor der Kalbung in das linke Ohr eingezogen. Mittels eines 3-dimensionalen Lagemessers (Accelerometer, RFID) werden alle fünf Minuten die Ohrbewegungen des Tieres aufgezeichnet und einer von fünf Verhaltenskategorien in Prozent, bezogen auf 24 Stunden, zugeordnet: wiederkauen (RUM), fressen (FEED), inaktiv/schlafen (NA), aktiv (ACT), hoch aktiv (HA). Hierbei dient die wiederholte kontinuierliche Kau- und Schluckbewegung, hervorgerufen durch den Ruktus, zur Erkennung der Wiederkäutätigkeit. Wird nur eine gleichmäßige Nick- und Kaubewegung gemessen, so wird dies auf die Futteraufnahme zurückgeführt und der Kategorie „FEED“ zugeordnet. Unregelmäßige Kopfbewegungen, welche nicht den typisch wiederkehrenden Kau- oder Schluckbewegungen zugeordnet werden können, klassifiziert das System als „ACT“. Wird ein bestimmter Aktivitätsgrenzwert erreicht, kennzeichnet SensOor® dies als „HA“. Gesteigertes HA Verhalten wird zuverlässig vor der Geburt oder während der Brunst aufgezeichnet. Zusätzlich wird die durchschnittliche Ohrtemperatur (Temp) pro Stunde mittels eines Oberflächensensors bestimmt.

Zum standardisierten Aufbereitungsprozess der SensOor<sup>®</sup>-Daten in JMP (SAS Institute Inc., 2008) wurden „Ausreißer“ Messwerte in den einzelnen Merkmalskomplexen (RUM, FEED, NA, ACT, HA) identifiziert. Gemessene Ohrtemperaturen (Temp) von <5 °C und >40 °C wurden ebenfalls aus dem Datensatz entfernt. Die täglichen SensOor<sup>®</sup>-Verhaltensdaten wurden mit Wetterdaten zur Tagestemperatur und Luftfeuchtigkeit ergänzt. In einem weiteren Schritt wurden die SensOor<sup>®</sup>-Aufzeichnungen mit den Testtagsdaten der Milchleistungsprüfung (Datentransfer von VIT Verden) kombiniert. Der Prozess der Datenaufbereitung erfolgte in enger Abstimmung mit UNI-KS. Die Programme zur Datenaufbereitung wurden unter Berücksichtigung der tierzüchterischen Hintergrundinformation von UNI-KS geschrieben.

### *Statistische Modelle*

Auswertungen der eigens erfassten funktionalen Merkmale erfolgten mittels Korrelationsberechnungen und der Anwendung von linearen gemischten Modellen (für normalverteilte Merkmale) sowie generalisierten gemischten linearen Modellen (für kategorial verteilte Merkmale) im Statistikprogramm SAS University Edition (MIXED Prozedur) (SAS Institute Inc., 2008). Die folgenden Modelle wurden verwendet um 1) den Einfluss der SensOor<sup>®</sup>-Verhaltensdaten auf Produktionsmerkmale, 2) den Einfluss von Produktionsmerkmalen auf das SensOor<sup>®</sup>-Verhalten und 3) den Einfluss von SensOor<sup>®</sup>-Verhalten auf die Körperkondition (BCS) zu analysieren:

$$1) \quad y_{ijklmn} = \mu + CS_i + Lno_j + DIM_k + A_l + T*Temp_m + CM_n + e_{ijklmn}$$

$$2) \quad y_{ijklm} = \mu + Lno_i + DIM_j + A_k + T*Temp_l + P_m + e_{ijklm}$$

$$3) \quad y_{ijkl} = \mu + Lno_i + DIM_j + A_k + CM_l + e_{ijkl}$$

Mit:  $y_{ijklmn}$ = Beobachtung für lineare Testtags- (Milch kg= Mkg, Fett kg= F),  $y_{ijklm}$ = Beobachtung für SensOor<sup>®</sup>-Merkmale (RUM, FEED),  $y_{ijkl}$ = Beobachtung für BCS,  $\mu$ = Mittelwert der Population, CS= fixer Effekt der Kalbesaison (April-November, Dezember-März), Ln = fixer Effekt der Laktation (1-4), DIM= fixer Effekt der Tage in Milch am Testtag (1-50 Tage, 50-100 Tage, 100-150 Tage, 150-200 Tage, 200-250 Tage, 250-300 Tage, 300-400 Tage, 400-500 Tage, >500 Tage) bzw. am Tag der Datenerfassung (0-15 Tage, 15-38 Tage, >38 Tage), A= zufälliger Tierereffekt, T\*Temp= kombinierter fixer Effekt der Ohrtemperatur und der Außentemperatur (<6 °C, >6 °C), CM= fixer Sensoreffekt in drei verschiedenen Läufen für NA (%/Tag: <22, 22-28, >28), FEED (%/Tag: <17, 17-23, >23), RUM (%/Tag: <37, 37-41, >41), ACT (%/Tag: <6, 6-8, >8), HA (%/Tag: <6, 6-8, >8), P= fixer Effekt für Produktionsleistung in zwei verschiedenen Läufen für Mkg und SCC (Mkg in kg/Kuh/Testtag: <15, 15-17, 17-20, 20-25, 25-30, >30; Somatic cell count\*1000/ Zellen/mL= SCC: <50, 50-100, 100-150, 150-200, 200-250, 250-300, 300-350, 350-450, 450-550, 550-700, >700) und e= zufälliger Restfehler.

## AP2: Statistische Modellierung von neuen Merkmalen in Bezug zu Umweltdeskriptoren

Mittels gemischter linearer Modelle wurden relevante Effekte für Umweltdeskriptoren (Weideaufwuchs und botanische Zusammensetzung, Temperatur-Luftfeuchtigkeit-Index) auf Merkmale des Tierverhaltens geschätzt. Dieses Arbeitspaket mit starkem Fokus auf die Herdenumwelt inkludiert zwei deutsche Studien: Eine Analyse zum Weideverhalten der DSN-Kühe aus Frankenhausen und einem Vergleich physiologischer Parameter in Abhängigkeit des Temperatur-Luftfeuchtigkeit-Indexes (THI) zwischen DSN und Holstein Friesian (HF).

### *Weideverhalten*

In der Zeit vom 19.08.2015 bis zum 06.10. 2015 wurde das Weideverhalten von 26 DSN Kühen an acht Terminen im Rahmen der Masterarbeit von Max Wefers unter Anleitung von UNI-G und UNI-KS studiert. Die erfassten Merkmale waren Bissfrequenz (BF), Bissgröße (BG), Weidegeschwindigkeit (WG), Präferenz (P) und Effizienz (E) (Tabelle 3). Zur Beurteilung der BF wurde ein fressendes Tier zu drei verschiedenen Zeitpunkten für je eine Minute beobachtet. Währenddessen wurde die Anzahl Bissen pro Minute gezählt. Zusätzlich wurden die Verhaltensmerkmale (nicht aktiv= NA, Wiederkäuen= RUM) von den elektronischen SensOor®-Ohrmarken als fixe Effekte im Modell mitberücksichtigt. Die Bestimmung der Aufwuchshöhe der Grasnarbe erfolgte mittels Platometer der Firma Agriworks Ltd. Darüber hinaus dienten entnommene Aufwuchsproben zur Bestimmung des relativen Anteils vertrockneter Halme (AtrHA), des relativen Anteils von Leguminosen (ALegA) und der Netto-Energie-Laktation (NEL).

**Tabelle 3:** Übersicht über die erhobenen Merkmale zum Weideverhalten mit verschiedenen Ausprägungen.

Merkmal	Ausprägung 1	Ausprägung 2	Ausprägung 3
Präferenz	Gras	Kräuter	Leguminosen
Weidegeschwindigkeit während des Grasens	Verbleibt an einem Ort	Läuft wenig	Schreitet zügig
Effizienz	Gering	Mittel	Hoch
Bissgröße	Klein	Mittel	Groß

Mittels Spearman-Korrelationsberechnungen wurden die Zusammenhänge zwischen den Weideverhaltensmerkmalen und den Sensormerkmalen (relative Tageszeitanteile) betrachtet. Die Auswertung zum Weideverhalten erfolgte unter Verwendung von linearen gemischten Modellen (PROC MIXED) und generalisierten linearen gemischten Modellen (GLIMMIX) im Statistikprogramm SAS:

### Bissfrequenz:

$$y_{ijklmnop} = \mu + WG_i + P_k + Fütterung_k + Temperatur_l + Höhe_m + ALegA_n + TM_o + a_p + e_{ijklmnop}$$

### Bissgröße:

$$y_{ijk} = \mu + E_i + Höhe_j + a_k + e_{ijk}$$

Weidegeschwindigkeit:

$$y_{ijkl} = \mu + BG_i + E_k + BF_k + a_l + e_{ijkl}$$

Effizienz:

$$y_{ijklmn} = \mu + BF_i + WG_k + P_k + Weide_l + AtrHA_l + a_n + e_{ijklmn}$$

Präferenz von Gräsern:

$$PR (y_{ijkl} = 1) = \Theta (E_i + Höhe_j + NEL_k + a_l)$$

Präferenz von Kräutern und Leguminosen:

$$PR (y_{ijklmn} = 1) = \Theta (RUM_i + Weide_j + Höhe_k + NEL_l + BF_m + a_n)$$

Keine Präferenz:

$$PR (y_{ijkl} = 1) = \Theta (E_i + Weide_j + AtrHA_k + a_l)$$

Dabei gilt:

y	=	Vektor der Beobachtungen
$\mu$	=	Gesamtmittelwert
a	=	Zufälliger Tierereffekt
WG	=	Merkmal Weidegeschwindigkeit (0: bleibt stehen, 1: bewegt sich)
P	=	Merkmal Präferenz (0: keine, 1: Gräser, 2: Kräuter und Leguminosen)
Fütterung	=	Fütterung vor Weidegang (1: nein, 2: ja)
Temperatur	=	Außentemperatur (1: <16.5 °C, 2: ≥16.5 °C)
Höhe	=	Aufwuchshöhe der Weide (1: <5 cm, 2: ≥5 cm)
ALegA	=	Anteil Leguminosen in der Aufwuchsprobe (1: <1 g, 2: ≥1 g)
TM	=	Trockenmasse der Aufwuchsprobe (1: <180 g/kgTM, 2: ≥ 180 g/kgTM; <240 g/kgTM, 3: ≥ 240 g/kgTM)
e	=	Zufälliger Resteffekt
E	=	Effizienz (1: nur grüne Pflanzen werden gefressen, 2: abgestorbene Vegetation wird z.T. gefressen, 3: alles wird gefressen)
BG	=	Bissgröße (1: klein, 2: mittel, 3: groß)
BF	=	Bissfrequenz (1: <56 Bissen/min., 2: ≥ 56 < 76 Bissen/min., 3: ≥ 76 Bissen /min.)
Weide	=	Tag- oder Nachtweide (1: Tagweide, 2: Nachtweide)
AtrHA	=	Anteil trockener Halme in der Aufwuchsprobe (1: <8 g, 2: ≥ 8g)
NA	=	Relativer Tageszeitanteil der mit Inaktivität verbracht wird (1: <20%, 2: ≥ 20% <25%, 3: ≥25%)
Standort	=	Weidestandort (4 verschiedene Standweiden)
NEL	=	Netto-Energie-Laktation (1: <5,8 MJ NEL, 2: ≥ 5.8 MJ NEL)
PR	=	Eintrittswahrscheinlichkeit
y	=	Merkmal
$\Theta$	=	Logit Link Funktion
RUM	=	Relativer Tageszeitanteil der mit Wiederkäuen verbracht wird (1: <30%, 2: ≥30% <40%, 3: ≥40%)

*Einfluss von Temperatur-Luftfeuchtigkeit-Index auf physiologische Parameter in DSN und HF*

Um den THI-Einfluss auf physiologische Parameter von Zweinutzungs- und hochleistenden Milchviehrassen zu untersuchen, wurden die Rektaltemperatur (RT), die Oberflächentemperatur (ST), die Vaginaltemperatur (VT), die Respirationsrate (RR) und die Pulsrate (PR) von Kühen eines DSN- und eines HF-Betriebes in Hessen erfasst (Tabelle 4). Die Entfernung zwischen den beiden intensiven Weidebetrieben betrug 36 km, sodass nahezu identische klimatische Bedingungen gewährleistet waren.

**Tabelle 4:** Anzahl der Beobachtungen von DSN- und HF-Kühen für physiologische Parameter

Merkmale	DSN	HF
Rektaltemperatur (RT)	2884	550
Oberflächentemperatur (ST)	2747	465
Vaginaltemperatur (VT)	1013	-
Respirationsrate (RR)	2037	-
Pulsrate (PR)	2192	-

Alle Parameter wurden von der gleichen Person über einen Zeitraum von zwei Jahren zwischen 10.00 und 16.00 Uhr erfasst. Die Respirationsrate wurde durch die Atembewegungen an den Flanken pro Minute definiert, während für die Bestimmung der Pulsrate die Pulsschläge pro Minute in der Schwanzvene gezählt wurden. Mittels einer Infrarotkamera (Trotec IC120 LV) konnte die Oberflächentemperatur des Rückens gemessen werden. Für jedes Tier wurde ein individuelles Sensitivitätslevel (SENSI) auf Basis der tierindividuellen Merkmalsvariation berechnet, um Tiere in vier Gruppen einzuteilen. Die HF-Kühe unterschieden sich maßgeblich von den DSN in ihrer Leistung (HF= 31,95 kg; Fett= 4,24%; DSN= 17,14 kg, Fett= 4,15%)

Aufzeichnungen von im Stall installierten Daten-Loggern (Votcraft DL-120 TH) bildeten die Grundlage für die THI-Berechnungen. Der THI wurde nach den Bestimmungen des National Research Council (1971) berechnet:

$$THI = (1,8 * T \text{ } ^\circ\text{C} + 32) - [(0,55 - 0,0055 * RH \text{ } \%) * (1,8 * T \text{ } ^\circ\text{C} - 26)]$$

Die durchschnittlich höchsten THI-Werte (THI >65) konnten in den Sommermonaten Juni, Juli und August gemessen werden. Zur Berechnung der Auswirkungen wechselnder THI-Werte auf physiologische Kuhparameter wurde folgendes statisches Modell definiert:

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

mit  $y$  = Vektor der Beobachtungen der physiologischen Parameter,  $b$  = Vektor des fixen Laktationseffektes, der Tage in Milch (DIM), dem Jahr und der Saison der Datenaufnahme, der Kovariablen THI als Regression unter Verwendung von Legendre Polynome 3. Ordnung, und  $u$  = dem zufälligen Tiereffekt, wobei  $X$ ,  $Z$  und  $W$  die jeweiligen Inzidenzmatrizen darstellen. Zusätzliche fixe Effekte in den Modellen 1-8 waren:

- 1) Modell: Fixer Effekt der Testtagsleistung (TDM) des dichtesten Testtages zum Erfassungstermin der physiologischen Parameter der DSN (< 13 kg, 13-17 kg, 17-21 kg, > 21 kg) und HF (< 27 kg, 27-31 kg, 31-36 kg, > 36 kg).
- 2) Modell: Fixer Effekt der Sensibilitätsklassen bezüglich Hitzestress (niedrig, moderate, erhöht, hoch).
- 3) Modell: Fixer Effekt des prozentualen Fettgehaltes vom dichtesten Testtag zum Erfassungsdatum (< 3,5 %, 3,5% - 4,0 %, 4,0 % - 4,5 %, > 4,5 %).
- 4) Modell: Fixer Effekt des prozentualen Proteingehaltes vom dichtesten Testtag zum Erfassungsdatum (< 3,0 %, 3,0 % - 3,3 %, 3,3 % - 3,6 %, > 3,6 %).
- 5) Modell: Fixer Effekt des Fett-Eiweiß-Quotienten vom dichtesten Testtag zum Erfassungsdatum (< 1,1, 1,1 - 1,2, 1,2 - 1,3, > 1,3).
- 6) Modell: Fixer Effekt der somatischen Zellzahl (SCC) vom dichtesten Testtag zum Erfassungsdatum (< 30 x10<sup>3</sup>, 30 x10<sup>3</sup> - 80 x10<sup>3</sup>, 80 x10<sup>3</sup> - 200 x10<sup>3</sup>, > 200 x10<sup>3</sup> SCC/mL).
- 7) Modell: Fixer Effekt des Harnstofflevels in der Milch vom dichtesten Testtag zum Erfassungsdatum (< 160 mg/l, 160 - 220 mg/l, 220 - 270 mg/l, > 270 mg/l).
- 8) Modell: Fixer Effekt der Rektaltemperatur vom dichtesten Testtag zum Erfassungsdatum (< 38,1°C, 38,1 - 38,4°C, 38,4°C - 38,6°C, > 38,6°C),

#### **AP4: Schätzung genetischer Parameter und Zuchtwerte**

Aktuell besteht nur bedingt Kenntnis bezüglich des Einflusses von Herdendeskriptoren und Umwelteinflüssen in Weidesystemen auf die Ausprägung von Produktionsmerkmalen und funktionalen Merkmalen von DSN-Zweinutzungsrindern auf quantitativ-genetische (Ko)Varianzkomponenten und Zuchtwerte. Ziel der Untersuchung war daher, das Phänomen von Genotyp-Umwelt-Interaktionen (GUI) unter Berücksichtigung des ‚Multiple-Trait Herd Cluster Models‘ von Weigel und Rekaya (2000) aufzuklären. Hintergrund dieses „borderless clustering“ ist die Implementierung einer Zuchtwertschätzung über Ländergrenzen hinweg, die nach Charakteristika von Produktionssystemen (Umweltdeskriptoren) anstelle von Ländergrenzen ausgerichtet ist. Hierbei werden Herden u.a. auf Grund von Managementfaktoren, geografischer Lage, Herdenleistungsniveaus und Umwelteinflüssen in bestimmte Gruppen (Herdenparameter) eingeteilt. In der vorliegenden Studie wurden zur Schätzung von genetischen Parametern mittels eines Mehrmerkmalsmodells für Produktions- und funktionale Merkmale verschiedene Stratifizierungsansätze zur Parameterbildung von DSN-Herden verfolgt. Ein derartiges ‚borderless clustering‘ für DSN ist möglich, da genetische Verknüpfungen und Zuchtviehaustausch zwischen DSN-Populationen in Deutschland, Holland und Polen bestehen.

Zusätzlich wurden als Vorarbeit für die genomischen Studien in AP5 genetische Parameter und Zuchtwerte für Merkmale der Endoparasitenresistenz geschätzt sowie diese genetisch mit Produktions- und Fruchtbarkeitsmerkmalen korreliert. Hier ist insbesondere auf den Befall mit Magen-Darm-Strongylyden (MDS), dem großen Leberegel *Fasciola hepatica* (Fh), und dem

Lungenwurm *Dictyocaulus viviparus* (Dv) in ökologisch geführten Weidebetrieben hinzuweisen. Deshalb standen diese Endoparasitenmerkmale im Fokus der Analysen. Die Umsetzung angepasster Zuchtzieldefinitionen und Selektionsstrategien unter Berücksichtigung der Parasitenresistenz für Milchkühe in Weideproduktionssystemen bedarf somit einer näheren Betrachtung. Neuseeland (NZL) mit seinem traditionellen Weidesystem fokussierte in den letzten Jahrzehnten gezielt auf alternative Zuchtstrategien für alternative Zuchtzieldefinitionen (Miglior et al., 2005). Ziel der Endoparasitenstudie war somit, genetische (Ko)Varianzkomponenten für das Merkmal der Parasitenresistenz zu schätzen und genetische Assoziationen mit Produktions- und Fruchtbarkeitsmerkmalen zu überprüfen. Auf Basis dieser geschätzten genetischen (Ko)Varianzkomponenten können weiterführend ökologische Gesamtzuchtwerte definiert werden. Erblichkeiten, genetische Korrelationen und Varianzkomponenten wurden auch für Gesundheitsmerkmale der weiblichen Fruchtbarkeit (Endometritis, Zysten, persistierende Gelbkörper, Nachgeburtverhalten). Hierbei lag ein Fokus auf der Erklärung etwaiger genetischer Antagonismen zur Proteinmenge in der Früh lactation am ersten Testtag.

#### *Multiple-Trait Modell zum Nachweis von Genotyp-Umwelt-Interaktionen*

Für die genetisch-statistische Analyse wurden jeweils die offiziellen Testtagsdaten des ersten Testtages der monatlichen Milchkontrolle (Milch-kg, Fettprozent: Fett-%, Eiweißprozent: Eiweiß-%, Somatischer Zellgehalt (log-transformiert): SCS, Fett-Eiweiß-Quotient: FEQ) und die Fruchtbarkeitsdaten von Kühen der Kalbejahre 2014 bis 2015 verwendet. Die Einteilung der Herden in verschiedene Klassen basierte auf Beobachtungen von 3659 DSN- und 2324 HF-Tieren aus 46 Betrieben, welche jeweils über beide genetischen Gruppen verfügen. Die gemeinsame Abstammungsdatei beinhaltete Basistiere des Geburtsjahrgangs 1925. Der durchschnittliche Verwandtschaftskoeffizient zwischen den HF- und DSN-Kühen betrug 0,60%. Es wurden acht verschiedene Herdenparameter gebildet (Tabelle 5). Jeder Parameter beinhaltete zwei Herdengruppen, sodass dasselbe Merkmal nach dem Grundprinzip von Falconer und Mackay (1996) in Gruppe 1 und Gruppe 2 als zwei unterschiedliche Merkmale betrachtet wurde.

**Tabelle 5:** Verwendete Umwelt- bzw. Charakteristika zur Gruppierung von Herden

Herdenparameter	Gruppe 1	Gruppe 2
Ø Herdengröße (H-Größe)	<250 Tiere	>250 Tiere
Ø Kalbealter (H-KA)	<38 Monate	>38 Monate
Ø Milchleistung der Herde (H-Milch)	<30 kg	>30 kg
Ø Somatischer Zellgehalt (H-SCC)	<200 000 Zellen/ml	>200 000 Zellen/ml
Ø DSN-Anteil (H-DSN%)	<0,25%	>0,25%
Ø Deckbullenanteil (H-DBA%)	< 30%	> 30%
Höhenlage des Betriebes (BH)	<60 m über NN	>60 m über NN
Breitengrad des Betriebes (BB)	<52,5°	>52,5°

Final erfolgte eine Kombination der Herdenparameter mittels Clusteranalyse. Hierzu wurde die Prozedur `proc fastcluss` in SAS angewendet, die basierend auf Euklidischen Distanzen drei verschiedene Cluster identifizierte. Auch zwischen den Clustern wurden genetische Korrelationen

im gleichen Merkmal geschätzt. So wurden beispielsweise Milch-kg in Cluster 1 mit Milch-kg in Cluster 2 genetisch korreliert, usw.

Die Schätzung der Varianzkomponenten und Heritabilitäten erfolgte univariat innerhalb der gebildeten Gruppen. Zur Schätzung von Kovarianzkomponenten und genetischen Korrelationen im gleichen Merkmal zwischen Gruppe 1 und 2 kamen bivariate Rechenläufe zur Anwendung. Die Charakterisierung und Gruppeneinteilung der Herden erfolgte immer unter Berücksichtigung der genetischen Gruppen (DSN, HF, Mixed= DSN+HF). Dabei wurde für die Berechnungen mit dem Programmpaket VCE (Groeneveld et al., 2010) folgendes statistisches Modell definiert:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 b_1 + Z_1 u_1 + W_1 p_1 + e_1 \\ X_2 b_2 + Z_2 u_2 + W_2 p_2 + e_2 \end{bmatrix}$$

wobei  $y_1$  und  $y_2$  die Beobachtungsvektoren der Testtagsmerkmale für die Kühe in Gruppe 1 und 2 sind,  $b_1$  und  $b_2$  die Vektoren der fixen Effekte der Rasse, des Kalbejahres, des Betriebes und der Laktation sind;  $u_1$  und  $u_2$  die Vektoren der additiv-genetischen Tiereffekte sind;  $p_1$  und  $p_2$  die Vektoren des permanenten Umwelteffektes für wiederholte Beobachtungen innerhalb der Tiere sind und  $e_1$  und  $e_2$  Vektoren für den zufälligen Restfehler der beiden Merkmale entsprechen.  $X_1$ ,  $X_2$ ,  $Z_1$ ,  $Z_2$ ,  $W_1$  und  $W_2$  stellen die Inzidenzmatrizen für  $b_1$ ,  $b_2$ ,  $u_1$ ,  $u_2$ ,  $p_1$  und  $p_2$  dar. Die Varianz-Kovarianz-Struktur der zufälligen Effekte war:

$$\text{var} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \\ p_1 \\ p_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11}A & g_{12}A & 0 & 0 & 0 & 0 \\ g_{21}A & g_{22}A & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_{p1}^2 I_{p1} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sigma_{p2}^2 I_{p2} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & r_{11} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & r_{22} \end{bmatrix}$$

wobei  $g_{11}$  und  $g_{22}$  die additiv-genetischen Varianzen für die beiden Merkmale sind;  $g_{12}$  und  $g_{21}$  die additiv-genetischen Kovarianzen zwischen den beiden Merkmalen sind;  $A$  der additiv-genetischen Verwandtschaftsmatrix entspricht,  $\sigma_{p1}^2$  und  $\sigma_{p2}^2$  den Varianzen der permanenten Umwelteffekte für beide Merkmale entsprechen;  $I_{p1}$  und  $I_{p2}$  die Identitätsmatrizen für Kühe mit Beobachtungen in den beiden Merkmalen sind;  $r_{11}$  und  $r_{22}$  die Restvarianzen für beide Merkmale sind.

### *Genetische Parameter und Zuchtwertschätzung für Parasitenresistenz*

In einer Vorarbeit der Arbeitsgruppe von UNI-G (May et al., 2016, J. of Dairy Science) wurden 30 Weidebetriebe in Nordwestdeutschland ausgewählt und für ein spezielles Versuchs- und Anpaarungsdesign genutzt. Die folgenden drei schwarzbunten Selektionslinien, resultierend aus der Anpaarung verschiedener Väterlinien mit HF-Kühen, wurden verglichen: HF-Väter aus Deutschland mit hohen Zuchtwerten für Milchleistung (= HF\_DEU, 639 Kühe), auf Weidehaltung selektierte HF-Väter aus Deutschland (= HF\_DEU\_P, 70 Kühe) und HF-Väter aus Neuseeland (= HF\_NZL, 72 Kühe). Eine vierte schwarzbunte Selektionslinie beinhaltete 363 DSN Kühe als Gründerrasse der

heutigen HF-Population. 22 Kühe waren Kreuzungstiere (KT) aus der Anpaarung HF-Kuh x Bulle einer anderen Rasse (Fleckvieh, Braunvieh oder Rotvieh). Von den 1166 Kühen wurden auf 17 Betrieben insgesamt 2006 Kotproben entnommen. Die Eizahl pro Gamm Kot (EpG) wurde für MDS im McMaster-Verfahren unter Verwendung von 4 g Kot, für *Fh* unter Verwendung von 10 g Kot im Sedimentationsverfahren sowie die Anzahl an *Dv*-Larven in 40 g Kot mit Hilfe des Baermann-Wetzel-Verfahrens bestimmt. Für die Schätzung genetischer Korrelationen mit parasitären Infektionen wurden die Testtagsergebnisse der Merkmale Milch-kg, Eiweiß-%, Fett-%, Fett-Eiweiß-Quotient (FEQ) und transformierte Zellzahl ( $SCS = (\log_2 (SCC/100)) + 3$ ) verwendet.

Die extremen DSN-Tiere für die Endoparasitenmerkmale auf Basis der Linienvergleiche wurden für die Genotypisierungen (siehe AP5) in einem case-control Design ausgewählt. Weiter sind quantitativ-genetische Analysen notwendig, um auf Basis der geschätzten Zuchtwerte sogenannte de-regessed proofs zu generieren, als auch Varianzkomponente für die SNP-Schätzmodelle verfügbar zu haben. Dennoch werden die genetischen (Ko)Varianzkomponenten später eingehender diskutiert, da sich interessante Übereinstimmungen mit den genetischen Studien, z.B. bezgl. der Aufklärung etwaiger genetischer Antagonismen (zwischen Produktivität und Resistenz) ergaben.

#### **AP5: Identifikation genomischer Rassecharakteristika und genomweite Analysen**

Um mögliche Besonderheiten auf dem bovinen Genom zu identifizieren, die mit Robustheit oder Adaptionfähigkeit assoziiert werden könnten, wurden zwei verschiedene genomweite Assoziationsstudien (GWAS) durchgeführt. Die erste Studie umfasste eine sogenannte „multi-breed“ GWAS im Zusammenhang mit Verhaltensmerkmalen, wobei die andere Studie sich auf die deutschen DSN vor dem Hintergrund von Parasitenresistenzen konzentrierte. In den letzten Jahren wurden genomweite Assoziationsstudien (GWAS) basierend auf Einzelnukleotid-Polymorphismen (SNP) für die Parasitenresistenzmerkmale in Fleischrinderrassen durchgeführt, wobei eine Resistenz gegen GIN mit signifikant assoziierten SNP-Marker auf verschiedenen Chromosomen nachgewiesen wurde (Coppieters et al., 2009; Kim et al., 2015).

Ziel dieser DSN-Studie war es, im Rahmen einer GWAS zunächst SNP-Marker und darauf aufbauend potentielle Kandidatengene im Genom der DSN zu identifizieren, die mit einer Endoparasitenresistenz assoziiert sind. Zudem wurden Korrelationen von SNP-Effekten zwischen Endoparasiten- und Leistungsmerkmalen für spezifische Chromosomensegmente berechnet. Diese bedeutenden Chromosomensegmente waren auch Ausgangspunkt für biologische Pfadanalysen, um die Hintergründe und Wechselwirkungen der Parasitenresistenz näher zu ergründen.

#### *Multi-Breed GWAS*

Der Ansatz einer multi-breed GWAS ist in der Rinderzucht bisher ungewöhnlich und wurde nur in wenigen Studien (Van den Berg et al., 2016) beschrieben. Dennoch deuten Literaturergebnisse

darauf hin, dass sich dieses Verfahren besonders zum Aufspüren von älteren Mutationen eignet. Als phänotypische Merkmale für Adaptionfähigkeit bzw. Robustheit dienen die longitudinal elektronisch aufgezeichneten Sensordaten. Wie in AP1 erläutert, beschreiben diese Daten bestimmte Verhaltensprofile von Milchkühen, indem sie die Grundbedürfnisse und das tägliche Verhalten sehr gut reflektieren. Insgesamt wurden Genotyp- und Phänotypdaten aus vier Ländern (Deutschland, Polen, Schweiz, Slowenien) und fünf Rassen in dieser Studie berücksichtigt (siehe Tabelle 2). Zusätzlich wurden diese Herden mittels einer Hauptkomponentenanalyse auf Basis ihrer genomischen Daten stratifiziert und genetische Verwandtschaften zu anderen Rinderpopulationen auf Basis der Allel-Sharing-Distanzen berechnet. Zuletzt wurden genetische Parameter für die Verhaltensmerkmale auf Pedigreebasis und auf einer kombinierten Verwandtschaftsmatrix (Pedigree plus genomische Verwandtschaftsmatrix: PGMIX) geschätzt.

Bei den Phänotypdaten handelte es sich um die in AP1 beschriebenen Verhaltensmerkmale der täglichen Wiederkau- (RUM), Futteraufnahme- (FEED), Bewegungs- (ACT), Liege- (NA) und hochaktiven- (HA) Phasen, die in Prozentwerten pro Tag erfasst wurden, sowie der stündlich gemessenen Ohrtemperatur (Temp). Zusätzlich wurden die Verhaltensmerkmale in einem Index (I) und einer Indexklasse (IC) basierend auf dem „Animal Welfare Quality Assessment Protocol“ kombiniert. Da keine wiederholten Beobachtungen pro Tier in einer GWAS berücksichtigt werden können, wurden die Daten nach zwei unterschiedlichen Methoden auf eine Beobachtung pro Tier reduziert. Zum einen wurde der Zuchtwert (EBV) für die Sensormerkmale und die Ohrtemperatur eines jeden Tieres im Softwarepaket DMU (Madsen & Jensen, 2000) geschätzt, zum anderen wurde dieser Zuchtwert nach Garrick et al. (2009) de-regressiert (DP). Die Berechnung des „deregressed proof“ (DP) berücksichtigt die Genauigkeit des geschätzten Zuchtwerts:

$$DP = \frac{EBV \text{ (ohne Elterninformation)}}{r^2} .$$

Die Schätzung der genetischen Parameter und der Zuchtwerte erfolgte im Programmpaket DMU auf Basis der Pedigreeverwandtschaft (PED) und kombinierter Verwandtschaftsmatrix (PGMIX). Hierzu kamen univariate Tiermodelle im AIREML-Algorithmus zur Anwendung. Das Pedigree umfasste 8798 Tiere. Folgendes Modell wurde verwendet:

$$y_{ijklm} = BC_i + YScl_j + AgisD_k + PE_l + A_m + e_{ijklm}$$

Mit

$y_{ijklm}$	=	RUM, EAT, NA, ACT, HA, T, I, IC
$BC_i$	=	Fixer Effekt des Betriebes und der Rasse (DE_DSN, PL_BS, PL_HF, SI_Si1, SI_Si2, SI_Si3, CH_OBS, CH_Si)
$YScl_j$	=	Fixer Effekt des Jahres und der Saison der Messung (Sommer2016, Herbst2016, Winter2016, Winter2017, Frühling2017, Sommer2017, Herbst2017, Winter2018, Frühling2018)
$AgisD_k$	=	Tag der Messung als Regression
$PE_l$	=	Permanenter Umwelteffekt wiederholter Beobachtungen
$A_m$	=	Zufällig genetischer Tiereffekt
$e_{ijkl}$	=	Zufälliger Resteffekt

Alle Kühe wurden mit dem *Illumina BovineSNP 50 k Bead chip (v2 and v3)* gemäß dem „Illumina Infinium assay“ Protokoll (Illumina Inc., San Diego, CA, USA) genotypisiert. Aufgrund mancher fehlender Genotypen wurde der Datensatz unter Verwendung des Softwarepaketes BEAGLE 4.1 (Browning und Browning, 2016) vervollständigt. Die Qualitätskontrolle erfolgte in PLINK (Purcell et al., 2007). Kriterien waren eine definierte Häufigkeit des seltenen Allels (MAF) von  $<0,01$ , eine Abweichung vom Hardy-Weinberg Gleichgewicht von  $P < 0,0001$  und ein Anteil sicher detektierter SNPs von 0,90. SNPs auf den Geschlechtschromosomen wurden exkludiert. Insgesamt verblieben 35826 SNPs von 615 Kühe zur weiteren Datenanalyse.

Zur Populationsstratifizierung wurde eine Hauptkomponentenanalyse (PCA) in R V3.3.4 (Bunn und Korpela, 2018) durchgeführt. Die Berechnung der genetischen Verwandtschaften, basierend auf gemeinsamen Allelen (ASD), erfolgte im Programmpaket WIDDE (Web-Interfaced Next Generation Database) (Sempéré et al., 2015). Hierzu wurde für jedes genotypisierte Tier die durchschnittliche ASD zu der Referenzpopulation, bestehend aus 45 Rinderrassen weltweit, berechnet.

Die multi-breed GWAS wurde unter Verwendung des Softwarepaketes GCTA (Yang et al., 2011) mit der „loco“ Option für die EBV und DP der Merkmale RUM, FEED, ACT, NA, HA, Temp, I und IC mit folgendem Modell durchgeführt:

$$y = 1\mu + xb + u + e$$

Mit  $y$  = Vektor der EBV und DP;  $\mu$  = dem Populationsmittel,  $b$  = dem fixen additiven Effekt des Kandidaten-SNP, dem Rasse-Betriebs-Effekt, dem Jahr-Saison-Effekt;  $x$  = dem Vektor imputierter Genotypen;  $u$  = dem zufälligen polygenen Effekt, und  $e$  = dem zufälligen Resteffekt. Als Signifikanzschwelle identifizierter SNPs wurde eine „false discovery rate“ (FDR) von 20% gewählt. Informationen zu potenziellen Genen, die mit signifikanten SNPs assoziiert waren, wurden den Gendatenbanken ENSEMBL und NCBI entnommen.

#### *GWAS der Parasitenresistenzmerkmale innerhalb der DSN-Population*

Die Basis für diese Studie sind die DSN-Tiere aus AP4. Blut- und Haarproben für die DNA-Extraktion wurden im Frühjahr 2016 einmalig von 148 DSN-Kühen entnommen und im Anschluss daran mittels *Illumina BovineSNP50 Bead Chip (50k SNP chip)* (Illumina Inc., San Diego, CA, USA) genotypisiert. Die Qualitätskontrolle und Filterung der Genotypdaten erfolgte mit Hilfe der Software PLINK (Purcell et al., 2007). Der Rohdatensatz beinhaltete 54609 SNP von 148 genotypisierten Tieren. SNP-Marker mit einer Minor Allelfrequenz (MAF)  $< 0,05$ , einer Call rate pro Individuum  $< 95\%$  sowie einer Call rate pro SNP  $< 95\%$  wurden nicht berücksichtigt. Signifikant vom Hardy-Weinberg Gleichgewicht (HWE) abweichende SNP-Marker ( $p < 10^{-6}$ ) sowie auf dem X-Chromosom liegende SNP-Marker wurden ebenfalls nicht in die Analysen einbezogen.

Die Vorbereitung der Daten für die GWAS erfolgte mittels der Programmpakete SAS (Version 9.4, SAS Institute; Cary, NC, USA) und R (Version 3.3.4, R Core Team, 2013). Zur Ermittlung genomweiter Assoziationen wurde eine Analyse in zwei Schritten durchgeführt. In einem ersten

Schritt wurden lineare gemischte Modelle in SAS unter Verwendung des vollen Datensatzes (1166 Kühe mit 2006 Beobachtungen) geschätzt, um die endoparasitären Phänotypwerte sowie die Testtagsdaten auf fixe Effekte zu korrigieren. Das linear gemischte Modell für die Endoparasitenmerkmale wurde wie folgt definiert:

$$y_{ijklmn} = \mu + BT_i + LN_k + LS_j + SL_l + KP_m + k_n + e_{ijklmn}$$

mit  $y_{ijklmn}$  = Beobachtungen für Endoparasitenmerkmale FEC-GIN, FEC-FH und FLC-DV,  $BT_i$  = fixer Effekt für Betrieb (1-17),  $LN_k$  = fixer Effekt der Laktationsnummer (1, 2, 3, 4,  $\geq 5$ ),  $LS_j$  = fixer Effekt für das Laktationsstadium (nach Huth, 1995),  $SL_l$  = fixer Effekt der Selektionslinie (DSN, HFm, HFp, NZL, Mix),  $KP_m$  = Kotentnahmeperiode ( $l = 1, 2$ ),  $k_n$  = zufälliger Tierereffekt mit bis zu zwei Messungen pro Kuh,  $e_{ijklmn}$  = zufälliger Restfehler.

Für Milch-kg und SCS wurde folgendes linear gemischte Modell geschätzt:

$$y_{ijklmnop} = \mu + HTD_i + LN_j + TS_k + KS_l + lg1_m + lg2_n + lg3_o + k_p + e_{ijklmnop}$$

mit  $y_{ijklmnop}$  = Beobachtungen für Leistungsmerkmale Milch-kg und SCS,  $HTD_i$  = fixer Effekt für den Herdentesttag,  $LN_j$  analog zu  $LN_k$  in Model (1),  $TS_k$  = fixer Effekt für den zeitlichen Abstand zwischen jedem Testtags- und Beprobungsdatum (eingeteilt in 100-Tage-Intervalle),  $KS_l$  = fixer Effekt für die Kalbesaison (vier Quartale/2013-15);  $lg1_m$ - $lg3_o$  = Legendre Polynome 3. Ordnung,  $k_p$  analog zu  $k_n$  in Model (1),  $e_{ijklmnop}$  = zufälliger Restfehler.

In einem zweiten Schritt erfolgte eine genomweite Assoziationsanalyse auf Basis der SNP-Marker für Endoparasiten- und Leistungsmerkmale im Programmpaket GCTA (Yang et al., 2011). Die korrigierten Phänotypwerte (Residuen) wurden hierfür auf den Datensatz genotypisierter Kühe (148 Kühe) reduziert und folgendes Modell in GCTA unter Verwendung der Option --mlma-loco für FEC-GIN und FEC-FH sowie --mlma für FLC-DV berechnet:

$$y_i = a_i + SNP_i + e_i$$

mit  $y_i = e(1)$  oder  $e(2)$ , korrigierte Phänotypwerte (Residuen der Endoparasiten- und Leistungsmerkmale) aus Modell (1) oder (2),  $a_i$  = zufälliger polygener additiv-genetischer Effekt auf Basis der genomischen Verwandtschaftsmatrix,  $SNP_i$  = zufälliger Effekt des jeweiligen SNP-Markers,  $e_i$  = zufälliger Restfehler. Die effektive Zahl an unabhängigen Markern in der Analyse ( $N = 31.397$ ) wurde mit der Software GEC (Li et al., 2012) berechnet, um das Bonferroni-korrigierte genomweite Signifikanzniveau ( $p = 0,05 / N$ ) bei  $pBF = 1.59 \times 10^{-6}$  zu ermitteln. Zusätzlich wurde eine weniger konservative normative Signifikanzschwelle zur Identifizierung weiterer potentieller Assoziationen bei  $pKD = 1 \times 10^{-4}$  verwendet. Korrelationen für die SNP-Effekte zwischen den einzelnen Endoparasitenmerkmalen sowie zwischen Endoparasiten- und Leistungsmerkmalen wurden über das gesamte Genom sowie auf Chromosomenebene mittels der Prozedur PROC CORR in SAS berechnet.

### AP8: Evaluierung ökologischer Zuchtschemata

Das Softwarepaket ZPLAN+ wurde verwendet, um verschiedene Zucht- und Selektionsstrategien mittels ökonomischer Evaluierungskriterien (diskontierter Gewinn, diskontierte Kosten, diskontierte Erlöse) zu vergleichen. Den methodischen Hintergrund von ZPLAN+ bildet der Selektionsindex und die Genflussmethode, die für die Strukturen von Zweinutzungsrunderpopulationen angepasst wurden. Relevante Kostenfaktoren und biologisch-technische Koeffizienten sind in Tabelle 6, Tabelle 7 und Tabelle 8 zusammengefasst. Vier verschiedene Zuchtszenarien wurden über eine Investitionsdauer von 20 Jahren mit einem Sollzinssatz von 6% und einem Habenzinssatz von 4% evaluiert.

Das erste Szenario beschreibt ein konventionelles Zuchtprogramm (C\_BP) mit Test- und Wartebulleneinsatz bei 100% künstlicher Besamung (KB) und Drei-Stufen-Selektion der männlichen Nachzucht. Im zweiten Szenario wurden Genotyp-Umwelt-Interaktionen (GxE\_BP) basierend auf dem konventionellen Zuchtprogramm modelliert, indem die genetischen und phänotypischen Korrelationen im selben Merkmal von 0.1 bis 0.9 variierten und so Leistungen von Töchtern in unterschiedlichen Produktionssystemen reflektierten. Das dritte Szenario simuliert ein ökologisches Zuchtprogramm, welches ausschließlich den Einsatz von Natursprungbullen (NS) und eine Zwei-Stufen-Selektion der männlichen Nachzucht vorsieht. Das letzte Zuchtprogramm stellte eine Kombination aus dem konventionellen und dem ökologischen Szenario dar, wobei sich der Anteil der männlichen und weiblichen Selektionsgruppen im Bullenpfad änderte. Hier variierte der Anteil der KB und der NS stetig um 10% von 90% bis 10% innerhalb des männlichen (MSG\_BP), des weiblichen (FSG\_BP) oder in beiden (MFSG\_BP) Selektionspfaden, wobei alle anderen Parameter konstant blieben.

**Tabelle 6:** Phänotypische Standardabweichung (SD), Heritabilitäten (Diagonale), genetische (obere Diagonale) und phänotypische (untere Diagonale) Korrelationen zwischen Merkmalen

Trait	MY	DO	CM	AvgBW	L	Ökon. Wert
Milchleistung (MY)	<b>0,34</b>	0,93	0,04	-0,01 <sup>1</sup>	0,23 <sup>7</sup>	0,60
Güstzeit (DO)	0,12	<b>0,03</b>	-0,18	-	-0,44 <sup>6</sup>	-0,10
Klinische Mastitis (CM)	0,01	0,02	<b>0,10</b>	-	-0,53 <sup>5</sup>	-1,66
Ø Körpergewicht (AvgBW)	0,14 <sup>1</sup>	-	-	<b>0,60<sup>1</sup></b>	-0,31 <sup>2</sup>	0,02 <sup>1</sup>
langlebigkeit (L)	0,05 <sup>7</sup>	-	0,08 <sup>4</sup>	-0,04 <sup>2</sup>	<b>0,09<sup>7</sup></b>	0,01
Phänotypische SD	2,88	60,57	1,91	47 <sup>3</sup>	487,49 <sup>4</sup>	

Frevert et al., 2014; <sup>1</sup>= Berry et al., 2003; <sup>2</sup>= Kern et al., 2015; <sup>3</sup>= Søndergaard et al., 2002; <sup>4</sup>= Shablina et al., unpublished; <sup>5</sup>= Roxström & Strandberg, 2002; <sup>6</sup>= Zavadilová & Zink, 2013; <sup>7</sup>= Jenko et al., 2015; - = not available from literature

**Tabelle 7:** DSN Populationsparameter eines konventionellen und eines ökologischen Zuchtprogramms zur Simulation in ZPLAN+.

Input Parameter	Konventionell	Ökologisch
Populationsgröße (Nr.)	3060	3200
Herdbuchkühe (Nr.)	3000	3000
Anteil künstlicher Besamung (%)	100	0
Anteil Deckbullen (%)	38	33
Testbullen/Jahr (Nr.)	15	50
Bullenmütter/Jahr (Nr.)	80	300
Altbullen/Jahr (Nr.)	2	10
Bullenväter/Jahr (Nr.)	15	50
Kalbeintervall (Jahr)	1	1
Einsatz von Jungbullen (Jahr)	1	1
Einsatz von Testbullen (Jahr)	3	3
Einsatz von getesteten/ Elite Bullen (Jahr)	3	3
Einsatz von Bullenmüttern (Jahr)	4	4
Einsatz von Müttern (Jahr)	4	4

**Tabelle 8:** Durchschnittliche Kosten eines konventionellen (C\_BP) (nach Lind, 2007) und eines ökologischen (O\_BP) Zuchtprogramms.

Variable Kosten	C_BP (Euro)	O_BP (Euro)
Leistungsprüfung pro Kuh	32	32
Gewichtserfassung pro Kuh	18	18
Selektion der Bullenkälber	15	-
Testbullen / Deckbullen (pro Tier)		
- Kaufpreis	2 000	2 000
- Aufzucht, Nachkommenprüfung	13 000	-
Nachkommen gepr. Bullen / Nachkommen gepr. Deckbulle (3. Selektionsstufe)	1 500	1 500

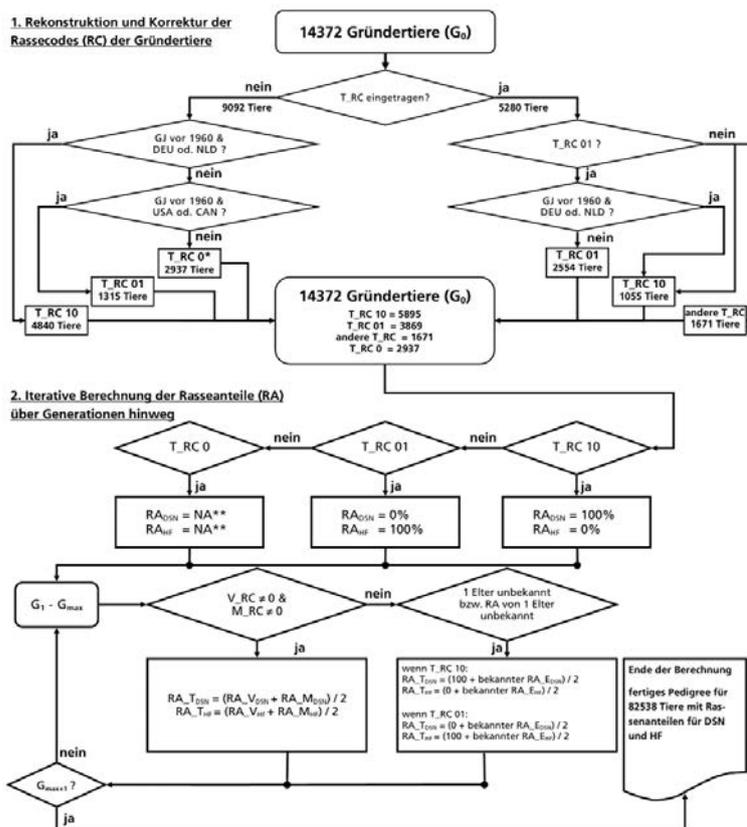
### AP10: Ergebnisverwertung

Der Nutzen der Ergebnisse liegt insbesondere in der Verwendung der geschätzten Zuchtwerte und der evaluierten Zuchtplanungsschemata für die DSN-Rasse. Partner UNI-G hat durch seine Studien deutlich gemacht, wie sich Umweltdeskriptoren auf genetische Parameter und Zuchtwerte funktionaler Merkmale in der DSN-Population auswirken. DSN-Betriebe haben nun die Möglichkeit, gezielt Bullen für ihr jeweiliges Produktionssystem auszuwählen. Da GUI nachgewiesen wurden variierten auch in finaler Konsequenz die Bullenzuchtwerte mit Änderungen der Herden- bzw. Umweltdeskriptoren. Weiterführend konnten wir nachweisen, dass genetische Verwandtschaften auf GUI einwirken. Unsere Modellierung mit Herdendeskriptoren erlaubt eine optimierte Bullenauswahl unter Berücksichtigung von Inzucht und Verwandtschaft in den DSN-Herden. Somit wird auch ein langfristiger Beitrag zum Inzuchtmanagement in der kleinen DSN-Population geleistet. Weiter sollten aufgrund der gefunden Chromosomensegmente für Parasitenresistenz DSN-Tiere genotypisiert werden. Es sollten dann weiterführend die weiblichen Tiere mit der günstigen Allelkonstellation remontiert werden, wenn es darum geht, in ökologischen Produktionssystemen ohne Einsatz von Anthelminthika gesunde Weidetiere zu halten.

Das entwickelte bzw. evaluierte breite Methodenspektrum wie „Multiple-Trait Animal“ und Random Regression Modelle für DSN, sowie multi-breed GWAS Ansätze inklusive der Programme zur Datenaufbereitung, können für zukünftige Routineanwendungen genutzt werden.

Die beschriebenen Ergebnisse zu den Sensordaten können nur bedingt auf andere Betriebe transferiert werden, da in der vorliegenden Studie intensive Weidesysteme und Zweinutzungsrinderrassen betrachtet wurden. Konventionelle Haltungssysteme mit hochleistenden Milchviehrrassen könnten durchaus andere Erkenntnisse in Bezug zur Sensortechnologie liefern.

Als Basis für alle bereits beschriebenen Untersuchungen (der AP 1, 2, 4, 5 und 8) und als praktische Informationsquelle für DSN-Züchter und Zuchtverbände diene eine umfangreiche Analyse der DSN-Pedigreestruktur. Hierzu wurde die Rassezuordnung der schwarzbunten Kühe nach HF und DSN, basierend auf einem eigens entwickelten Algorithmus, durchgeführt, um einen genetischen DSN-Anteil von 90% zu gewährleisten. Anschließend wurden durchschnittliche Verwandtschaften zwischen einflussreichen DSN-Bullen und DSN-Kühen sowie innerhalb DSN-Milchleistungsgruppen, Inzuchtkoeffizienten, effektive Populationsgröße, Generationsintervalle und Inzuchtdepressionen für Testtagsmerkmale berechnet. Der folgende Flowchart beschreibt den Algorithmus zur Berechnung des genetischen DSN- bzw. HF-Anteils.



Flowchartdiagramm des Algorithmus zur Berechnung der Rasseanteile für DSN und HF im Pedigree. \*RC 0= entspricht einem unbekanntem Rassecode (RC), \*\* NA = fehlende Werte, T = Einzeltier, V = Vater, M = Mutter, E = Eltern, G= Generation, GJ= Geburtsjahr, RA= Rasseanteil.

Für die Zuordnung eines Tieres der Rasse DSN wurden mindestens 90% DSN-Genanteile verlangt (DSN\_90%) und dementsprechend für die Zuordnung eines Tieres zu HF 90% HF-Genanteile vorgegeben (HF\_90%). Die Verwandtschaftsberechnungen zwischen aktiven DSN\_90%-Kühen mit

definierten Subgruppen nach Leistungsniveaus oder geographischer Zuordnung sowie zu einflussreichen Vätern basierten auf der Datengrundlage von 46 Betrieben und des Kalbejahres 2015. Davon lagen 44 Betriebe in den alten Bundesländern mit mindestens fünf aktiven DSN-Kühen. Die Berechnung der tierindividuellen Rasseanteile (RA) erfolgte iterativ ausgehend von den Gründertieren (Generation 0 ohne bekannte Vorfahren) über alle Generationen hinweg im gesamten Pedigree. Bei Gründertieren liegen nur dann Informationen zum Rassecode vor, wenn dieser auch eingetragen ist. Dieser Programmcode ist wesentlich für die Ergebnisverwertung und wurde schon von der Rinderzuchtorganisation RBB nachgefragt, um für spezielle Zuchttiere Genanteile zu berechnen.

#### 4. Ausführliche Darstellung der wichtigsten Ergebnisse

##### Ergebnisse von AP1 (Eigens erfasste funktionale Merkmale)

###### Korrelationsberechnungen

Es konnten signifikante negative Korrelationen zwischen Temp und FEED (-0,17;  $p < 0,01$ ) und Temp und NA (-0,21;  $p < 0,001$ ) im Vergleich zu Temp und RUM (0,10; ns), T und HA (0,31;  $p < 0,001$ ) und Temp und ACT (0,20;  $p < 0,001$ ) nachgewiesen werden. Die Korrelationen waren moderat bis hoch zwischen den Temperamentsmerkmalen AGG und IHRO (0,36;  $p < 0,001$ ) und UHS und LHS (0,65;  $p < 0,001$ ) (Tabelle 9).

**Tabelle 9:** Pearson Korrelationen für funktionale und Temperamentsmerkmale.

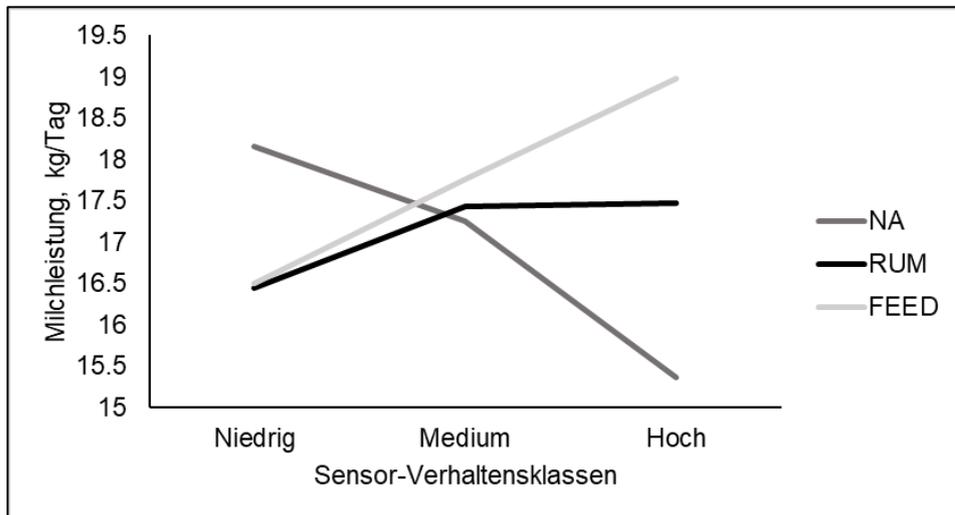
	BCS	LS	UHS	LHS	IHRO	AGG	GT
BCS	1	0,08 ns	-0,11 *	-0,1 ns	-0,19 *	-0,08 ns	0,15 ns
LS		1	0,02 ns	0,07 ns	0,03 ns	-0,02 ns	-0,1 ns
UHS			1	0,65 ***	-0,20 *	0,12 ns	-0,19 *
LHS				1	-0,25 *	0,09 ns	-0,36 ***
IHRO					1	0,36 ***	-0,04 ns
AGG						1	-0,13 ns

\*=  $p < 0,05$ , \*\*=  $p < 0,01$ , \*\*\*=  $p < 0,001$ , ns= nicht signifikant

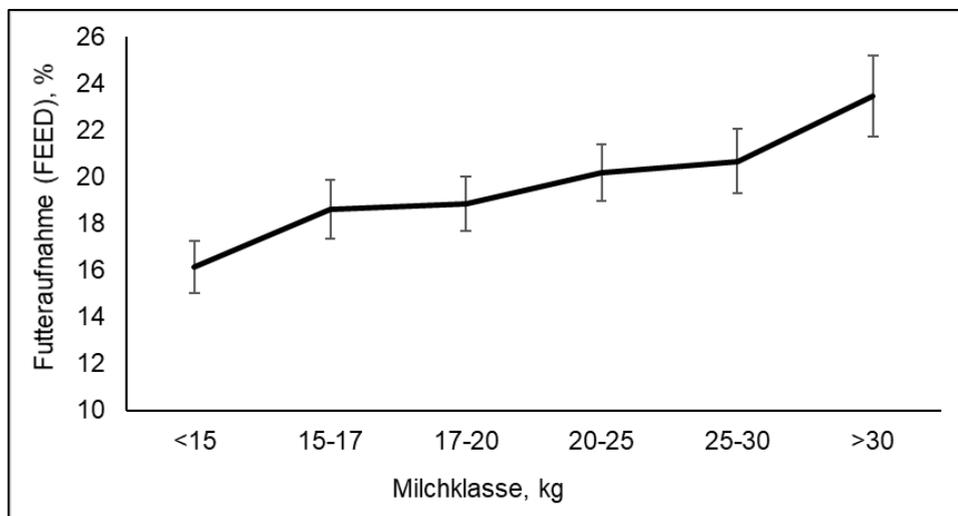
AGG= Aggressiveness; GT= General Temperament; BCS= Body Condition Score; LS= Locomotion Score; IHRO= Intra Herd Rank Order; UHS= Udder Hygiene Score; LHS= Leg Hygiene Score

Insgesamt wurden niedrigere Milchleistungen (15,36 kg/Tag) für DSN-Kühe mit längeren Liegezeiten (Schlafperioden) beobachtet. Umgekehrt verfügten Tiere mit täglich kürzeren Schlafperioden (<22%/Tag) und längeren Futteraufnahmezeiten über eine höhere Milchleistung (18,15 kg/Tag) (Abbildung 2 und 3). Ähnliche Tendenzen ergaben sich auf Grund der engen Korrelation zwischen Mkg und F auch für das Merkmal F. Bezüglich des Eutergesundheitsindikators SCC konnten signifikante FEED und RUM-Unterschiede zwischen Tieren mit 200.000-250.000

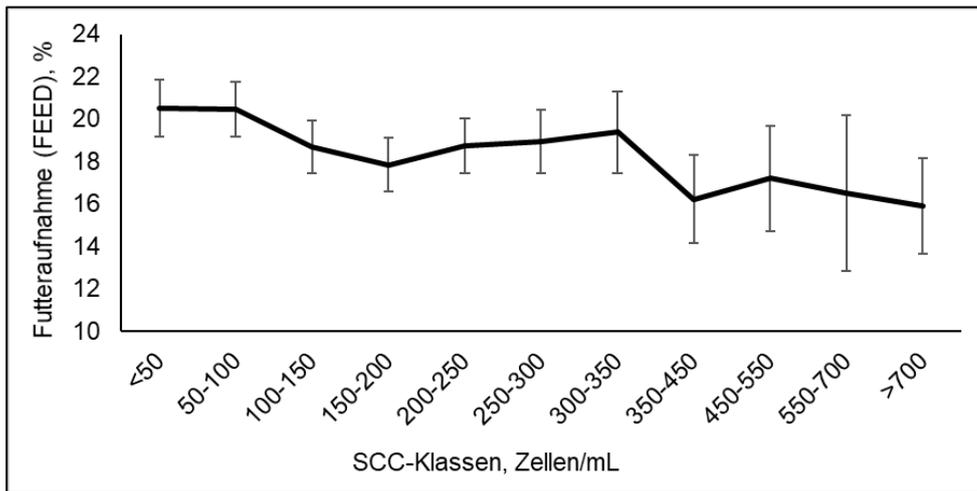
Zellen /mL und Tieren mit >700.000 Zellen/mL verzeichnet werden (Abbildung 4). Bis zu einem SCC-Level zwischen 350.000-450.000 Zellen/mL variierte die tägliche Futtermittelaufnahme zwischen 17,9% und 20,51%. Ab 350.000 Zellen/mL verringerte sich der tägliche FEED-Anteil auf 16,24%. Untersuchungen zwischen den Sensorverhaltensmerkmalen und dem BCS ergaben höhere BCS-Werte für Kühe mit geringem täglichem Aktivitätsprofil (ACT) und gesteigerten Ruhephasen (NA) (Abbildung 5).



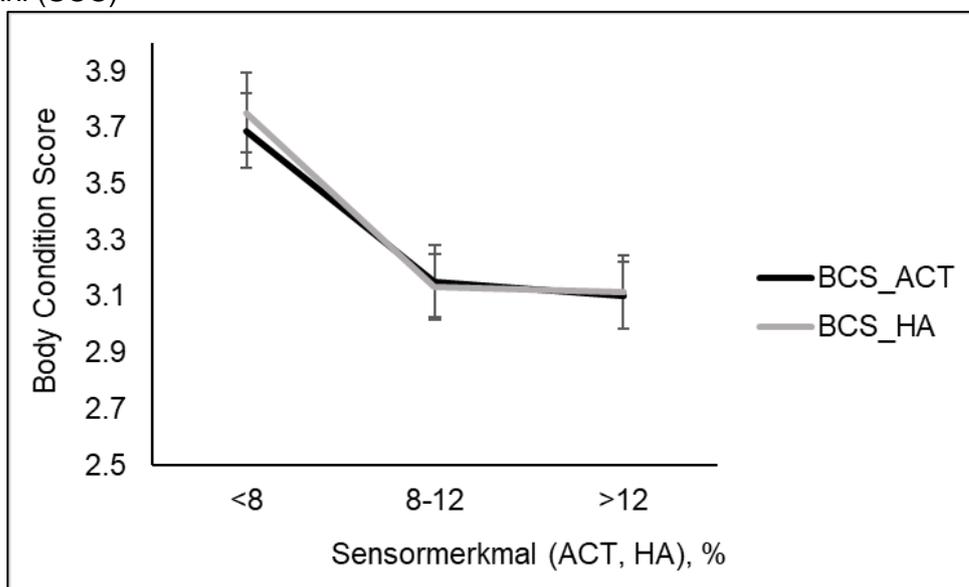
**Abbildung 2:** Milchleistung (kg) am Testtag in Abhängigkeit von Sensormerkmalen (nicht aktiv= NA, wiederkäuen= RUM, fressen= FEED)



**Abbildung 3:** Futteraufnahme (FEED in %/Tag) am Testtag in Abhängigkeit von der Milchleistung (kg/Tag)



**Abbildung 4:** Futteraufnahme (FEED in %/Tag) am Testtag in Abhängigkeit der somatischen Zellzahl (SCC)



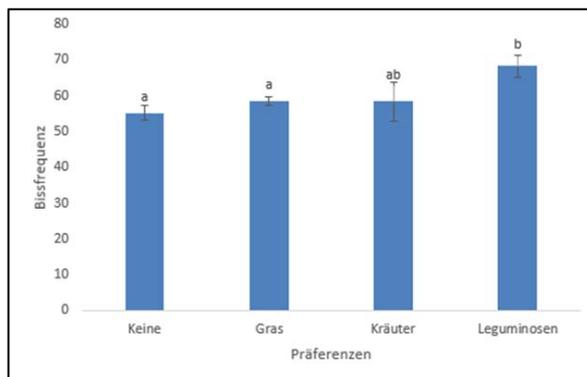
**Abbildung 5:** Body Condition Score in Abhängigkeit von Sensormerkmalen (aktiv= ACT, hochaktiv= HA)

## Ergebnisse von AP2 (Statistische Modellierung)

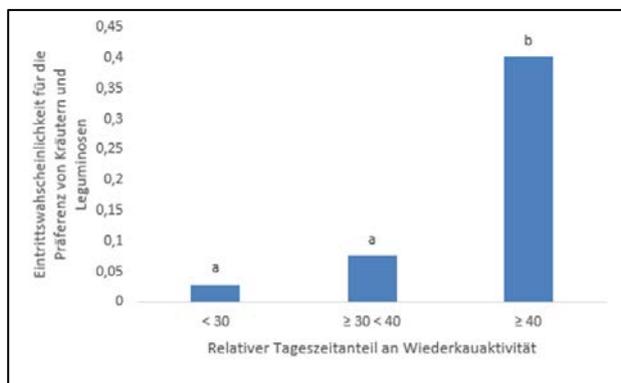
### Weideverhalten

Das Merkmal WG zeigte signifikante Korrelationen mit NA (0,15) und RUM (0,15), wohingegen die Präferenzmerkmale keine signifikanten Korrelationen zu den relativen Tageszeitanteilen zeigten. Signifikante Effekte im Modell zeigten, dass die BF maßgeblich von der WG, der P (Abbildung 6), der Fütterung vor dem Weidegang, der Außentemperatur, der Aufwuchshöhe, dem ALegA und der Trockenmasse abhing. Die BG der Tiere wurde durch die Aufwuchshöhe der Grasnarbe und die Effizienz des Fressens beeinflusst. So konnten kleinere Bissgrößen bei einer Aufwuchshöhe von unter 5 cm beobachtet werden. Bezüglich der Präferenz von Gräsern, Kräutern und Leguminosen konnte gezeigt werden, dass diese signifikant durch die Weideeffizienz, die Aufwuchshöhe und die

NEL abhängig war. Eine Bevorzugung der Tiere von Leguminosen und Kräutern bedingte eine höhere tägliche Wiederkäudauer (Abbildung 7). Einflussreiche signifikante Effekte auf die Weideeffizienz E waren BG, WG, P, Tag- oder Nachtweide und AtrHA. Ein optimaler Trockenmassegehalt bezüglich der BF wurde im Bereich  $\geq 180 < 240$  g/kgTM beobachtet. Bezüglich des Einflusses verschiedener Umweldesktoren (Außentemperatur, Aufwuchshöhe) auf die Sensormerkmale konnte ein positiver Effekt einer kühleren Außentemperatur auf die Futteraufnahmezeit beobachtet werden. Bei niedriger Aufwuchshöhe und hohem Anteil vertrockneten Materials wurden längere Futteraufnahmezeiten verzeichnet, die sich in einer intensiveren Futterselektion der Tiere begründeten.



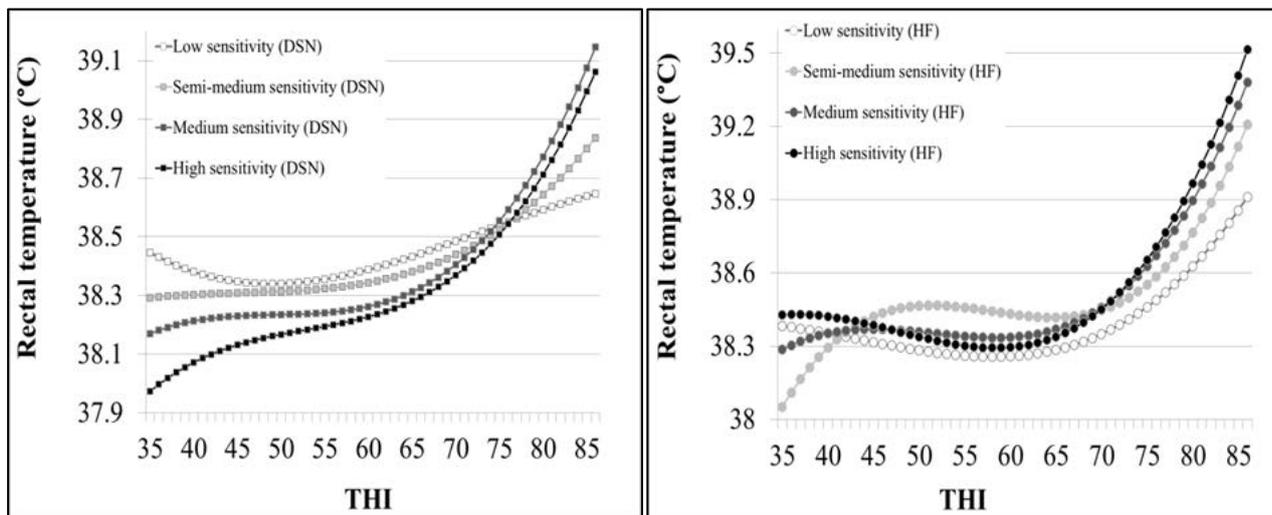
**Abbildung 6:** Einfluss der Präferenz auf die Bissfrequenz mit Standardfehlern und Signifikanzschwellen.



**Abbildung 7:** Einfluss des relativen täglichen Wiederkäuanteils auf die Präferenz von Kräutern und Leguminosen mit Signifikanzangaben.

#### *Einfluss des Temperatur-Luftfeuchtigkeit-Indexes auf physiologische Parameter in DSN und HF*

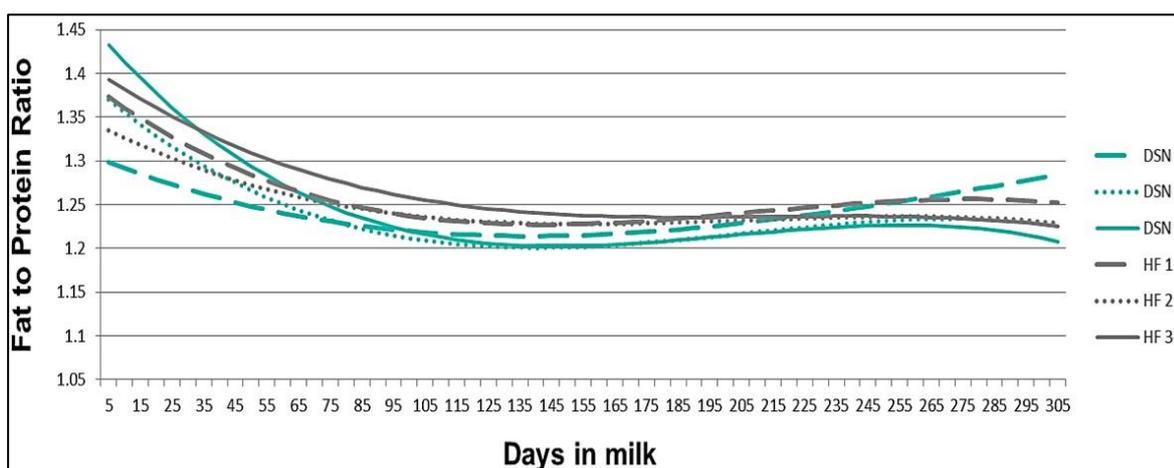
Die Varianzkomponentenschätzungen zeigten einen hoch signifikanten Effekt des THI auf physiologische Merkmale in allen Modellen. Die gebildeten Sensibilitätsklassen erklärten einen Großteil der phänotypischen Variabilität der physiologischen Parameter für RT, RR und PR bei DSN und der ST bei DSN und HF (Abbildung 8). Fixe Effekte der Testtagsdaten erklärten die Varianz der physiologischen Merkmale nur bedingt.



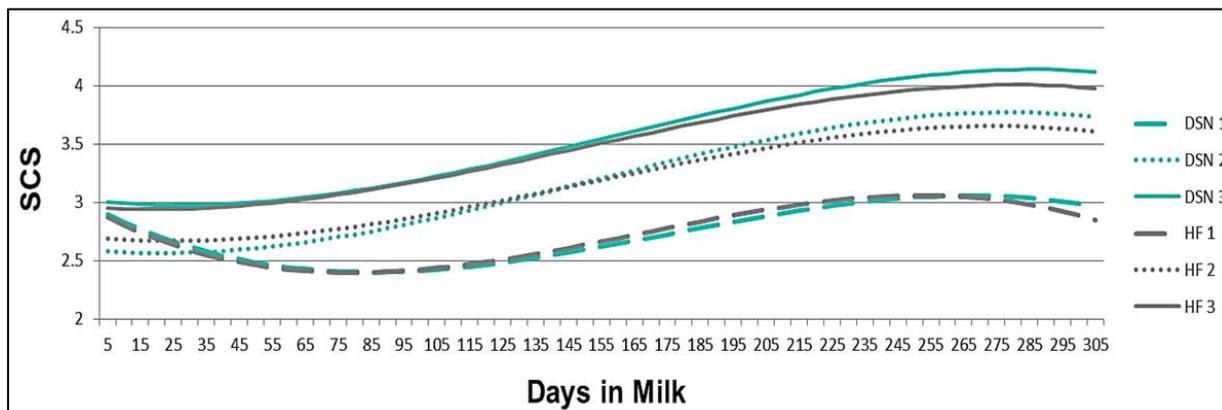
**Abbildung 8:** LSMeans für Rektaltemperatur von DSN und HF-Kühen in Abhängigkeit des THI, eingeteilt in verschiedene Sensitivitätsklassen.

Beide Rassen reagierten mit einer deutlichen Stressreaktion auf THI-Werte (>65) oberhalb der thermoneutralen Zone in Form von erhöhter RT. Während die RT der HF stärker anstieg und eine höhere Maximaltemperatur erreichte, setzte die Stressreaktion bei DSN früher ein. Mit steigendem THI nahm auch die RR zu. Besonders ausgeprägt trat vermehrtes Hecheln ab einem THI von >65 auf. Für einen THI von 65 wurden 34 Atemzüge/ Minute und für einen THI von 86 Maximalwerte von 82 Atemzügen/ Minute gemessen.

Interessant ist, dass die Rasseunterschiede DSN versus HF insbesondere für innovative physiologische Merkmale deutlich wurden. Für Indikatoren der Stoffwechselstabilität, wie des Fett-Eiweiß-Quotienten, ergaben sich im kreuzklassifizierten Versuchsdesign (sowohl HF- als auch DSN-Kühe auf dem gleichen Betrieb) nur marginale Unterschiede (siehe Abbildung 9). Ähnliches gilt für die somatische Zellzahl (SCS; Abbildung 10). Weiter muss ein Umweltdeskriptor vorliegen wie der THI, der wirklich Robustheit und Anpassungsfähigkeit der Kühe abverlangt.



**Abbildung 9:** LSMeans für den Fett-Eiweiß-Quotienten von DSN und HF-Kühen in Abhängigkeit der Tage in Milch, für verschiedene Laktationsnummern (Laktationen 1 bis 3).



**Abbildung 10:** LSMeans für die transformierte somatische Zellzahl (SCS) von DSN und HF-Kühen in Abhängigkeit der Tage in Milch, für verschiedene Laktationsnummern (Laktationen 1 bis 3).

### Ergebnisse von AP4 (genetische Parameter und Zuchtwerte)

#### *Multiple-Trait Modell*

Generell liegen die additiv-genetischen Varianzen, Restvarianzen und Heritabilitäten für Milch-kg (Tabelle 10), SCS (Tabelle 11) und FEQ (Tabelle 12) für Tiere in DSN-Betrieben in der von HF-Studien bekannten Bandbreite. Dennoch ergaben sich für die beiden Gruppen innerhalb definierter Herdenparameter teilweise ausgeprägte Unterschiede. So zeigten sich auf Basis der DSN-Daten deutliche Erbliehkeitsunterschiede in Bezug zur Herdengröße. Darüber hinaus waren Heritabilitäten und additiv-genetische Varianzen für Leistungsmerkmale (Mkg) höher verglichen zu funktionalen Gesundheitsindikatormerkmalen wie SCS und FEQ. Unterschiede in den additiv-genetischen Varianzen und Erbliehkeiten in den Gruppen 1 und 2 für den gleichen Herdendeskriptor waren deutlicher für HF im Vergleich zu DSN oder dem gemischten Datensatz. Für alle drei genetischen Linien DSN, HF und Gemischt (DSN+HF) fielen die permanenten Umweltvarianzen besonders für SCS und FEQ gering aus.

Die Korrelationen im gleichen Merkmal zwischen Gruppe 1 und Gruppe 2 innerhalb eines Herdenparameters lagen im Bereich von 0,08 bis 1,00 (Tabelle 13). Die meisten Korrelationen übertrafen somit den von Robertson (1959) definierten Richtwert (0,80), welcher als Indikator für eine GUI angesehen wird. Die niedrigsten genetischen Korrelationen ergaben sich für das funktionale Merkmal SCS und hierbei insbesondere für die Gruppenbildung nach H-DSN% (0,11) und H-DBA (0,08).

**Tabelle 10:** Varianzkomponenten ( $\vartheta_a^2$ : additiv-genetische Varianz,  $\vartheta_{pe^2}$ : Permanente Umweltvarianz,  $\vartheta_e^2$ : Restvarianz) und Erblichkeiten ( $h^2$ ) für Milch-kg vom ersten Testtag nach der Kalbung innerhalb der Gruppen (Gr) 1 und 2 der Herdendesktoren für die drei genetischen Linien (Mixed: DSN + HF, DSN: Deutsches Schwarzbuntes Niederungsrind, HF: Holstein Friesian) (Standardfehler der  $h^2$  aller Berechnungen waren  $<0,09$ ).

Herdendesktor	Mixed								DSN								HF							
	$\vartheta_a^2$		$\vartheta_{pe^2}$		$\vartheta_e^2$		$h^2$		$\vartheta_a^2$		$\vartheta_{pe^2}$		$\vartheta_e^2$		$h^2$		$\vartheta_a^2$		$\vartheta_{pe^2}$		$\vartheta_e^2$		$h^2$	
	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2
Ø H-Größe	4,70	6,61	0,00	4,39	23,21	25,26	0,17	0,18	4,57	6,71	0,00	4,41	18,86	23,65	0,20	0,19	4,57	8,26	0,12	2,58	26,71	34,95	0,15	0,18
Ø H-KA	6,31	4,61	3,73	0,00	26,24	22,16	0,17	0,17	6,78	4,31	4,14	0,00	23,67	18,69	0,20	0,19	7,57	4,11	0,82	0,36	31,67	25,70	0,19	0,14
Ø H-Milch	4,44	7,48	0,00	3,25	21,14	27,73	0,17	0,19	4,71	8,87	0,00	4,12	18,50	23,33	0,20	0,24	4,05	7,97	0,01	0,00	24,62	33,18	0,14	0,19
Ø H-SCC	5,44	5,19	2,58	0,34	24,52	26,02	0,17	0,16	5,96	5,21	2,84	0,00	24,40	19,86	0,18	0,21	6,38	4,92	0,15	0,46	21,22	29,47	0,23	0,14
Ø H-DSN%	4,42	6,36	0,70	1,96	25,82	25,67	0,14	0,19	3,86	6,37	0,00	1,94	18,78	25,80	0,17	0,19	4,62	11,56	0,65	0,00	28,63	20,71	0,14	0,36
Ø H-DBA%	5,71	5,21	2,58	0,11	27,16	23,72	0,16	0,18	6,33	5,36	3,92	0,00	24,64	18,88	0,18	0,22	4,91	4,98	1,22	0,00	27,07	29,16	0,15	0,15
BH	5,01	6,01	0,66	2,60	25,08	25,23	0,16	0,18	5,10	6,88	0,00	2,92	19,48	24,96	0,21	0,20	4,55	5,01	1,22	0,00	29,50	22,28	0,13	0,18
BB	6,27	5,16	2,42	0,37	26,62	23,98	0,18	0,17	7,25	5,05	2,65	0,00	25,40	18,81	0,21	0,21	5,59	4,67	0,00	0,93	28,21	28,26	0,17	0,14

**Tabelle 11:** Varianz Komponenten ( $\vartheta_a^2$ : additiv-genetische Varianz,  $\vartheta_{pe^2}$ : Permanente Umweltvarianz,  $\vartheta_e^2$ : Restvarianz) und Erblichkeiten ( $h^2$ ) für die somatische Zellzahl vom ersten Testtag nach der Kalbung innerhalb der Gruppen (Gr) 1 und 2 der Herdendesktoren für die drei genetischen Linien (Mixed: DSN + HF, DSN: Deutsches Schwarzbuntes Niederungsrind, HF: Holstein Friesian) (Standardfehler der  $h^2$  aller Berechnungen waren  $<0,09$ ),

Herdendesktor	Mixed								DSN								HF							
	$\vartheta_a^2$		$\vartheta_{pe^2}$		$\vartheta_e^2$		$h^2$		$\vartheta_a^2$		$\vartheta_{pe^2}$		$\vartheta_e^2$		$h^2$		$\vartheta_a^2$		$\vartheta_{pe^2}$		$\vartheta_e^2$		$h^2$	
	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2
Ø H-Größe	0,18	0,35	0,12	0,21	2,91	2,42	0,06	0,12	0,24	0,30	0,15	0,24	2,76	2,37	0,08	0,10	0,14	0,51	0,09	0,00	3,02	2,62	0,04	0,16
Ø H-KA	0,29	0,19	0,24	0,09	2,47	2,94	0,10	0,06	0,28	0,26	0,27	0,12	2,36	2,81	0,10	0,08	0,49	0,11	0,00	0,10	2,71	3,06	0,15	0,03
Ø H-Milch	0,16	0,29	0,21	0,17	2,84	2,53	0,05	0,10	0,18	0,29	0,28	0,19	2,65	2,45	0,06	0,10	0,10	0,40	0,16	0,00	3,10	2,65	0,03	0,13
Ø H-SCC	0,30	0,18	0,19	0,14	2,35	3,07	0,10	0,05	0,29	0,21	0,22	0,25	2,35	2,98	0,10	0,06	0,35	0,20	0,00	0,09	2,28	3,10	0,13	0,06
Ø H-DSN%	0,19	0,34	0,08	0,21	2,92	2,48	0,06	0,11	0,21	0,35	0,11	0,18	2,79	2,49	0,07	0,12	0,21	0,02	0,04	0,95	2,98	2,35	0,06	0,01
Ø H-DBA%	0,19	0,27	0,19	0,15	2,59	2,83	0,06	0,08	0,25	0,24	0,18	0,27	2,51	2,62	0,09	0,08	0,10	0,31	0,18	0,00	2,71	3,10	0,03	0,09
BH	0,18	0,29	0,21	0,10	2,77	2,64	0,06	0,10	0,17	0,28	0,35	0,14	2,60	2,54	0,06	0,09	0,24	0,27	0,06	0,06	2,91	3,09	0,07	0,08
BB	0,30	0,16	0,08	0,24	2,71	2,70	0,10	0,05	0,29	0,16	0,12	0,37	2,55	2,59	0,10	0,05	0,30	0,20	0,00	0,11	3,35	2,81	0,08	0,06

**Tabelle 12:** Varianz Komponenten ( $\sigma_a^2$ : additiv-genetische Varianz,  $\sigma_{pe}^2$ : Permanente Umweltvarianz,  $\sigma_e^2$ : Restvarianz) und Erblichkeiten ( $h^2$ ) für den Fett-Eiweiß-Quotient vom ersten Testtag nach der Kalbung innerhalb der Gruppen (Gr) 1 und 2 der Herdendesriptoren für die drei genetischen Linien (Mixed: DSN + HF, DSN: Deutsches Schwarzbuntes Niederungsgrind, HF: Holstein Friesian) (Standardfehler der  $h^2$  aller Berechnungen waren  $<0,03$ ).

Herdendes- kriotor	Mixed								DSN								HF								
	$\sigma_a^2$		$\sigma_{pe}^2$		$\sigma_e^2$		$h^2$		$\sigma_a^2$		$\sigma_{pe}^2$		$\sigma_e^2$		$h^2$		$\sigma_a^2$		$\sigma_{pe}^2$		$\sigma_e^2$		$h^2$		
	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1	Gr2	Gr1
Ø H-Größe	0,005	0,007	0,002	0,001	0,043	0,035	0,107	0,158	0,006	0,006	0,000	0,001	0,043	0,034	0,129	0,154	0,004	0,009	0,005	0,001	0,041	0,036	0,080	0,194	
Ø H-KA	0,007	0,005	0,001	0,002	0,037	0,043	0,168	0,094	0,006	0,007	0,001	0,000	0,034	0,043	0,150	0,135	0,011	0,003	0,000	0,005	0,040	0,041	0,219	0,053	
Ø H-Milch	0,005	0,007	0,002	0,000	0,041	0,038	0,106	0,163	0,007	0,006	0,000	0,000	0,041	0,035	0,147	0,154	0,003	0,010	0,003	0,003	0,041	0,040	0,055	0,185	
Ø H-SCC	0,007	0,005	0,000	0,004	0,036	0,043	0,157	0,095	0,007	0,006	0,000	0,001	0,036	0,046	0,155	0,112	0,006	0,004	0,000	0,006	0,040	0,040	0,134	0,080	
Ø H-DSN%	0,005	0,006	0,004	0,000	0,038	0,041	0,113	0,136	0,007	0,007	0,001	0,000	0,034	0,040	0,170	0,139	0,005	0,001	0,004	0,004	0,040	0,052	0,098	0,024	
Ø H-DBA%	0,008	0,005	0,000	0,002	0,039	0,041	0,171	0,103	0,006	0,007	0,000	0,001	0,036	0,042	0,147	0,139	0,010	0,003	0,002	0,004	0,042	0,039	0,180	0,072	
BH	0,006	0,006	0,003	0,000	0,040	0,039	0,119	0,139	0,006	0,006	0,002	0,000	0,040	0,038	0,126	0,134	0,005	0,003	0,004	0,003	0,040	0,044	0,102	0,056	
BB	0,007	0,006	0,000	0,002	0,039	0,041	0,144	0,128	0,006	0,007	0,000	0,001	0,038	0,040	0,132	0,142	0,002	0,005	0,006	0,003	0,040	0,041	0,049	0,109	

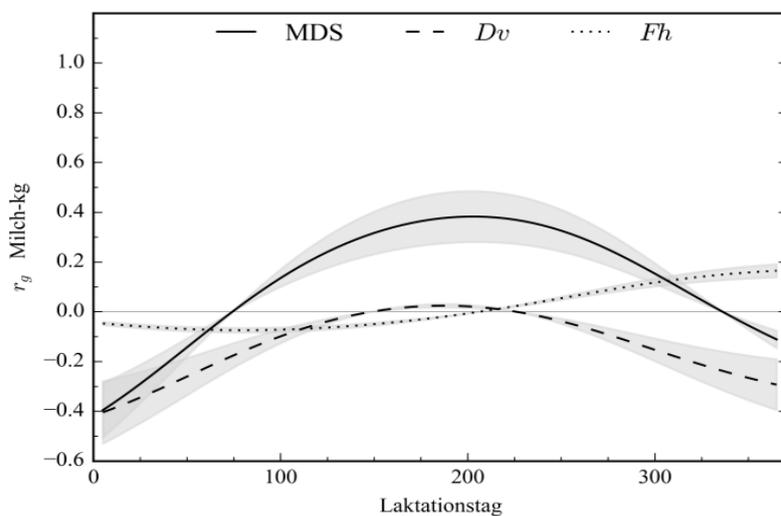
**Tabelle 13:** Genetische Korrelationen ( $r_g$ ) im selben Merkmal (für Milchleistung (M-kg), Somatische Zellzahl (SCS) und Fett-Eiweiß-Quotient (FEQ)) innerhalb der Gruppen (Gr) 1 und 2 der Herdendesriptoren für die drei genetischen Linien (Mixed: DSN + HF, DSN: Deutsches Schwarzbuntes Niederungsgrind, HF: Holstein Friesian) (Standardfehler für  $r_g$  aller Berechnungen waren  $<0,71$ ).

Herdendescriptor	Mixed			DSN			HF		
	M-kg	SCS	FEQ	M-kg	SCS	FEQ	M-kg	SCS	FEQ
Ø H-Größe	1,00	0,63	0,75	1,00	0,57	0,78	0,60	0,80	0,94
Ø H-KA	1,00	0,78	0,72	1,00	0,57	0,69	0,98	0,88	0,97
Ø H-Milch	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,95	1,00	1,00
Ø H-SCC	1,00	0,97	0,79	1,00	1,00	0,83	1,00	0,79	0,90
Ø H-DSN%	1,00	0,14	0,91	1,00	0,11	0,84	1,00	0,94	1,00
Ø H-DBA%	1,00	0,49	0,43	0,91	0,08	0,97	0,85	1,00	0,48
BH	0,94	0,77	0,98	0,90	1,00	1,00	1,00	0,86	1,00
BB	0,78	0,75	0,82	0,70	1,00	0,82	0,83	1,00	1,00

## Parasitenresistenz

Für die endoparasitären Merkmale MDS und  $Dv$  wurden niedrige Erblichkeiten von 0,05 bis 0,06 ( $\pm 0,04$ ) in allen Rechenläufen geschätzt, während die Erblichkeit für  $Fh$  mit 0,33 ( $\pm 0,06$ ) im moderaten Bereich lag. Zwischen MDS und  $Dv$  zeigte sich eine sehr hohe genetische Korrelation ( $r_g = 1,00$ ). Für MDS und  $Fh$  war sie leicht negativ ( $r_g = -0,10$ ) und nahe null für die Beziehung zwischen  $Dv$  und  $Fh$  ( $r_g = 0,03$ ).

Eine positive genetische Korrelation wurde zwischen SCS und MDS festgestellt. Ein erhöhter MDS-Befall kann somit höhere Zellzahlen in der Milch bedingen. Die negativen genetischen Korrelationen zwischen Milch-kg und Ausscheidungsraten der Endoparasiten zu Beginn der Laktation (Abbildung 11) zeigen, dass eine Resistenzzucht mit höherer Produktivität in der Phase der negativen Energiebilanz in der Früh-laktation einhergeht. Diese Ausführungen zur quantitativen Genetik sind notwendig, um die in AP5 dargestellten genomischen Mechanismen zu erklären.



**Abbildung 11:** Genetische Korrelationen (S.E. = hellgraue Flächen) zwischen den Parasitenmerkmalen MDS,  $Dv$  und  $Fh$  mit Milch-kg während des Laktationsverlaufs.

#### Gesundheitsmerkmale der weiblichen Fruchtbarkeit in der Früh-laktation

Für die nachfolgend aufgeführten Fruchtbarkeitskrankheiten wurden Erblichkeiten von maximal 10% geschätzt. Die genetischen Korrelationen zu Eiweiß-kg am ersten offiziellen Testtag lagen bei nahe Null. Es konnte somit kein ausgeprägter genetischer Antagonismus zwischen Fruchtbarkeitsstörungen und Produktionsmenge (Eiweiß-kg) festgestellt werden, mit Ausnahme des persistierenden Gelbkörper (genetische Korrelation zu Eiweiß-kg von 0,34); je höher die produzierte Eiweißmenge, umso höher ist die Wahrscheinlichkeit für das Auftreten eines persistierenden Gelbkörpers. Zuchtwertschätzung für weibliche Fruchtbarkeit könnte optimiert werden, wenn zusätzlich zu den Standardmerkmalen, wie Rastzeit, die Erkrankungen in Fruchtbarkeitsindizes berücksichtigt werden. Die genetische Korrelation zwischen den Erkrankungen und den Standardmerkmalen liegt nämlich teilweise deutlich unter  $r_g = 1,00$ , wie die Tabelle 14 zeigt:

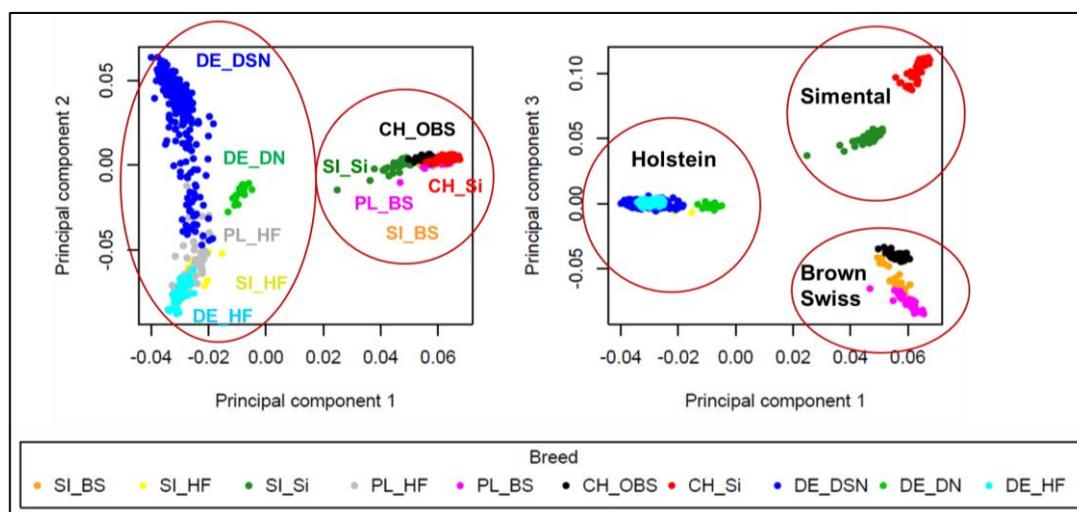
**Tabelle 14:** Genetische Korrelationen zwischen Krankheiten der weiblichen Fruchtbarkeit und Fruchtbarkeitsmerkmalen

Fruchtbarkeitskrankheit	Fruchtbarkeitsmerkmale		
	Rastzeit	Intervall von 1. Bes. zur Trächtigkeit	Güstzeit
Fruchtbarkeit allgemein	0,800	0,781	0,642
Krankheiten postpartum	0,165	0,155	0,163
Nachgeburtsverhalten	0,233	0,227	0,195
Metritis	0,102	0,159	0,213
Krankheiten Ovar	0,910	0,849	0,607
Anöstrie	0,874	0,710	0,407
Persistierender Gelbkörper	0,757	0,738	0,557
Ovarialzysten	0,698	0,828	0,763

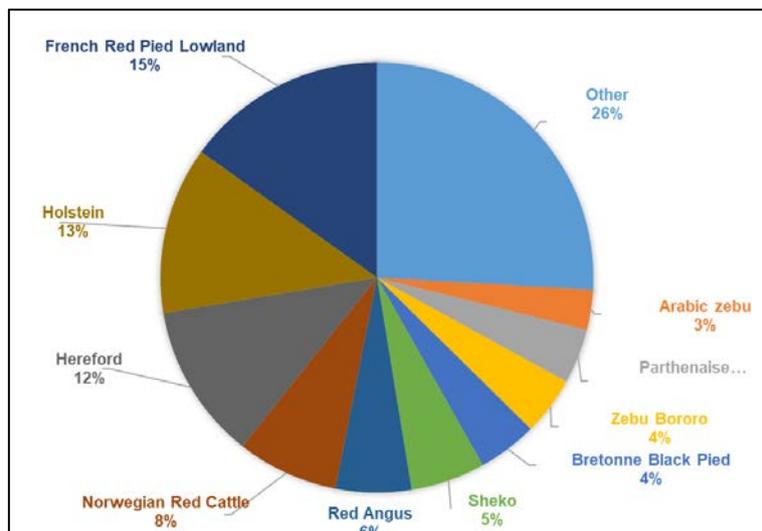
### Ergebnisse von AP5 (Identifikation genomischer Rassecharakteristika und genomweite Assoziationsstudien)

#### Multi-Breed GWAS

Die PCA der ersten beiden Hauptkomponenten zeigte zwei wesentliche Rassecluster, die der ersten und der dritten Hauptkomponente dagegen eine zusätzliche Differenzierung (Abbildung 12). Die Holsteinlinien unterschieden sich von den Brown Swiss- und Simmental-Kühen, welche ein zweites Cluster bildeten. In der Gegenüberstellung der ersten und der dritten Hauptkomponente können drei Gruppen unterschieden werden: Holstein, Simmental und Brown Swiss. Diese Ergebnisse reflektieren die geografischen Zuchtgebiete der Holsteinlinien, welche überwiegend in Mittel- und Norddeutschland, sowie in Polen eingesetzt werden. Im Gegensatz dazu werden in Südeuropa Brown Swiss und Simmental bevorzugt. Die berechneten ASD zeigten, dass heutzutage immer noch genetische „Fußabdrücke“ anderer, sogar exotischer Rinderrassen wie dem Zebu, im Genom der Zweinutzungsrasen zu finden sind (Abbildung 13).



**Abbildung 12:** Hauptkomponentenanalyse der genotypisierten Rassen aus Deutschland (DE), Schweiz (CH), Slowenien (SI) und Polen (PL).



**Abbildung 13:** Prozentuale genetische Verwandtschaften der DSN zu anderen Rinderrassen (basierend auf gemeinsamen Allelen).

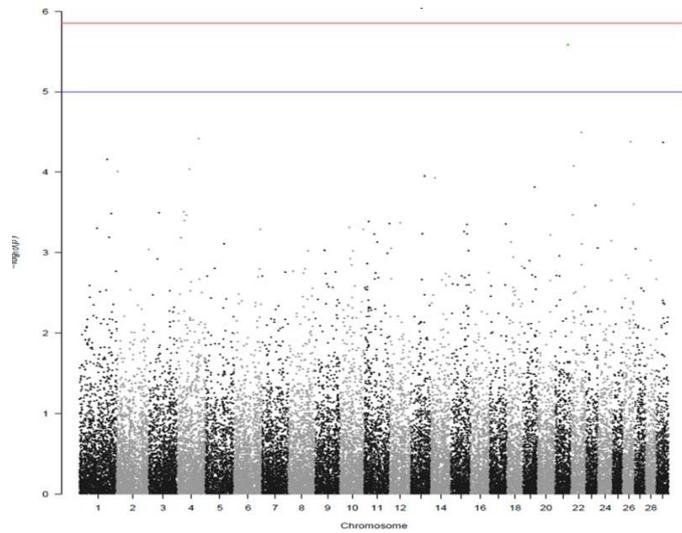
Die Ergebnisse der multi-breed GWAS zeigten signifikante SNPs für die EBV und DP der Merkmale RUM, NA, ACT, I und IC (Tabelle 15). Darüber hinaus wurden auch signifikante SNPs auf Chromosom 14 detektiert, die mit dem *DGAT1* Gen assoziiert werden. Somit konnte gezeigt werden, dass verlässliche Ergebnisse trotz einer geringen Stichprobe von 246 Tieren generiert werden können. Für das Merkmal RUM wurden zwei Gene mit dem signifikanten SNP auf Chromosom 21 assoziiert (Abbildung 14).

Das Merkmal ACT (DP) wies zwei signifikante SNPs auf den Chromosomen 19 und 26 auf (Abbildung 15), wovon der SNP auf Chromosom 19 mit dem *ANKFN1*-Gen assoziiert wurde (<250.000 Basenpaare).

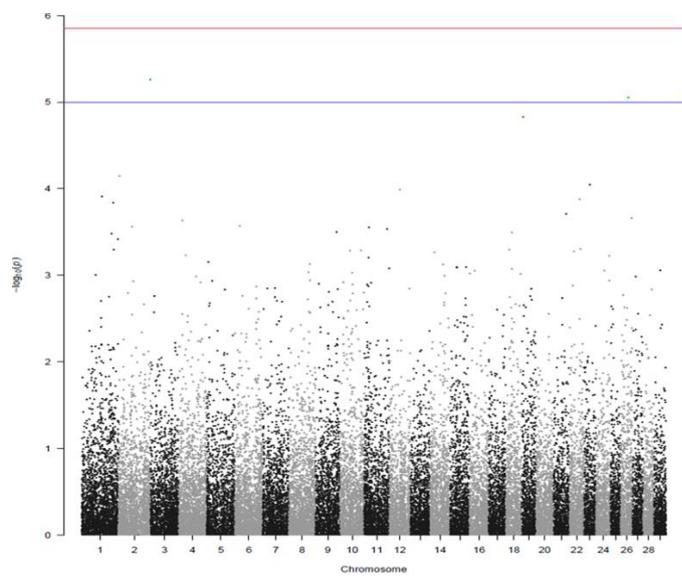
Für das Merkmal Indexklasse wurden insgesamt vier signifikante SNPs identifiziert, wovon einer im *SLC7A14*-Gen auf Chromosom 1 und ein anderer in der Nähe (<250.000 Basenpaare) vom *ADAM15*-Gen auf Chromosom 3 liegt (Abbildung 16).

**Table 15:** Identifizierte SNPs der Zuchtwerte und de-regressierten Zuchtwerte der Merkmale Wiederkäuen (RUM), Schlafen (NA), Aktivität (ACT), Index (I) und Indexklasse (IC) über der Signifikanzschwelle einer Falschalarmrate von 20%.

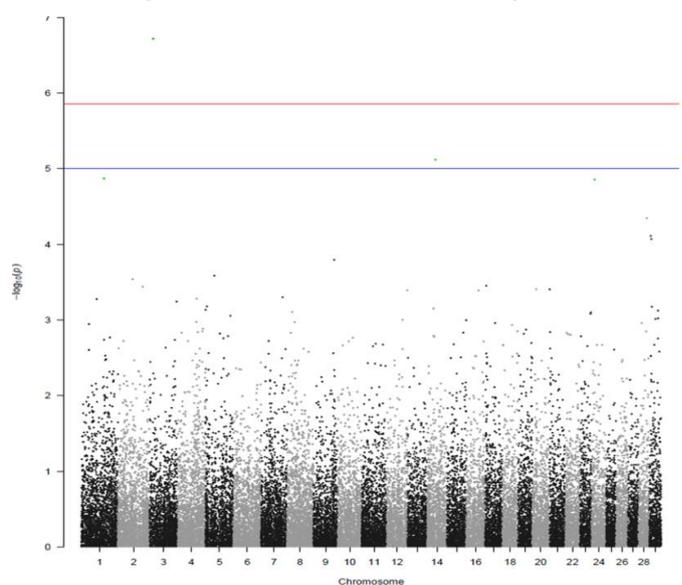
Merkmal	Chr	SNP	Basenpaar	se	p-Wert	Methode
RUM	21	ARS-BFGL-NGS-92303	56634361	0,573496	5,42E-06	EBV, DP
NA	13	Hapmap60738-rs29023086	79178395	0,825524	1,10E-06	EBV
NA	17	ARS-BFGL-NGS-104430	68187177	0,626502	3,80E-06	EBV
ACT	2	Hapmap49560-BTA-29329	136044919	0,643829	5,51E-06	EBV
ACT	26	ARS-BFGL-NGS-48262	33191302	0,841479	8,86E-06	EBV
ACT	19	ARS-BFGL-NGS-10718	7544603	0,542928	1,48E-05	EBV
IC	3	ARS-BFGL-NGS-54121	15818013	0,058245	1,92E-07	EBV
IC	14	Hapmap36024-SCAFFOLD270113_28063	36659687	0,0641994	7,61E-06	EBV
IC	1	ARS-BFGL-NGS-94323	97746135	0,0305394	1,35E-05	EBV
IC	24	ARS-BFGL-NGS-14250	12916861	0,0633153	1,39E-05	EBV
I	7	BTA-16856-no-rs	99776747	0,881982	2,26E-06	DP



**Abbildung 14:** Manhattan-Plot der negativen dekadischen Logarithmen der P-Werte für RUM.



**Abbildung 15:** Manhattan-Plot der negativen dekadischen Logarithmen der P-Werte für ACT.



**Abbildung 16:** Manhattan-Plot der negativen dekadischen Logarithmen der P-Werte für IC.

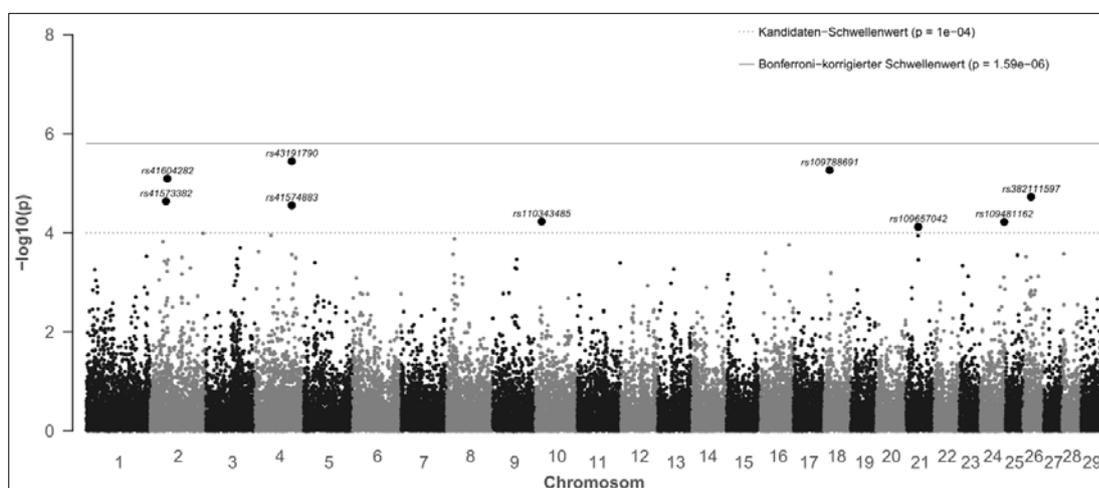
Die geschätzten genetischen Parameter der Verhaltensmerkmale waren für beide Ansätze (Pedigree, PGMIX) nahezu identisch (Tabelle 16). Obwohl das Pedigree für manche Tiere sehr lückenhaft war, trug die Vielzahl wiederholter Beobachtungen der gemessenen Merkmale zu verlässlichen Schätzergebnissen bei, was durch die geringen Standardfehler reflektiert wurde. Die Heritabilitäten der Verhaltensmerkmale reichte von sehr hoch (0,48-0,31) für RUM, ACT und Temp, über moderat (0,15-0,22) für FEED, HA, NA bis hin zu nicht erblich (0,02-0,00) für I und IC. Anhand der moderaten bis hohen Erblichkeiten sowie der additive-genetischen Varianzen lässt sich erkennen, dass die elektronisch gemessenen Verhaltensmerkmale durchaus genetisch beeinflusst werden. Dies trifft jedoch nicht auf die kombinierten Merkmale I und IC zu.

**Tabelle 16:** Varianzkomponenten ( $\sigma_a^2$ : additiv-genetische Varianz,  $\sigma_{pe}^2$ : Permanente Umweltvarianz,  $\sigma_e^2$ : Restvarianz) und Erblichkeiten ( $h^2$ ) für Wiederkäuen (RUM), Fressen (FEED), Aktivität (ACT), hochaktiv (HA), Liegezeiten (NA), Ohrtemperatur (Temp), Index (I) und Indexklasse (IC).

Merkmal	PGMIX					Pedigree				
	$\sigma_a^2$	$\sigma_{pe}^2$	$\sigma_e^2$	$h^2_{PGmix}$	SE	$\sigma_a^2$	$\sigma_{pe}^2$	$\sigma_e^2$	$h^2_{Pedigree}$	SE
RUM	20,71	16,58	29,62	0,31	0,08	21,05	14,59	29,62	0,32	0,08
FEED	11,35	2,77	36,72	0,22	0,05	10,41	2,71	36,72	0,21	0,05
ACT	26,53	11,00	18,47	0,47	0,09	25,77	9,35	18,47	0,48	0,09
HA	1,70	0,72	6,04	0,20	0,05	1,60	0,68	6,04	0,19	0,05
NA	7,82	7,69	29,97	0,17	0,06	6,78	7,99	29,97	0,15	0,06
Temp	10,63	6,77	10,23	0,38	0,09	10,08	6,49	10,23	0,38	0,09
I	0,02	53,08	0,00	0,00	0,05	0,02	53,06	0,00	0,00	0,03
IC	0,04	3,63	0,00	0,01	0,04	0,09	3,70	0,00	0,02	0,00

#### GWAS zur Parasitenresistenzen innerhalb der DSN-Population

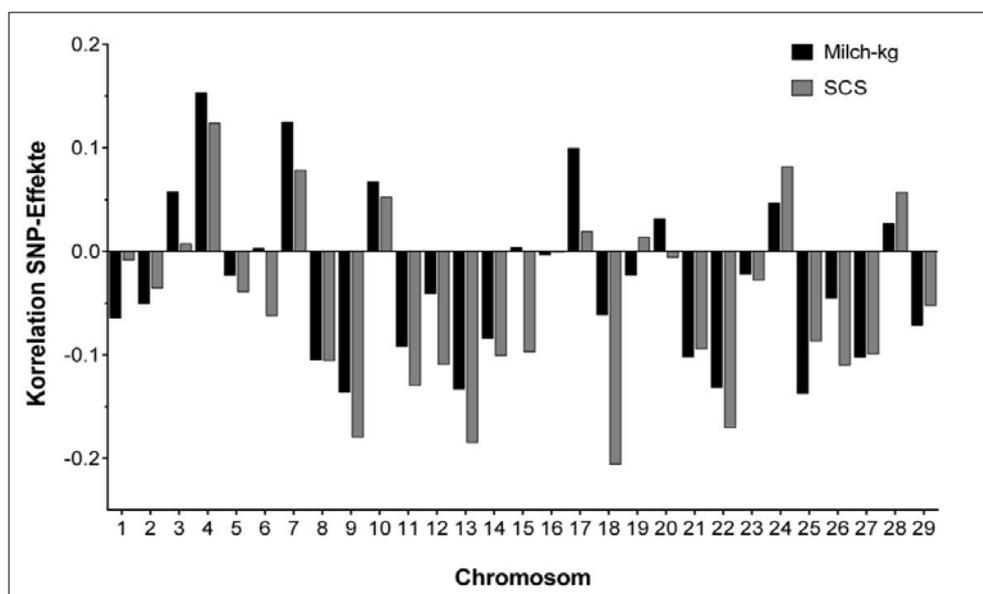
Nach Qualitätskontrolle und Filterung beinhaltet der finale Datensatz für die GWAS 40855 SNP-Marker von 144 DSN-Tieren. Für das Merkmal FEC-GIN wurden in der GWAS insgesamt 9 SNP über  $pKD$  auf dem bovinen Chromosom (BTA) 2, 4, 10, 18, 21, 24 und 26 identifiziert (Abbildung 17), wobei kein SNP über  $pBF$  detektiert wurde. Insgesamt wurden 8 SNPs über  $pKD$  auf BTA 1, 2, 4, 7, 23, 26 und 28 für FEC-FH identifiziert, wobei ein SNP-Marker auf BTA 7 einen  $p$ -Wert nahe  $pBF$  aufwies. Für das Merkmal FLC-DV wurden 4 über der genomweiten Signifikanzschwelle  $pBF$  liegende SNP auf BTA 15, 21 und 24 gefunden.



**Abbildung 17:** Manhattan-Plot für FEC-GIN.

Für die SNP-Effekte von FEC-GIN und FLC-DV zeigte sich eine positive Korrelation von 0,19 über das gesamte Genom. Chromosomenbasierte Korrelationen schwankten von -0,06 auf BTA 28 bis 0,38 auf BTA 11, was auf gleichgerichtete SNP-Effekte für FEC-GIN und FLC-DV auf BTA 11 hindeutet. Zudem scheint sich die Korrelation auf Basis aller SNP-Effekte zwischen diesen beiden Merkmalen weniger über einzelne SNP-Effekte zu erklären, sondern überwiegend polygen vermittelt zu sein. Für die anderen Merkmalskombinationen lagen die Korrelationen zwischen den SNP-Effekten nahe Null. Eine genomweit negative Korrelation der SNP-Effekte nahe Null ließ sich zudem zwischen allen drei Endoparasitenmerkmalen mit den Leistungsmerkmalen Milch-kg und SCS beobachten. In der chromosomenbasierten Analyse zeigten sich niedrige bis moderate negative Korrelationen von -0,21 bis 0,23 zwischen Endoparasiten- und Leistungsmerkmalen (Abbildung 18). Zudem zeigen einzelne genomische Regionen antagonistische Wirkungen innerhalb und zwischen den Endoparasitenmerkmalen für die SNP-Effekt basierten Korrelationen mit den Leistungsmerkmalen (Abbildung 18).

Die im Rahmen der GWAS identifizierten Assoziationen sind Datengrundlage der Identifikation von Kandidatengenen mit dem Ziel, per Kandidatengenanalyse mögliche kausale funktionale Mutationen zu identifizieren.

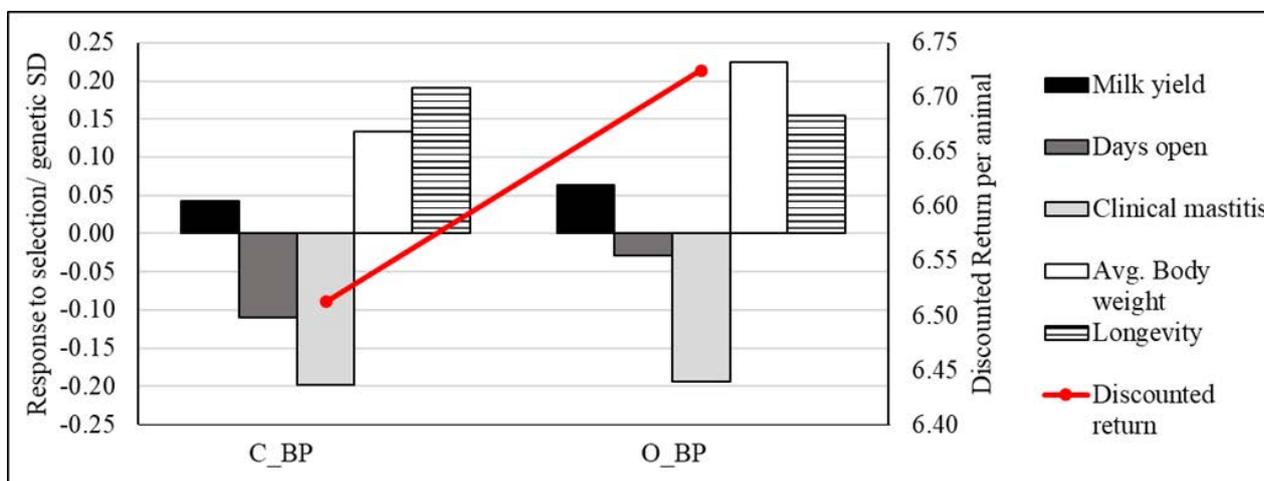


**Abbildung 18:** Chromosomenbasierte Korrelation aller SNP-Effekte aus der GWAS zwischen dem endoparasitären Merkmal FEC-GIN und den Leistungsmerkmalen Milch-kg und SCS.

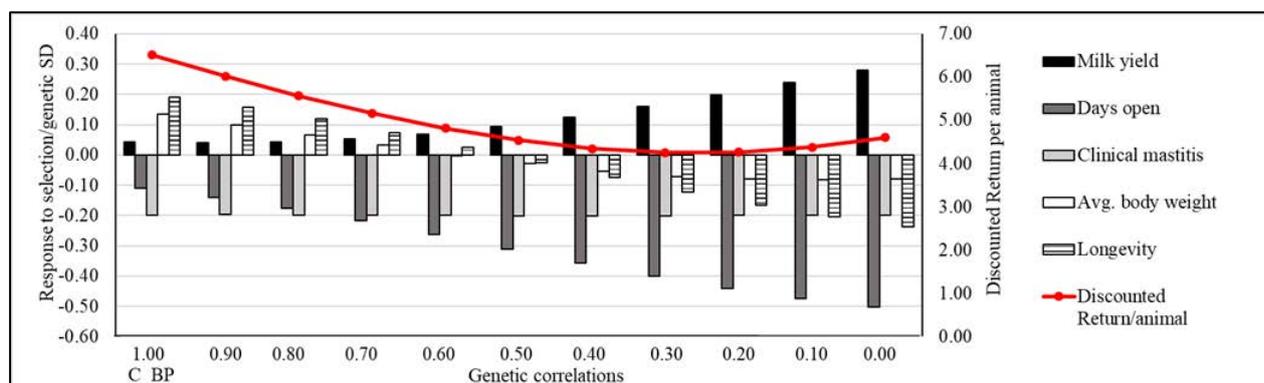
Als ein potenzielles Kandidatengen für Parasitenresistenz wurde das *ALCAM* Gen identifiziert. Dieser Bereich wurde im molekulargenetischen Labor des Tierzuchtinstituts der Universität Gießen sequenziert. Eine funktionale Mutation im Exon des *ALCAM* Gens war bisher charakteristisch für die resistenten Tiere. Aktuell wird dieser Sachverhalt weiter validiert. Physiologische Pfadanalysen brachten deutliche Hinweise auf Interaktionen zwischen Parasitenresistenz mit Mechanismen des Immunsystems.

### Wesentliche Ergebnisse von AP8 (ökologische Zuchtschemata)

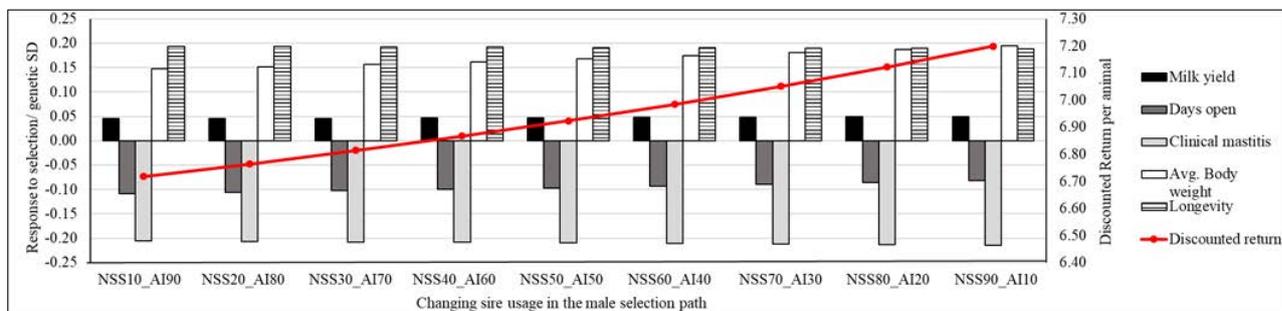
Aus ökonomischer Sicht und für kleine Populationen wie DSN war O\_BP unter Einbeziehung funktionaler Merkmale von besonderem Interesse (Abbildung 19). Im Gegensatz zu C\_BP fiel der diskontierte Gewinn pro genetische Standardabweichung für MY und AvgBW höher aus. Zusätzlich waren die diskontierten Kosten pro Tier im O\_BP sehr viel geringer (Differenz: 60,43 Euro) verglichen mit dem C\_BP, was hauptsächlich auf den Verzicht der Wartebullenhaltung zurückzuführen ist. Die Simulation von GUI im C\_BP zeigte, dass sich mit sinkenden genetischen und phänotypischen Korrelationen im selben Merkmal der diskontierte Gewinn sowie der jährliche monetäre Zuchtfortschritt reduzierte (Abbildung 20). Abgesehen vom GxE\_BP zeigten alle anderen Simulationen einen jährlichen monetären Zuchtfortschritt  $>0,72$  und diskontierte Gewinne von  $>6,51$  Euro pro Tier. Insbesondere funktionale Merkmale (AvgBW, L) zeigten abnehmende Zuchtfortschritte mit sinkenden Korrelationen, was sich negativ auf den jährlichen monetären Zuchtfortschritt auswirkte.



**Abbildung 19:** Zuchtfortschritt (genetische Standardabweichung) in den Merkmalen Milchleistung (MY), Güstzeit (DO), klinische Mastitis (CM), durchschnittliches Körpergewicht (AvgBW) und Langlebigkeit, sowie diskontierter Gewinn pro Tier (bei gleichem ökonomischen Gewicht) für das konventionelle (C\_BP) und das ökologische (O\_BP) Zuchtprogramm.



**Abbildung 20:** GxE\_BP: Zuchtfortschritt (genetische Standardabweichung) in den Merkmalen Milchleistung (MY), Güstzeit (DO), klinische Mastitis (CM), durchschnittliches Körpergewicht (AvgBW) und Langlebigkeit, sowie diskontierter Gewinn für varierende Korrelationen im selben Merkmal.



**Abbildung 21:** MSG\_BP: Zuchtfortschritt (genetische Standardabweichung) in den Merkmalen Milchleistung (MY), Güstzeit (DO), klinische Mastitis (CM), durchschnittliches Körpergewicht (AvgBW) und Langlebigkeit (L), sowie diskontierter Gewinn für varierende KB- und Deckbullenanteile im männlichen Selektionspfad.

Das geringste Generationsintervall konnte für das ökologische Zuchtprogramm beobachtet werden, da hier die Wartebullenhaltung entfiel. Somit wurden in einer Investitionsperiode von 20 Jahren 7,3 Generationen realisiert, was sich ebenfalls positiv auf die diskontierten Kosten auswirkte. Eine reduzierte Selektionsintensität wurde im O\_BP durch kürzere Generationsintervalle kompensiert und führte zu vergleichbarem Zuchtfortschritt in den Merkmalen Milchleistung, klinische Mastitis und Langlebigkeit wie im C\_BP. Abnehmende Generationsintervalle waren auch in den Szenarien MSG\_BP, FSG\_BP und MFSG\_BP mit steigendem Deckbulleneinsatz zu beobachten. Der maximale jährliche monetäre Zuchtfortschritt und diskontierte Gewinn wurden mit dem MSG\_BP bei einem Deckbulleneinsatz von 90% und 10% KB erzielt (Abbildung 21).

Die Anzahl der Töchterleistungen pro Bulle sowie genetische Korrelationen im selben Merkmal waren weitere Einflussfaktoren, die sich auf die Selektionsintensität auswirkten. Im Vergleich zum O\_BP konnte ein größerer Zuchtfortschritt insbesondere in den funktionalen Merkmalen Güstzeit, klinische Mastitis und Langlebigkeit durch die Szenarien MSG\_BP, FSG\_BP und MFSG\_BP mit steigendem KB-Anteil realisiert werden.

## Wesentliche Ergebnisse von AP10 (Ergebnisverwertung)

### Wissenschaftliche Ergebnisverwertung

#### Wissenschaftliche Publikationen:

- Jaeger, M., Scheper, C., König, S., Brügemann, K. (2018): Inbreeding and genetic relationships of the endangered dual-purpose black and white cattle breed (DSN) based on own genetic breed percentage calculations. *Züchtungskunde* (4): 262–279
- May, K., König, S. (2018): Phenotyping strategies and quantitative-genetic background of resistance, tolerance and resilience traits in dairy cattle. *Animal*. Under review.
- May, K., Brügemann, K., Yin, T., Scheper, C., Strube, C., Korkuc, P., Brockmann, G., König, S. (2017): Genome-wide associations and functional gene analyses for endoparasite resistance in an endangered population of native German Black Pied cattle. *BMC Genomics*, prepared to be submitted. *BMC Genomics*

- Gernand, E., König, S. (2017): Genetic relationships among female fertility disorders, female fertility traits and productivity of Holstein dairy cows in the early lactation period. *J. Anim. Breed. Genet.* doi.org/10.1111/jbg.12274
- Jaeger, M., Brügemann, K., König, S. (2018): Variance heterogeneity and genotype by environment interactions in native Black and White dual-purpose cattle (DSN) for different herd allocation schemes. *Animal*, submitted: February 2018
- Jaeger, M., Brügemann, K., Brandt, H. König, S. (2018): Associations between precision sensor data with productivity, health and welfare indicator traits in native black and white dual-purpose cattle under grazing conditions. Submitted. *Appl. Anim. Behav. Sci.*
- Naderi, S., Moradi, M. H., Farhadian, M., Yin, T., Jaeger, M., Scheper, C., Korkuc, P., Brockmann, G.A., König, S. (2018): Assessing signatures of selection through variation in linkage disequilibrium within and between dual-purpose black and white (DSN) and German Holstein cattle populations. Prepared to be submitted. *J. Animal Genetics*
- Bapst, B., Bohlouli, M., König, S., Brügemann, K. (2018): Udder health sensitiveness of dual-purpose cattle and dairy cattle along a continuous environment scale. (in preparation)

#### Qualifikationsarbeiten im Rahmen von "2-ORG-COWS":

- Wefers, M. (2016): Untersuchungen zum Fressverhalten der bedrohten Rasse „Deutsches Schwarzbuntes Niederungsvieh“ unter Berücksichtigung des Grasaufwuchses. Masterarbeit angefertigt im Fachgebiet Tierzucht der Universität Kassel, 14.09.2016 in Witzenhausen, Deutschland.
- Scholl, F. (2017) Comparison between dual-purpose and specialized dairy cattle in pasture-based systems: change in body condition, locomotion score and cleanliness from summer to winter season. Masterarbeit angefertigt in Behavioural Ecology Group, Wageningen, Juli 2017, Niederlande. (basierend auf erhobenen Daten in Frankenhausen)

#### Konferenzbeiträge:

- König, S. (2016): Towards preventive health management in native dual-purpose cattle via novel breeding strategies. 67<sup>th</sup> Annual meeting of the European Association for Animal Production, Belfast, Ireland, Aug. 29. - Sept. 4., 2016
- Brügemann, K., May, K., Scheper, C., Strube, C., König, S. (2016): Exploring the genetic background of parasite resistance in selected lines of black and white cattle. 67<sup>th</sup> Annual meeting of the European Association for Animal Production, Belfast, Ireland, Aug. 29. - Sept. 4., 2016
- Jaeger, M., Brügemann, K., Naderi, S., Tietze, M., König, S. (2016): Stratifizierung von Herden nach Umweltdeskriptoren zum Nachweis von Genotyp-Umwelt-Interaktionen beim Deutschen Schwarzbunten Niederungsrind. Vortragstagung der Deutschen Gesellschaft für Züchtungskunde e.V. und der Gesellschaft für Tierzuchtwissenschaften e.V., Hannover, 20.-21.Sept. 2016

- Jaeger, M., Brügemann, K., Kulig, B., Baars, T., Brandt, H., König, S. (2017): Associations between precision sensor data and subjectively scored cattle welfare indicators. 68<sup>th</sup> Annual meeting of the European Association for Animal Production, Tallinn, Estonia, 28. Aug. - 1. Sept. 2017
- König, S., May, K. (2017): Genetic background of resistance, tolerance and resilience traits in dairy cattle. 68<sup>th</sup> Annual meeting of the European Association for Animal Production, Tallinn, Estonia, 28. Aug. - 1. Sept. 2017
- May, K., Scheper, C., Brügemann, K., Yin, T., Strube, C., Korcuć, P., Brockmann, G., König, S. (2017): Genomweite Assoziationsstudie für endoparasitäre Infektionen beim Deutschen Schwarzbunten Niederungsrind. Vortragstagung der Deutschen Gesellschaft für Züchtungskunde e. V. und der Gesellschaft für Tierzuchtwissenschaften e. V., Stuttgart, 20. - 21. Sept. 2017
- Jaeger, M., Brügemann, K., Brandt, H., König, S. (2017): Studien zu Genotyp-Umwelt-Interaktionen beim Deutschen Schwarzbunten Niederungsrind. 14. Wissenschaftstagung Ökologischer Landbau, Freising-Weihenstephan, Germany, 7-10. Mar. 2017

#### Doktorandenseminare-Workshops

- Interner Workshop "Associations between environmental descriptors and novel functional traits in dual-purpose cattle" in Frick, Schweiz (22. -23. Februar 2016)
- Doktorandenseminar an der Universität in Gießen, Deutschland 08.03.2018: "Infrarotspektraldaten in der Milch und deren Verwendung für Management und Zucht unter Berücksichtigung der drei Säulen der Nachhaltigkeit" (N. Gengler)

#### Entwicklung von Softwarepaketen

- Entwicklung von übergreifenden Datenbanken durch UNI-KS, basierend auf tierzüchterischen Input von Uni-G
- Weiterentwicklung deterministischer Zuchtplanungsschemata unter Berücksichtigung von GUI und dem Einsatz von Natursprungbulln. Diese Softwarepakete können leicht für weiterführende Fragestellungen genutzt werden
- Software zur Berechnung von Genanteilen bzw. Rasseanteilen in der Rasse DSN (Beschrieben in der Zeitschrift Züchtungskunde; Jaeger et al., 2018).

#### *Wirtschaftliche Ergebnisverwertung*

#### Abschlussworkshop auf europäischer Ebene

- Workshop "Associations between environmental descriptors and novel functional traits in dual-purpose cattle" in Toulouse, Frankreich (29.-30. November 2017) im Rahmen eines gemeinsamen Treffens mit den Mitarbeitern aus dem ProPara-Projekt

Abschlussworkshop auf nationaler Ebene mit Zuchtverbänden und Züchtern

- 9. Züchtertagung Domäne Frankenhausen Uni Kassel, Deutschland (03.11.2017): „Aktuelle Forschungsergebnisse aus DSN-Projekten“ (C. Scheper)
- Fachgespräch zur Erhaltung/ Biodiversität kleiner Rassen, Humboldt Universität, Berlin 23.-24.07.2018: „New phenotypes in DSN cattle to infer physiological pathways and to detect potential candidate genes“

Entwicklung einer „2-Org-Cows“ Homepage

- Informationsfilm zum Projekt, von Thomas Alföldi:  
<https://www.youtube.com/watch?v=oiV5ilwTrQY>
- Homepage: <http://projects.au.dk/coreorganicplus/research-projects/2-org-cows/>

Implementierung von Erfassungssoftware in partizipierenden Betrieben

- Die Sensor-Technologie wurde erfolgreich implementiert und validiert
- Der „Trait Atlas“ steht als Grundlage für die Erfassung neuer funktionaler Merkmale zur Verfügung (organic Eprints)

Entwicklung von ökologischen Zuchtwerten, Indizes und Gesamtzuchtwerten

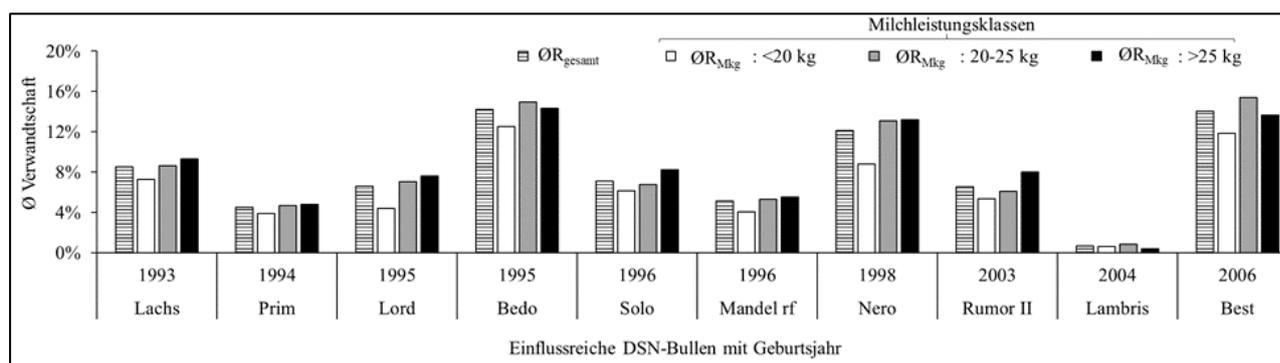
- Die Zuchtwerte des „borderless clustering“ Ansatzes sind in den VCE-Outputdateien hinterlegt und stehen den jeweiligen partizipierenden Zuchtbetrieben zur Verfügung
- Die Domäne Frankenhausen nutzt die im Rahmen von 2-Org-Cows durchgeführten Genotypisierungen für Selektionsentscheidungen

Publikation der Ergebnisse in Zeitschriften für Züchter und Milchkuhhalter

- Jaeger, M., Scheper, C., König, S., Brügemann, K. (2018): Inbreeding and genetic relationships of the endangered dual-purpose black and white cattle breed (DSN) based on own genetic breed percentage calculations. Züchtungskunde (4): 262–279
- Inhalte des Projekts wurden vorgestellt auf der „Akademie für tierärztliche Fortbildung“ am 21. April 2018 in Gießen. Weiter wurden zusätzlich zum Praxisvortrag ein schriftlicher Beitrag für den Tagungsband erstellt.
- Inhalte des Projekts wurden vorgestellt auf der Hochschultagung der Universität Gießen am 08.12.2017 mit dem übergeordneten Titel: „Beitrag der Tierzucht zu Tierwohl und Tiergesundheit: Was wurde bereits realisiert und wo besteht noch Forschungsbedarf?“ Im Publikum waren Vertreter der Zuchtorganisation und des landwirtschaftlichen Beratungswesens
- Inhalte des Projekts wurden vorgestellt am Tag der Landwirtschaft Mittelhessen am 25.10.2017 mit dem übergeordneten Titel: „Anforderungen der Politik und Gesellschaft an

Tierwohl und Tiergesundheit: Ist das mit wissenschaftlichen Ergebnissen vereinbar?“ Im Publikum waren Vertreter der Zuchtorganisation und praktische Milchrinderzüchter

Studien zur Inzucht und Verwandtschaft beim DSN-Rind auf Basis eigens berechneter Rasseanteile zeigen, wie wertvolle der eigens entwickelte Algorithmus zur Berechnung von Rasse- bzw. Genanteilen, für die Praxis ist. Offizielle Beschreibungen tolerieren für die Rassebezeichnung DSN (Rassecode RC = 10) nur maximal 10% HF-Gene. Die eigenen Berechnungen zeigen jedoch, dass im Zeitraum von 2005 bis 2016 insgesamt 7.460 DSN\_90%-Kühe mit Rassecode 10 eingetragen wurden. Basierend auf den genetischen Rasseanteilen und unter Berücksichtigung der strikten Auslegung des Fremdgenanteils in der Rasse DSN wurden 3.406 Kühe (46%) fälschlicherweise den DSN zugeordnet. Ordnet man die Tiere den Bundesländern zu, in denen sie eingetragen wurden, so wurden in den neuen Bundesländern 5% der Kühe trotz genetischer DSN-Rasseanteile von unter 90% als DSN mit RC = 10 eingetragen. In den alten Bundesländern konnten insgesamt 91% falsch gekennzeichnete DSN-Tiere mit RC = 10 identifiziert werden. Somit konnten mit neuer Codierung gezielt festgelegt werden, welche DSN Bullen hohe Verwandtschaften zu distinkten Kuhgruppen haben (siehe Abbildung 22). Dadurch können Betreibe nun gezielter Inzuchtmanagement betreiben.



**Abbildung 22:** Einflussreiche DSN-Bullen mit Geburtsjahr, deren durchschnittlicher Verwandtschaftskoeffizient zur gesamten aktiven DSN-Milchviehpopulation ( $\bar{O}R_{\text{gesamt}}$ ), sowie deren Verwandtschaft zu DSN-Subgruppen für verschiedene Milchleistungsklassen ( $\bar{O}RM_{\text{kg}}$ : <20 kg/Tag,  $\bar{O}RM_{\text{kg}}$ : 20-25 kg/d,  $\bar{O}RM_{\text{kg}}$ : >25 kg/Tag).

## 5. Diskussion der Ergebnisse

### AP1: Funktionale Merkmale und Umweltfaktoren

Signifikante Korrelationen zwischen Temp und FEED (-0,17;  $p < 0,01$ ) und Temp und NA (-0,21;  $p < 0,001$ ) waren negativ im Vergleich zu Temp und RUM (0,10; ns), Temp und HA (0,31;  $p < 0,001$ ), und Temp und ACT (0,20;  $p < 0,001$ ). Diese Ergebnisse konnten in ähnlicher Form in anderen Studien beobachtet werden, wo eine verminderte Futteraufnahme mit erhöhter Körpertemperatur einherging (Coffe, 1981). Weitere Korrelationsberechnungen zwischen SensOor<sup>®</sup>-Merkmalen sind auf Grund der Datenbeschaffenheit (Autokorrelationen) nicht zielführend. Sobald ein Verhalten am Tag

gesteigert gemessen wird, kann während dieser Zeit keine andere Aktivität gemessen werden (z.B. Liegen und Wiederkäuen).

Ein Zusammenhang zwischen AGG und IHRO erscheint sinnvoll, da bereits bestehende Studien das Maß an Aggressivität als wichtigstes Kriterium für den Rang, den ein Tier in einer Herde einnimmt, anführten (Lamb, 1975). Signifikant negative Korrelationen zwischen UHS/LHS und GT, wie auch für IHRO, lassen sich darin begründen, dass nervöse Tiere tendenziell zu schnellem ruckartigen Fluchtverhalten neigen, wodurch sie häufiger durch umherspritzenden Kot auf den Laufgängen verschmutzen. Zusätzlich muss man annehmen, dass sich rangniedere Kühe vermehrt in verschmutzten Liegebereichen aufhalten, da sie von dominanten Tieren von begehrteren Bereichen verdrängt werden. Dies impliziert negative Korrelationen zwischen IHRO und LHS ( $r=-0,20$ ;  $p<0,05$ ) bzw. UHS ( $r=-,25$ ;  $p<0,05$ ) (u.a. durch Friend und Polan, 1974, nachgewiesen).

Ein Grund für niedrigere Milchleistungen (15,36 kg/Tag) von Kühen, die vermehrt Zeit mit Schlafen verbringen und umgekehrt (18,15 kg/Tag), ist, dass Tiere mit längeren Schlafintervallen weniger Zeit mit Fressen oder Wiederkäuen verbringen, was sich in signifikant längeren täglichen FEED (>23%/Tag) und RUM- (>41%/Tag) Perioden von hochleistenden Kühen äußerte. Signifikante FEED und RUM-Unterschiede zwischen Tieren mit 200.000-250.000 Zellen /mL und Tieren mit >700.000 Zellen/mL wurden auch im Merkmal für Eutergesundheit SCC sichtbar. Soriani et al. (2012) berichteten von einer 5%-igen Verringerung der täglichen Wiederkäuaktivität bei Tieren mit erhöhter Zellzahl als mögliche Folge einer (sub-) klinischen Mastitis und damit einhergehendem Fieber. Ähnliche Beobachtungen konnten auch für das Merkmal FEED notiert werden. Bis zu einem SCC-Level zwischen 350.000-450.000 Zellen/mL variierte die tägliche Futteraufnahme zwischen 17,9% und 20,51%. Ab 350.000 Zellen/mL verringerte sich der täglich FEED-Anteil auf 16,24%. Somit wurden deutliche physiologische Verhaltensänderungen in der Futteraufnahme und dem Wiederkäuverhalten von DSN-Kühen für unterschiedliche Milchleistungs- und Zellzahlklassen sichtbar.

Höhere BCS-Werte von Tieren mit einem geringeren täglichen Aktivitätsprofil (ACT) und gesteigerten Ruhephasen (NA) reflektieren die vorherigen Beobachtungen, wo hochleistende Tiere wenig Zeit mit NA und viel Zeit mit RUM und FEED verbringen. Somit liegt die Schlussfolgerung nahe, dass hochleistende Kühe zwar mehr Zeit mit der Futteraufnahme und Verwertung verbringen, aber ebenfalls mehr Körpersubstanz zur Energiegewinnung und Milchproduktion einschmelzen. Daraus resultiert ein niedrigerer BCS Wert verglichen mit Tieren, die gemäß einer geringeren Milchleistung weniger Futter aufnehmen und weniger Energie zur Milchproduktion aufwenden müssen. Roche et al. (2009) berichteten von positiven Korrelationen zwischen einer Verminderung von BCS und höherer Milchleistung.

Mittels der elektronischen SensOor®-Ohrmarken konnte das tägliche physiologische Verhalten der Tiere sehr gut abgebildet werden. In Kombination mit objektiv erhobenen funktionalen, Temperamentsmerkmalen und Leistungsdaten konnten genaue und tierindividuelle Profile erstellt werden. Hierbei konnten hochleistende Tiere mit gesteigertem Futteraufnahme- und

Verwertungspotenzial sowie mittlerem BCS von niedrigleistenden Tiere mit höherem BCS bei gesteigerter täglicher Liegezeit unterschieden werden. Besonders in der Praxis hat sich die Implementierung des SensOor<sup>®</sup>-Systems als Herdenmanagement-Tool bewährt. So konnten beispielsweise Brunstereignisse und Krankheiten frühzeitig erkannt werden. Ein weiterer Vorteil der elektronischen Verhaltensmessung von Milchkühen besteht in der unkomplizierten und verhältnismäßig kostengünstigen Erfassung wiederholter longitudinaler Datenstrukturen, welche zukünftig eine Analyse physiologischen Verhaltens auf quantitativ genetischer und genomischer Ebene zulassen.

## **AP2: Statistische Modellierung im Bezug zur Umwelt**

### *Weideverhalten*

In der vorliegenden Studie konnte gezeigt werden, dass die Weidegeschwindigkeit, die Präferenz, die Fütterung vor dem Weidegang, die Außentemperatur, die Aufwuchshöhe, der Leguminosenanteil und die Trockenmasse einen signifikanten Einfluss auf die Bissfrequenz hatten. In anderen Studien zum Weideverhalten wurde ebenfalls die Aufwuchshöhe als wichtigster Einflussfaktor auf die Bissfrequenz angeführt und es gilt je kürzer die Grasnarbe, desto höher die Bissfrequenz (Boland, 2011; Schrader et al., 2009).

Die Aufwuchshöhe der Grasnarbe beeinflusste zudem die Bissgröße sowie die Effizienz. Aufwuchshöhen von unter 5 cm führten zu reduzierten Bissgrößen. Diesen Zusammenhang beschrieb auch Stobbs (1973) in einer Studie zu verschiedenen Grünlandgrasnarben, die die Aufnahme organischer Masse unterschiedlich begrenzten.

Bezüglich der Präferenz von Gräsern, Kräutern und Leguminosen konnte gezeigt werden, dass diese signifikant durch die Weideeffizienz, die Aufwuchshöhe und die NEL abhängig war. Der signifikante Einfluss der Aufwuchshöhe auf die Präferenz der Kühe lässt sich unter anderem darin begründen, dass kürzere Grasnarben eine höhere Verdaulichkeit und NEL-Gehalte bei hohem Rohproteingehalt und niedrigem Rohfasergehalt aufweisen. Nußbaum (2016) erklärte den Zusammenhang zwischen gesteigerter Aufnahme von Leguminosen und einer gesteigerten täglichen Wiederkaudauer mit einer längeren Vergärbarkeit der Leguminosen. Mögliche Gründe für die Selektion von Leguminosen während des Grasens könnten positive Einflüsse auf die Regulierung des Pansen pH-Wertes sein (Dewhurst et al., 2003). Der Einsatz der Sensortechnologie leistete einen wertvollen Beitrag vor dem Hintergrund der vielfach diskutierten Frage (Porzig und Sambras 1991), durch welches Merkmal das Fressverhalten am besten abzubilden sei: die Bissfrequenz, die Bissgröße oder die Futteraufnahmedauer. Ein signifikanter Zusammenhang zwischen den drei Merkmalen konnte auf Basis des bestehenden Datenmaterials nicht festgestellt werden.

Ein weiteres Ziel war die Quantifizierung von Umwelteffekten, die auf die Weidemerkmale der DSN-Kuh einwirken. Hierbei konnte gezeigt werden, dass das Merkmal Bissfrequenz durch die Aufwuchshöhe und die Zufütterung vor dem Weidegang, die Außentemperatur und die Präferenz

beeinflusst wird. Die Bissgröße der Kühe wurde primär durch die Aufwuchshöhe bestimmt, während die Präferenz der Tiere von der Aufwuchshöhe und der NEL abhing. Darüber hinaus konnten Zusammenhänge zwischen Sensorverhalten (RUM, FEED) dem Fütterungsmanagement (Zufütterung), der Aufwuchshöhe, des Anteils vertrockneter Halme und der Außentemperatur festgestellt werden.

#### *Einfluss des Temperatur-Luftfeuchtigkeit-Indexes auf physiologische Parameter in DSN und HF*

Allgemein war der Einfluss der Leistungsparameter und der Umweltdeskriptoren auf die physiologischen Parameter stärker bei den DSN ausgeprägt als bei den HF. Dies könnte auf eine höhere Variabilität innerhalb der Merkmale in der Rasse im Vergleich zu intensiv selektierten HF-Genotypen hindeuten. Ein Großteil der phänotypischen Variabilität der physiologischen Parameter für Rektaltemperatur, Respirationsrate und Pulsrate bei DSN und der Oberflächentemperatur bei DSN und HF konnte durch die vorher gebildeten Sensibilitätsklassen erklärt werden. Falconer (1990) definierte die „Umweltsensibilität“ als Differenz der phänotypischen Parameter eines Tieres in zwei verschiedenen Umwelten, in Relation zum Merkmalsdurchschnitt aller Individuen in beiden Umwelten.

Die physiologische Varianz der Kühe innerhalb unterschiedlicher klimatischer Umgebungen könnte zudem ein „Re-Ranking“ der Tiere, abhängig von verschiedenen Umwelten, bedeuten. Zusätzlich können Unterschiede in der Sensibilität verschiedener Tiere mit der Stoffwechselrate und der Hormonsynthese, welche mit der Thermoregulation und Hitzeproduktion assoziiert ist, erklärt werden. Hierdurch wirken sich die unterschiedlichen Sensibilitätsstufen direkt auf physiologische Parameter wie eine Änderung der Körperoberflächentemperatur, der Respirationsrate oder dem Puls aus. Da die fixen Testtageeffekte die Varianz der physiologischen Parameter nur unzureichend erklärten, wird zu einem regelmäßigen direkten Monitoring der physiologischen Merkmale in Anbetracht wechselnder Umweltwirkungen geraten.

Deutliche Stressreaktion auf THI-Werte ( $>65$ ) oberhalb der thermoneutralen Zone äußerten sich durch erhöhte Rektaltemperaturen und Respirationsraten. Eine Einteilung in Laktationsstadien zeigte höhere Vaginaltemperaturen mit  $<70$  Laktationstagen. Auch andere Studien führten ähnliche THI-Grenzwerte (68) als belastbare Indikatoren für Hitzestress auf (Gauly et al., 2013). Im Gegensatz zur Rektaltemperatur sank die Pulsrate mit steigendem THI, was Kadzere et al. (2002) als natürliche Reaktion des Tieres erklärten, die Herzfrequenz und damit die Hitzeproduktion im Körper zu reduzieren. Bezüglich des THI wurde somit ein Grenzwert von  $>70$  als Indikator für Hitzestress in Abhängigkeit von der Pulsrate festgelegt.

Die Ergebnisse der Studie haben gezeigt, dass die physiologischen Parameter Rektaltemperatur, Körperoberflächentemperatur, Vaginaltemperatur, Respirationsrate und Pulsrate als verlässliche Indikatoren zur Identifizierung von Hitzestress bei Milchkühen und als wertvolles Tierwohlmerkmal eingesetzt werden können. Ab einem THI-Wert  $>65$  traten deutlich abnormale physiologische Veränderungen ein. Eine routinemäßige Erfassung dieser Parameter könnte zukünftig helfen,

Hitzestress frühzeitig zu identifizieren und Gegenmaßnahmen, wie die Installation von Ventilatoren, zu treffen. Weiterführend ist an eine Zuchtwertschätzung für Hitzetoleranz zu denken

#### **AP4: Genetische Parameter und Zuchtwerte**

##### *Multiple-Trait Modell*

Die additiv-genetischen Varianzen, Restvarianzen und Heritabilitäten für Milch-kg, SCS und FEQ für Tiere in DSN-Betrieben waren mit bekannten Werten aus HF-Studien vergleichbar. Deutliche Erblichkeitsunterschiede in Bezug zur Herdengröße reflektierten Ergebnisse von König et al. (2008), wo die additiv-genetische Varianz und die Erblichkeit von HF-Kühen mit der Betriebsgröße anstiegen. Auch bei DSN scheint somit die Begründung zu gelten, dass in Großbetrieben aufgrund modernster Managementbedingungen genetische Unterschiede besser deutlich werden und somit eine genauere genetische Differenzierung möglich ist. Weiter argumentieren Schierenbeck et al. (2011), dass bei einem geringeren Leistungsniveau genetische Unterschiede weniger ausgeprägt sind, was auch in der vorliegenden DSN-Studie in Bezug zur Stratifizierung des Datenmaterials nach durchschnittlicher Herdenmilchleistung (<30 kg/Tag) bestätigt wird. Auch höhere additiv-genetische Varianzen für Produktionsmerkmale innerhalb der Gruppe mit niedrigerem Kalbealter (H-KA: <38 Monate) als Indikator für vorteilhaftes Management bekräftigen die schon von Gernand et al. (2007) definierten Argumente zur Findung von Testherden. Darüber hinaus waren Heritabilitäten und additiv-genetische Varianzen für Leistungsmerkmale (Mkg) höher als für funktionale Gesundheitsindikatormerkmalen wie SCS und FEQ. Unterschiede in den additiv-genetischen Varianzen und Erblichkeiten in den Gruppen 1 und 2 für den gleichen Herdendeskriptor waren deutlicher für HF im Vergleich zu DSN oder dem gemischten Datensatz.

Die meisten Korrelationen im selben Merkmal übertrafen den von Robertson (1959) definierten Richtwert (0,80), welcher als Indikator für GUI angesehen wird. Die sehr niedrige genetische Korrelation bei Stratifizierung des Datenmaterials nach DSN-Genanteilen innerhalb der Herde lässt vermuten, dass neben der klassischen Umweltkomponente auch genetische Faktoren oder genomische Architekturen genetische Kovarianzen für das gleiche Merkmal, gemessen in verschiedenen Umwelten, beeinflussen. Hierzu gibt es bereits erste Ergebnisse basierend auf SNP-Markerdaten von Hochdurchsatztypisierungen, die es erlauben, Herden nach Allelfrequenzen oder Heterozygotieindizes zu gruppieren (Yin und König, 2018). Die genetischen Korrelationen für die geografischen Herdendeskriptoren Breitengrad und Höhenlage des Betriebes wiesen meist Werte > 0,80 auf, was darauf hindeutet, dass diese Umwelten sich nicht genug voneinander abgrenzen. Auch die Hypothese, dass genetische Verwandtschaften zwischen den Herdengruppen 1 und 2 genetische Korrelationen beeinflussen, konnte im DSN-Datenmaterial nicht bestätigt werden. Nichtsdestotrotz kann der Mehrmerkmalsansatz in einem Tiermodell zukünftig dazu beitragen, die optimale DSN-Genetik für distinkte Produktionssysteme in Europa zu finden.

##### *Parasitenresistenz*

Die Schätzung genetischer Parameter war die „Vorarbeit“ für genomische Studien, zeigte aber auch sehr interessante Ergebnisse, die auf genomischer Skala bestätigt wurden. Die geschätzte Erblichkeit für Leberegel liegt über dem von McClure et al. (2014) geschätzten Wert mit 0,14 in irischen Rinderpopulationen. Eine hohe genetische Korrelation ( $r_g = 1,00$ ) zwischen MDS und Dv impliziert, dass eine genetische Anfälligkeit für MDS mit einer gesteigerten Anfälligkeit für Dv einhergeht. Umgekehrt könnte die Selektion auf Resistenz für eines dieser beiden Merkmale eine höhere Resistenz für das jeweils andere nach sich ziehen. Dieses Phänomen wurde bereits in Studien an Schafen beobachtet, wo bei einer ansteigenden Resistenz gegenüber der Strongylidenart *Haemonchus contortus* auch weniger Eier anderer Strongylidenarten ausgeschieden wurden (Woolaston and Eady, 1995).

Eine positive genetische Korrelation wurde zwischen SCS und MDS festgestellt. Durch die positive genetische Korrelation zwischen SCS und MDS muss mit einer erhöhten Zellzahl in der Milch bei MDS-Befall gerechnet werden. Die negativen genetischen Korrelationen zwischen Milch-kg und Ausscheidungsraten der Endoparasiten zu Beginn der Laktation zeigen, dass eine Resistenzzucht mit höherer Produktivität in der Phase der negativen Energiebilanz in der Früh-laktation einhergeht. Eine Zucht auf „Leberegelresistenz“ als funktionales Merkmal mit mittlerer Erblichkeit könnte somit für Zuchtziele von schwarzbunten Milchkühen in Weideproduktionssystemen genutzt werden. Ein nachteiliger Effekt von Fh auf EBE und RZ wurde nicht verzeichnet.

#### **AP5: Identifikation genomischer Rassecharakteristika und genomweiten Assoziationen**

##### *Multi-Breed GWAS*

Die PCA-Ergebnisse der Genotypdaten spiegeln die geographischen Zuchtgebiete der schwarzbunten Kühe in Nordeuropa, und der Simmental und Brown Swiss in Südeuropa wieder. Somit scheinen hier maßgeblich geografische Faktoren die Clusterbildung zu beeinflussen. Obwohl enge genetische Verwandtschaften innerhalb der Schwarzbunten-, Brown Swiss- und Simmental-Linien plausibel erscheinen, warnen Wiener et al. (2004) davor, ausschließlich geographische Zuchtzentren als Hauptgrund genetischer Verwandtschaften zu betrachten. So konnte gezeigt werden, dass oftmals Rinderrassen mit ähnlicher geografischer Herkunft, wie das schottische Highland und Galloway, relativ unverwandt zu den, von den britischen Inseln stammenden, Dexter und Hereford waren. Ähnlichkeiten im bovinen Genom (ASD) der hochleistenden Rassen und der Zweinutzungsrassen zu exotischen Rinderrassen, wie Zebu, wurden in anderen europäischen Rinderrassen hervorgehoben. Dieses Phänomen wird auf das Migrationsverhalten verschiedener Stämme im Neolithikum zurückgeführt, wodurch Rinder über zwei Migrationsruten entlang dem Mittelmeer und der Donau vom fruchtbaren Halbmond nach Europa einwanderten (Gautier et al., 2010). So wurden in mitochondrialer DNA portugiesischer Rinderrassen afrikanische Zebu-Allele gefunden (Cymbron et al., 1999).

Die signifikanten SNPs auf Chromosom 14, welche mit dem *DGAT1* Gen assoziiert werden, zeigen, dass die multi-breed GWAS trotz geringer Tierzahlen plausible Ergebnisse liefert. Für das Merkmal RUM wurden zwei Gene mit dem signifikanten SNP auf Chromosom 21 assoziiert. Das Merkmal RUM zeigte einen signifikanten SNP, welcher mit zwei Genen assoziiert wurde. Dem *GPR86*-Gen (<60.000 Basenpaare unter SNP) wird eine positive Insulinregulierung als zelluläre Antwort auf Glukosestimulation zugesprochen, während das *CCDC8C*-Gen (SNP liegt im Gen) mit der Regulation zur Phosphorylierung von Proteinen assoziiert wird und in der Nähe eines Gens liegt, welches von Jahuey-Martínez et al. (2016) bereits mit Wachstumsmerkmalen bei Charolais assoziiert wurde.

Der signifikante SNP auf Chromosom 19 im Merkmal ACT wird mit dem *ANKFN1* Gen assoziiert (<250.000 Basenpaare), welches in Mäusen neuronales Verhalten beeinflusst (Smith et al., 2018). Der SNP auf Chromosom 26 liegt im *ACSL5* Gen, welches eine Rolle in der Aktivierung von Acetat für die Fettsynthese und Energiegewinnung spielt ([www.ensembl.org/biomart](http://www.ensembl.org/biomart)).

Für das Merkmal Indexklasse wurden insgesamt vier signifikante SNPs identifiziert, wovon einer im *SLC7A14* Gen auf Chromosom 1 und ein andere in der Nähe (<250.000 Basenpaare) vom *ADAM15* Gen auf Chromosom 3 liegt. Der signifikante SNP des Merkmals Indexklasse liegt auf dem *SLC7A14* Gen, welches ein Transportprotein kodiert, das die lysomale Aminosäureaufnahme regelt. Ein weiterer SNP des Merkmals Indexklasse auf Chromosom 3 wurde mit dem *ADAM15* Gen assoziiert, welches die subkutane Fettablagerung im Rind beeinflusst.

Die geschätzten genetischen Parameter der Verhaltensmerkmale waren für beide Ansätze (Pedigree, PGMIX) auf einem ähnlichen Level. Die geschätzten Heritabilitäten für RUM und FEED stimmen mit Ergebnissen aus anderen Studien (Byskov et al., 2017) überein, wo Erblichkeiten für Wiederkäuen von erstlaktierenden Holsteins im Bereich 0,14-0,44 lagen. Løvendahl and Munksgaard (2016) berichteten von moderaten Erblichkeiten (0,20) für die Futteraufnahme von HF. Die hohe Erblichkeit sowie additiv-genetische Varianz für Temp impliziert einen genetischen Einfluss auf körpereigene Mechanismen zur Thermoregulation. Besonders in (sub-) tropischen Breiten sind genetische Resistenzen gegenüber Hitzestress wichtige Zuchtkriterien. Liu et al. (2011) berichteten, dass Kühen die aufgrund eines bestimmten *ATP1A1* Allels genetische Überlegenheit in der körpereigenen Thermoregulierung zeigten.

Die geschätzten Erblichkeiten für ACT innerhalb der DSN-Population fielen sehr viel höher aus verglichen mit Literaturwerten in anderen Populationen (Ismael et al., 2015; Schöpke und Weigel, 2014). An diesem Punkt muss jedoch darauf hingewiesen werden, dass die Aktivitätsparameter mittels unterschiedlicher Geräte gemessen wurden. So basiert die Studie von Schöpke und Weigel (2014) auf 1171 Accelerometerdaten zur täglichen Aktivitätsmessung von Holsteinrindern. Interessanterweise berichteten Schöpke und Weigel (2014), dass die Erblichkeiten zu verschiedenen Zeitpunkten innerhalb des Zyklus der Kühe variierten. So waren die Heritabilitäten zur täglichen Aktivität geringer (0,05-0,03) als während der Brunst (0,12). Dies könnten Anhaltspunkte dafür sein, dass das alltägliche Aktivitätsverhalten von Rindern unter einem anderen genetischen Einfluss steht, als das gesteigert unruhige Verhalten während der Brunst. Erste

Anzeichen hierfür könnten unter Umständen auf genomischer Ebene gefunden werden. In der vorliegenden Studie konnten nur signifikante SNPs für das Merkmal ACT (Chr. 2, 19, 26), jedoch keine für HA gefunden werden.

### **AP8: Ökologischer Gesamtzuchtwert**

Die verschiedenen Zuchtplanungsszenarien zeigten deutliche Unterschiede im Hinblick auf diskontierte Gewinne, monetären Zuchtfortschritt in den einzelnen Merkmalen und diskontierte Kosten. Insbesondere das ökologische Zuchtprogramm zeichnete sich durch die geringsten diskontierten Kosten bei gleichzeitigem monetären Zuchtfortschritt im funktionalen Merkmal Körpergewicht. Körpergewicht ist ein sehr wichtiges Merkmal, wenn es darum geht, Weideeignung von Kühen zu bewerten (siehe Zuchtziele in Neuseeland). Zusätzlich konnte gezeigt werden, dass eine erfolgreiche Selektion auf funktionale Merkmale mit geringer Erblichkeit einer größeren Anzahl an Töchterleistungen bedarf. Nur mit großer Töchterzahl können Zuchtwerte zuverlässig geschätzt werden, um weiterführend diesbezüglich Zuchtfortschritt realisieren zu können. Willam et al., (2002) erachteten 100 Töchternachkommen pro Bulle als geeignete Kenngröße.

Ein weiterer wichtiger Faktor, der die Rentabilität der Zuchtprogramme beeinflusst, ist die Populationsgröße. Willam et al. (2002) zeigten, wie der diskontierte Gewinn einer kleinen Brown Swiss-Population bei gleicher Zuchtstrategie um 25% geringer ausfiel verglichen mit einer großen Simmental-Population. Besonders hohe variable Kosten in den KB-dominierenden Zuchtprogrammen erscheinen für eine kleine Zuchtpopulation nicht geeignet. Deutlich geringere Kosten bei moderaten jährlichen monetären Zuchtfortschritten waren hier für das O\_BP zu beobachten, welches in Anbetracht der geringen Populationsgröße der DSN bevorzugt werden sollte.

Die wichtigsten Kriterien, die die ökonomischen Parameter eines Zuchtprogramms einer kleinen Population beeinflussten, waren das Generationsintervall, genetische Korrelationen im selben Merkmal, ausgeprägte Zuchtfortschritte in funktionalen (!) Merkmalen (Reduzierung klinische Mastitis, höheres Körpergewicht, Fokus auf Langlebigkeit) und in diesem Zusammenhang umfangreiche Töchterinformationen pro Bulle.

### **AP10: Ergebnisverwertung**

Neben den wissenschaftlichen und praxisnahen Publikationen und entwickelten Selektionssinstrumenten (Zuchtwerten) sehen wir die verbesserte Rassecodierung als wesentlichen Punkt der Ergebnisverwertung.

Eigene Berechnungen zu genetischen Rasseanteilen der DSN und HF zeigten, dass überwiegend DSN-Tiere (Rassecode =10) aus den alten Bundesländern über mehr als den erlaubten HF-Fremdgenanteil von 10% verfügten. Dieses Ergebnis lässt deutliche Rückschlüsse auf unterschiedliche Zuchtstrategien in Ost- und Westdeutschland zu, mit nur wenigen „reinen“ DSN-Zuchtbetrieben im Westen. Bezüglich der Verwandtschaftsstrukturen zeigten insbesondere höher

leistende DSN-Milchkühe engere Verwandtschaften zu bedeutenden DSN-Bullenlinien. Dies deutet darauf hin, dass geprüfte und bekannte Milchmengenvererber über künstliche Besamung intensiv genutzt wurden und niedrileistendere Herden immer noch verstärkt Natursprungbullen einsetzen. Obwohl die Inzuchtsteigerung für DSN von 2006 bis 2011 bei lediglich 0,1% pro Jahr lag, sollte sie zukünftig kritisch beobachtet werden. Eine aus dieser Inzuchtsteigerung resultierende effektive Populationsgröße von nur 85 Tieren unterstreicht die Notwendigkeit eines Monitorings der DSN und weiterführend den Einsatz von Anpaarungsprogrammen unter Berücksichtigung der Inzuchtentwicklung. Für Milchleistungsmerkmale in der Früh-laktation konnten keine ausgeprägten Inzuchtdepressionen, weder für DSN noch für HF, nachgewiesen werden. Allgemein gingen höhere Inzuchtkoeffizienten mit einer Steigerung der Milch- und Fettleistung in allen drei Laktationen für HF einher. Von diesem Trend unterschieden sich die ersten beiden Laktationen der DSN, wo sich die tägliche Milchleistung des ersten Testtags mit zunehmenden Inzuchtkoeffizienten reduzierte. Die mittlere Verwandtschaft zwischen DSN und HF bestätigt mit 0,02% dass es sich um deutlich verschiedene Rassen handelt. Die Detailkenntnis zu Inzucht und Verwandtschaft ist notwendig, um über einen nun gezielt möglichen Kauf von Zuchtvieh und Bullensperma langfristige Diversität innerhalb der DSN Population zu erhalten.

## **6. Nutzen und Verwertbarkeit**

Der Partner UNI-G hat sich während der Projektlaufzeit immer an den in den Arbeitspaketen definierten Zielvorstellungen orientiert und zu allen Arbeitspaketen mit Verantwortlichkeit für UNI-G die entsprechenden Ergebnisse geliefert. Partner UNI-G im Verbund mit UNI-KS hatte wesentliche Aufgaben in der praktischen Organisation des Forschungsvorhabens (EU-weite Implementierung des SensOor®-Systems). Weiter hatte UNI-G eine dominierende Rolle in der Grundlagenforschung. Hierzu gehören insbesondere die geleisteten Arbeiten zur Identifizierung von Umweltdeskriptoren, der Erfassung funktionaler und physiologischer Tierwohl-Parameter in DSN-Herden, der quantitativ genetischen Analysen (borderless clustering für DSN), der genomweiten Assoziationsstudien für Sensormerkmale über Ländergrenzen hinweg und der ökonomischen Bewertung von Zuchtplanungsschemata. Weiter war UNI-G in Kooperationen mit den Zuchtverbänden bzw. partizipierenden Milchkuhbetrieben eingebunden. Hierzu gehören insbesondere die Evaluierung innerbetrieblicher Zuchtplanungsschemata und die Auswertungen zu etwaigen Genotyp-Umwelt-Interaktionen, die in der nationalen Zuchtwertschätzung zukünftig berücksichtigt werden sollten. Weiter hat UNI-G einen Rechenalgorithmus entwickelt, um die DSN-Genanteil korrekter zu bestimmen (siehe Jaeger et al., 2018, Züchtungskunde). Dieser Algorithmus sollte in Zukunft generell verwendet werden.

Es muss jedoch angemerkt werden, dass die Vielzahl an geleisteten Arbeiten nicht alleine durch 2-Org-Cows Drittmittelpersonal realisiert werden konnten. Gemäß den Inhalten der Arbeitspakete hatte Partner UNI-G eine 0,55 Doktorandenstelle beantragt, jedoch wurden auch Landesstellenanteile von UNI-G in beträchtlichem Umfang genutzt, um die Vorhabenbeschreibung

der wissenschaftlichen Arbeiten umzusetzen. Hier hatten Dr. Tong Yin und Dr. Kerstin Brügemann eine zentrale Rolle im Projekt. Aus dem 2-Org-Cows Budget wurde die Doktorandin Maria Jaeger (55% Anstellung) finanziert. Frau Jaeger wird zeitnah ihre Dissertation (Monographie) einreichen. Basis hierfür ist ihre Publikation in der Züchtungskunde, sowie eingereichte bzw. vorbereitete Beiträge in hochrangigen internationalen Fachzeitschriften (Animal, Applied Animal Behaviour, PlosOne). Allerdings konnte Frau Jaeger sich nicht auf alle Arbeitspakete fokussieren, für die Partner UNI-G Verantwortlichkeiten hatte. Für das Arbeitspaket der genomischen Studien zur Parasitenresistenz konnte die Doktorandin Katharina May eingebunden werden (Finanzierung über ein Schaumann-Stipendium). Der Doktorand Saeed Naderi fokussierte sich auf die Identifikation von Selektionssignaturen, also Orte auf dem Chromosom, die charakteristisch für Spuren der Selektion in der DSN-Population im Vergleich zu Holstein Friesian sind.

Der Nutzen der Ergebnisse liegt auch in der Verwendung der konzipierten Datenbank zum internationalen Datenaustausch und den Programmierungen zur routinemäßigen statistischen und quantitativ genetischen Auswertung der SensOor®-Daten (in Kooperation mit UNI-KS). Darüber hinaus hat Partner UNI-G durch seine Studien deutlich gemacht, welche methodischen Ansätze zur genomischen Auswertung elektronisch erfasster Verhaltensdaten zur Anwendung kommen sollten (Deregressed Proofs) und konkrete Vorschläge zum zuchtplanerischen Design kleiner vom Aussterben bedrohter Rinderpopulationen formuliert. Zusätzlich wurden entscheidende Management „Guidelines“, bezüglich einer unkomplizierten Tiergesundheitsbeurteilung in Praxisbetrieben entworfen. Dieses breite Methodenspektrum (unter anderem: multi-breed GWAS, Multiple-Trait Animal Model) inklusive der Programme zur Datenaufbereitung können für Routineanwendungen genutzt werden.

Das hier durchgeführte Forschungsvorhaben kann Modellcharakter für andere bedrohte Rassen haben, also Maßnahmen zur Erhaltungszucht mit einer zielgerichteten ökonomischen Ausrichtung auf Betriebsebene kombinieren. Hierbei muss federführend auf neue innovative Merkmale fokussiert werden, wie im vorliegenden Fall auf potenzielle Hitzeresistenz, Parasitenresistenz oder physiologisch vorteilhafte Verhaltensmuster des täglichen Wiederkäuens, des Fressens und von Ruhezeiten. Es ist bekannt, dass Züchter, anderer vom Aussterben bedrohter Rassen, ähnliche Strategien beabsichtigen, wie z.B. die Selektion auf bessere Fleischqualität beim Roten Höhenvieh. Nur dadurch kann sich eine Rasse mit wenigen Zuchttieren von großen Populationen abgrenzen. Das Projekt 2-Org-Cows scheint vor diesem Hintergrund die bisher ausführlichste Zuchtstudie im ökologischen Kontext zu sein. Von ähnlich umfassenden Studien bezüglich genetischer, genomischer und ökonomischer Analysen einer bedrohten Rinderrasse, sowie der umfangreichen Erfassung neuer funktionaler Tierwohlintikatoren, wurde nach unserem Kenntnisstand bisher nicht berichtet.

## 7. Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen

Die während der Projektlaufzeit unter Punkt 4. und 5. beschriebenen und diskutierten Ergebnisse, reflektieren die in der Vorhabenbeschreibung gesteckten Ziele sehr gut:

Es wurden umfangreiche funktionale Merkmale am Tier sowie eine Vielzahl von Umweltdeskriptoren erfasst (AP1). Im Bereich der Verhaltensmerkmale wurden elektronische Sensordaten (Wiederkäuen, Fressen, Schlafen, Aktiv, hochaktiv, Ohrtemperatur), Hygienesdaten (Euterverschmutzung, Verschmutzung Bein und Flanke), Weideverhaltensparameter (Bissfrequenz, Weidegeschwindigkeit, Bissgröße, Präferenzen von Kräutern/Leguminosen/Gras) und Interieur bzw. Temperamentsverhalten (Aggressivität, allgemeines Temperament während des Melkens, Rangordnung) wiederholt an den DSN-Kühen in Frankenhausen erfasst. Im Rahmen der Gesundheits- bzw. Tierwohlintikatoren wurden Parasitendaten (Eiausscheidung im Kot), physiologische Hitzestressindikatoren (Puls Rate, Respirationsrate, Rektaltemperatur, Vaginaltemperatur, Körperoberflächentemperatur), Lahmheitsscoring (Locomotion Score), Körperkonditionsdaten (Body Condition Score) sowie die Somatische Zellzahl und der Fett-Eiweiß-Quotient wiederholt an DSN-Kühen unterschiedlicher Betriebe erfasst. Weiter wurden Gesundheitsmerkmale der weiblichen Fruchtbarkeit in der Früh lactation erfasst und auch dafür genetische Parameter und Zuchtwerte geschätzt.

Zentrale Umweltdeskriptoren, die zugleich im zweiten Arbeitspaket (statistische Modellierung) zur Anwendung kamen, umfassten den Weideaufwuchs (gemessen mittels Platometer), die Weidezusammensetzung (Kräuter, Leguminosen, Gras), die Außentemperatur (gemessen mittels Wetterstation) und den Temperatur-Feuchtigkeits-Index (gemessen mit Datenloggern im Stall) auf dem Versuchsbetrieb in Frankenhausen. In AP1 konzentrierte sich die Datenanalyse überwiegend auf die am Tier erfassten funktionalen Merkmale unter Berücksichtigung von fixen Umwelteffekten (Außentemperatur). Es konnten signifikante Zusammenhänge zwischen dem Milchleistungsniveau der DSN und ihrem Wiederkäu-, Fress- und Schlafverhalten beobachtet werden. Auch Unterschiede im Verhalten (Aggressivität) korrelierten signifikant mit dem Rang, den ein Tier innerhalb der Herde belegte. Je ranghöher die Kühe waren, desto aggressiveres Verhalten zeigten sie gegenüber ihren Herdengefährtinnen.

Im zweiten AP wurde die Abhängigkeit normalverteilter Merkmale (Weideverhalten, physiologische Hitzestressparameter) von Faktorstufen fixer Effekte (Aufwuchshöhe, Weidezusammensetzung aus Gras/Leguminosen/Kräutern, Anteil vertrockneter Halme) sowie kategorialer Daten in gemischten und generalisiert gemischten Modellen betrachtet. Hierbei konnten signifikante Einflussfaktoren, wie die Aufwuchshöhe oder die Weidezusammensetzung auf das Weideverhalten der DSN-Kühe beobachtet werden. Zudem zeigten Random Regression Analysen deutliche physiologische Veränderungen in DSN-Kühen unter Einfluss eines kontinuierlich ansteigenden Temperatur-Feuchtigkeits-Indexes.

Für AP4 wurden Umweltdeskriptoren, die verschiedene DSN-Betriebe charakterisierten, zur Durchführung des Multiple-Trait Animal Models berücksichtigt. Die Betriebe wurden aufgrund ihrer Tierzahl, ihrer durchschnittlichen Milchleistung, ihrer durchschnittlichen somatischen Zellzahl, ihres durchschnittlichen Kalbealters, ihres durchschnittlichem DSN-Rasseanteils, ihres durchschnittlichen Deckbulleneinsatzes, ihres Breitengrades und ihrer Höhenlage in unterschiedliche Gruppen eingeteilt. Besonders für funktionale Merkmale (somatische Zellzahl, Fett-Eiweiß-Quotient) konnten Genotyp-Umwelt-Interaktionen anhand niedriger genetischer Korrelationen festgestellt werden. Insbesondere eine Einteilung der Betriebe nach Herdengröße und durchschnittlichem Kalbealter charakterisierte unterschiedliche Produktionsumwelten, was sogenannte Genotyp-Umwelt-Interaktionen widerspiegelte.

Wie in AP5 beschrieben, wurden Daten molekularen Ursprungs europäischer Zweinutzungsrinderrassen zur Identifikation von potenziellen Kandidatengenomen mittels einer genomweiten Assoziationsstudie verwendet. Hier wurden Besonderheiten im bovinen Genom für funktionale Merkmale (Wiederkäuen, Fressen, Schlafen, Aktivität, hochaktiv, Ohrtemperatur) und Parasitenresistenzen identifiziert und mit Kandidatengenomen assoziiert. Zusätzlich konnte die genetische Diversität der genotypisierten Rassen (DSN, HF, Doppelnutzung Rotbunt, Brown Swiss, polnische Friesian, Simmental, originales Braunvieh) untersucht und die Populationen mittels einer Hauptkomponentenanalyse stratifiziert werden. Für die Sensormerkmale Wiederkäuen, Schlafen und Aktivität wurden signifikante SNPs mit möglichen Kandidatengenomen assoziiert. Berechnete Allel-Sharing-Distanzen zeigten zudem genetische Verwandtschaften der europäischen Rinderrassen zu anderen Zweinutzungsrasen und darüber hinaus zu afrikanischen Zebu Rindern.

In AP8 wurde das Softwarepaket ZPLAN+ zur Simulation verschiedener Zuchtprogramme eingesetzt. Insgesamt wurden vier Zuchtplanungsszenarien für die DSN-Population auf Basis von ökonomischen Evaluierungskriterien verglichen. Es konnte gezeigt werden, dass ein ökologisches Zuchtprogramm, welches den Einsatz von Deckbullen vorsieht, aufgrund der geringen Kosten pro Tier bei gleichzeitig positivem Zuchtfortschritt für eine kleine Population besser geeignet ist als ein konventionelles Zuchtprogramm mit kostenintensiver Wartebullenhaltung. Zusätzlich waren das Generationsintervall, die Abwesenheit von Genotyp-Umwelt-Interaktionen und umfangreiche Leistungsdaten der Töchter wesentliche Einflussfaktoren, die den monetären Zuchtfortschritt in den einzelnen Merkmalen und die diskontierten Kosten beeinflussten. Weitere vorteilhafte Zuchtprogramme waren eine Kombination aus konventionellem und ökologischem Zuchtprogramm mit einem Deckbullenanteil zwischen 10% und 20%. Diese Szenarien waren jedoch auf Grund des Einsatzes von KB-Bullen und der damit einhergehenden Wartebullenhaltung mit höheren diskontierten Kosten verbunden.

Die unter AP10 gelisteten wissenschaftlichen Publikationen und wirtschaftlichen Aktivitäten dokumentieren eine umfangreiche Ergebnisverwertung. Wichtige Ergebnisse konnten mittels Publikationen in „peer-reviewed“ Journalen (u.a. Journal Animal Breeding and Genetics, Züchtungskunde, Animal) publiziert und auf internationalen (EAAP, internationale

Wissenschaftstagung in Freising) und nationalen (DGfZ, Frankenhausen Züchtertagung) Konferenzen vorgestellt werden. Die Publikation in der internationalen Fachzeitschrift *Animal* ist gar ein sogenanntes „invited paper“, da der Vortrag anlässlich der europäischen Tierzuchttagung in Tallinn in 2017 derart breites Interesse geweckt hat. Die im Rahmen des Projektes angestellte wissenschaftliche Mitarbeiterin, sowie die über ein Stipendium angestellte wissenschaftliche Mitarbeiterin, werden Ende 2018 zum Thema des Antrags promovieren. Gemeinsame Workshops mit anderen CoreOrganic Projekten (OrganicDairyHealth, ProPara), sowie nationale Abschlussworkshops gewährleisteten die wirtschaftliche Ergebnisverwertung. Zusätzlich wurde eine 2-Org-Cows Homepage designt und ein Informationsfilm über das Projekt online gestellt. Ein sogenannter „Trait Atlas“ (Organic Eprints) wurde erstellt, welcher die Erfassung aller im Projekt relevanten funktionalen Merkmale dokumentiert und Züchtern und Landwirten als nützliches Instrumentarium zur Tierwohlbeurteilung dient. Somit konnten gemäß Vorhabenbeschreibung alle definierten Meilensteine realisiert werden

## 8. Zusammenfassung

Das Forschungsvorhaben 2-Org-Cows sollte aufzeigen, dass auch in bedrohten Rassen zielgerichtete Zuchtarbeit und somit eine Verbesserung der funktionalen Merkmale (Parasitenresistenz, Eutergesundheit, Wiederkäu-, Fress-, Schlaf-, Aktivitäts-Verhalten) möglich ist. Eine effiziente Züchtung impliziert die Durchführung einer Zuchtwertschätzung im BLUP-Tiermodell. Zuchtwertschätzung wiederum ist nur möglich, wenn für die jeweiligen Merkmale hinreichende Erblichkeiten, insbesondere genetische Varianzen, vorliegen. Wesentlich war somit die Installation des Sensorsystems, welches durch eine Vielzahl wiederholter Messungen die Schätzung genetischer Parameter für neue Verhaltensmerkmale ermöglichte. In der doch kleinen Population der bedrohten DSN zeigte sich, dass ein ökologisches Zuchtprogramm auf Grund der variablen Kosten zu bevorzugen ist. Zucht in kleinen bedrohten Populationen impliziert zusätzliche Herausforderungen bzgl. des Managements von Inzucht zur Erhaltung genetischer Diversität. Kennzahlen umfangreicher genealogischen Studien haben hier deutlich den bedrohten Rassestatus aufgezeigt.

Umfangreich durchgeführte Schätzungen genetischer Parameter und genetischer Korrelationen im selben Merkmal für Testtagsleistungen waren ebenfalls von großer Bedeutung. So konnte gezeigt werden, dass die DSN-Zucht von Genotyp-Umwelt-Interaktionen geprägt ist und abhängig vom Betriebsmanagement und der Umwelt gezielt DSN-Bullen auszuwählen sind.

Als eine deutliche Innovation im Projekt wurde der gewählte multi-breed GWAS-Ansatz, unter Verwendung elektronisch gemessener Sensormerkmale (Wiederkäu-, Fress-, Schlaf-, Aktivitäts-, hochaktivem Verhalten), angesehen. Dieses Verfahren wurde bis jetzt nur für Milchleistungsdaten angewendet, jedoch noch nicht für bovine Verhaltensmerkmale. Die Identifizierung signifikanter SNPs und damit assoziierter potenzieller Kandidatengene implizieren kausale genetische Zusammenhänge, die auf Basis eines größeren Datenvolumens unbedingt vertieft und geprüft

werden sollten. In Folgeprojekten sollten somit weitere Ansätze erarbeitet werden, um Assoziationen zwischen Merkmalsausprägung, Betriebscharakteristika und Umwelten zu identifizieren.

## 9. Literaturverzeichnis

- Berry, D. P., Buckley, F., Dillon, P., Evans, R.D., Rath, M., Veerkamp, R.F. (2003): Genetic Relationships among Body Condition Score, Body Weight, Milk Yield, and Fertility in Dairy Cows. *Journal of dairy science*, 86: 2193-2204.
- Boland, H.T. (2011): *Grazing Behaviour Basics*. URL: [http://msucares.com/livestock/beef/stocker\\_apr2011.pdf](http://msucares.com/livestock/beef/stocker_apr2011.pdf) (22.02.2016)
- Browning, B.L., Browning, S.R. (2016): Genotype Imputation with Millions of Reference Samples. *American Journal of Human Genetics*, 98: 116-126.
- Bunn, A., Korpela, M. (2018): Crossdating in dpIR. URL: <https://www.google.com/search?q=Andy+Bunn%2C+Mikko+Korpela+Crossdating+in+dpIR.&ie=utf-8&oe=utf-8&client=firefox-b-ab> (accessed 21.07.2018)
- Byskov, M.V., Fogh, A., Løvendahl, P. (2017): Genetic parameters of rumination time and feed efficiency traits in primiparous Holstein cows under research and commercial conditions. *Journal of Dairy Science* 100: 9635–9642.
- Coffee, L., (1981): *Effect of environment on nutrient requirements of domestic animals*. National Academy Press, Washington D.C.
- Coppieters, W., Mes, T., Druet, T., Farnir, F., Tamma, N., Schrooten, C., Cornelissen, A., Georges M., Ploeger, H.W. (2009): Mapping QTL influencing gastrointestinal nematode burden in Dutch Holstein-Friesian dairy cattle. *BMC Genomics* 10:96.
- Cymbron, T., Loftus, R., Malheiro, M., Bradley, G. (1999): Mitochondrial sequence variation suggests an African influence in Portuguese cattle. *Proc R. Soc London Ser B* 266:597–603.
- Dewhurst, R.J., Evans, R.T., Scollan, R.T., Moorby, J.M., Merry, R.J., Wilkins, R.J. (2003): Comparison of Grass and Legume Silages for Milk Production. 2. In Vivo and In Sacco Evaluations of Rumen Function. *Journal of Dairy Science* 86: 2612-2621
- DHV, (2017): *Mitgliederversammlung- Hinweise/Regelungen zur Herdbucharbeit der Rasse DSN*. RBB.
- Falconer, D.S., Mackay, T.F.C. (1996): *Introduction to Quantitative Genetics*, 4. Pearson Education Limited, Harlow, England.
- Frevert, H., Yin, T., Simianer, H., König, S. (2014): Comparison of traditional and genomic breeding programs for organic and low input dairy cattle accounting for traits relevant in different macro-climatic zones. Department of Animal Breeding, University of Kassel.

- Friend, T.H., Polan, C.E. (1974): Social Rank, Feeding Behavior, and Free Stall Utilization by Dairy Cattle. *J. D. Sci.* 57:1214–1220.
- Gauly, M., Bollwein, H., Breves, G., Brügemann, K., Dänicke, S., Daş, G., Demeler, J., Hansen, H., Isselstein, J., König, S., Lohölter, M., Martinsohn, M., Meyer, U., Potthoff, M., Sanker, C., Schröder, B., Wrage, N., Meibaum, B., von Samson-Himmelstjerna, G., Stinshoff, H., Wrenzycki, C. (2013) Future consequences and challenges for dairy cow production systems arising from climate change in Central Europe – a review. *Animal* 7:843–859.
- Garrick, D.J., Taylor, J.F., Fernando, R.L. (2009): Deregressing estimated breeding values and weighting information for genomic regression analyses. *Genetics, selection, evolution: GSE* 41: 55. Accessed 6 June 2018.
- Gautier, M., Laloë, D., Moazami-Goudarzi, K. (2010): Insights into the Genetic History of French Cattle from Dense SNP Data on 47 Worldwide Breeds. *PLoS ONE* 5: e13038.  
doi:10.1371/journal.pone.0013038
- Gernand, E., Waßmuth, R., von Borstel, U.U. König, S. (2007): Heterogeneity of variance components for production traits in large-scale dairy farms. *Livestock Science* 112, 78
- Groeneveld, E., Kovac, M., Mielenz, M. (2010): VCE User's Guide and Reference Manual Version 6.0, Institute of Farm Animal Genetics Friedrich Loeffler Institute (FLI), Neustadt, Germany.
- Huth, F. (1995): *Laktation des Rindes*. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart, Germany
- ICAR. 2014. ICAR Recording Guidelines.  
[http://www.icar.org/Documents/Rules%20and%20regulations/ Guidelines/Guidelines\\_2014.pdf](http://www.icar.org/Documents/Rules%20and%20regulations/ Guidelines/Guidelines_2014.pdf)
- Ismael, A., Strandberg, E., Kargo, M., Fogh, A., Løvendahl, P. (2015): Estrus traits derived from activity measurements are heritable and closely related to the time from calving to first insemination. *Journal of Dairy Science* 98: 3470–3477.
- Jahuey-Martínez, F. J., Parra-Bracamonte, G. M., Sifuentes-Rincón, A. M, Martínez-González, J. C., Gondro, C., García-Pérez, C. A., López-Bustamante, L. A. (2016): Genomewide association analysis of growth traits in Charolais beef cattle. *Journal of Animal Science*, 94: 4570–4582.
- Jenko, J., Perpar, T., Kovač, M. (2015): Genetic relationship between the lifetime milk production, longevity and first lactation milk yield in Slovenian Brown cattle breed. *Mljekarstvo*, 65: 111-120
- Juga, J. (1996): Evaluation methods of subjectively scored functional traits in Finland. *Interbull Bull.* 14: 155–160.
- Kadzere, C., Murphy, M., Silanikove, N., Maltz, E. (2002): Heat stress in lactating dairy cows: a review. *Livestock Prod. Sci.* 77:59–91.
- Kern, E.L., Cobuci, J.A., Costa, C.N., McManus, C.M., Neto, J.B. (2015): Genetic association between longevity and linear type traits of Holstein cows. *Scientia Agricola*, 72: 203-209

- Kim, E.S., Sonstegard, T.S., Da Silva, Marcos, V.G.B., Gasbarre, L.C., Van Tassell, C.P. (2015): Genome-Wide Scan of Gastrointestinal Nematode Resistance in Closed Angus Population Selected for Minimized Influence of MHC. *PLoS One* 10:e0119380.
- König, S., Brügemann, K., Simianer, H., Swalve, H.H. (2008): Testherden in Zuchtprogrammen für Milchrinder 2. Mitteilung: Strategien zur Findung von Testherden. *Züchtungskunde* 80, 114–126.
- Lamb, R.C. (1975): Relationship Between Cow Behavior Patterns and Management Systems to Reduce Stress. *J. D. Sci.* 59:1630-1636.
- Li, M.X., Yeung, J.M., Cherny, S.S., Sham, P.C (2012): Evaluating the effective numbers of independent tests and significant p-value thresholds in commercial genotyping arrays and public imputation reference datasets. *Human Genetics*, 131: 747–56.
- Lind, B. (2007): Ableitung der Wirtschaftlichkeitskoeffizienten und optimalen Indexgewichte des Gesamtzuchtwertes für die deutschen Milch- und Zweinutzungsrasen unter Berücksichtigung aktueller und erwarteter zukünftiger Rahmenbedingungen. Dissertation, Fakultät für Agrarwissenschaften der Georg-August-Universität Göttingen, Mai 2007.
- Liu, Y., Li, D., Li, H., Zhou, X., Wang, G. (2011): A novel SNP of the ATP1A1 gene is associated with heat tolerance traits in dairy cows. *Molecular biology reports* 38: 83–88.
- Løvendahl, P., Munksgaard, L. (2016): An investigation into genetic and phenotypic variation in time budgets and yield of dairy cows. *Journal of Dairy Science* 99: 408–417.
- Madsen, P., Jensen, J. (2000): A User's Guide to DMU. Danish Inst. of Agr. Sci., Denmark
- McClure et al. (2014): Proceedings, 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production.
- Miglior, Muir, B.L., Van Doormaal, B.J. (2005): Selection Indices in Holstein Cattle of Various Countries. *Journal of Dairy Science*, 88: 1255-1263.
- National Research Council, (1971): A Guide to Environmental Research on Animal. National Academy of Sciences, Washington, DC.
- Nußbaum, H. (2016): Klee und Klee gras erfolgreich silieren. Juni 2016, URL: [https://webcache.googleusercontent.com/search?q=chae:U7s9nf6SsFMJ:https://www.landwirtschaft-bw.info/site/pbs-bw-new/get/documents/MLR.LEL/PB5Documents/lazbw\\_cl/Futterkonservierung/Klee%2520und%2520Klee gras%2520erfolgreich%2520silieren.pdf%3Fattachment%3Dtrue+%&cd=2&hl=de&ct=click&gl=de&client=firefox-b](https://webcache.googleusercontent.com/search?q=chae:U7s9nf6SsFMJ:https://www.landwirtschaft-bw.info/site/pbs-bw-new/get/documents/MLR.LEL/PB5Documents/lazbw_cl/Futterkonservierung/Klee%2520und%2520Klee gras%2520erfolgreich%2520silieren.pdf%3Fattachment%3Dtrue+%&cd=2&hl=de&ct=click&gl=de&client=firefox-b) (13.06.2016)
- Porzig, E., Sambras, H.H. (1991): Nahrungsaufnahmeverhalten landwirtschaftlicher Nutztiere. Berlin: Deutscher Landwirtschaftsverlag

- Purcell, S., Neale, B., Todd-Brown, K., Thomas, L., Ferreira, M.A.R. (2007): PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *American journal of human genetics* 81: 559–575.
- Reneau, J.K., Seykora, A.J., Heins, B.J, Endres, M.I., Farnsworth, R.J., Bey, R.F. (2005): Association between hygiene scores and somatic cell scores in dairy cattle. *J. Am. Vet. Med. Assoc.* 227:1297–1301.
- Robertson, A. (1959): The sampling variance of the genetic correlation coefficient. *Biometrics* 15, 469–485. 89.
- Roche, J.R., Friggens, N.C., Kay, J.K., Fisher, M.W., Stafford, K.J., Berry, D.P. (2009): Invited review: Body condition score and its association with dairy cow productivity, health, and welfare. *J. D. Sci.* 92:5769–5801.
- Roxström, A., Strandberg, E. (2002): Genetic analysis of functional, fertility-, mastitis-, and production-determined length of productive life in Swedish dairy cattle. *Livestock production science*, 74: 125-135.
- Sargolzaei, M., H. Iwaisaki und J.-J. Colleau (2006): CFC - A Software Package for Pedigree Analysis and Monitoring Genetic Diversity. User's Manual. Release 1.0.
- Schierenbeck, S., Reinhardt, F., Reents, R., Simianer, H., König, S. (2011): Identification of informative cooperators herds for progeny testing based on yield deviations. *J. Dairy Sci.* 94: 2071–2082
- Schöpke, K., Weigel, K.A. (2014): Use of Accelerometer Data for Genetic Evaluation in Dairy Cattle. *Interbull Bulletin*, 48: 68–72.
- Schrader, L., Bünger, B., Marahens, M., Müller-Arnke, I., Otto, C., Schäffer, D., Zerbe, F. (2009): Verhalten von Rindern. Juni 2016: URL: [https://www.ktbl.de/fileadmin/user\\_upload/artikel/Tierhaltung/Rind/Tierverhalten/Tierverhalten.pdf](https://www.ktbl.de/fileadmin/user_upload/artikel/Tierhaltung/Rind/Tierverhalten/Tierverhalten.pdf) (Stand: 16.06.2016)
- Sempéré, G., Moazami-Goudarzi, K., Eggen, A., Laloë, D., Gautier, M. (2015): WIDDE: a Web-Interfaced next generation database for genetic diversity exploration, with a first application in cattle. *BMC genomics* 16: 940.
- Smith, C.L., Blake, J.A., Kadin, J.A., Richardson, J.E., Bult, C.J. (2018): the Mouse Genome Database Group. Mouse Genome Database (MGD)-2018: knowledgebase for the laboratory mouse. *Nucleic Acids Res.* 2018 Jan. 4;46 (D1): D836–D842.
- Soriani, N., Trevisi, E., Calamari, L. (2012): Relationships between rumination time, metabolic conditions, and health status in dairy cows during the transition period. *J. Anim. Sci.* 90:4544–4554.

- Søndergaard, E., Sørensen, M.K., Mao, I.L., Jensen, J., (2018): Genetic parameters of production, feed intake, body weight, body composition, and udder health in lactating dairy cows. *Livestock production science*, 77: 23-34.
- Spengler Neff, A., Notz, C., Ivemeyer, S., Walkenhorst, M. Body Condition Scoring: <https://shop.fibl.org/CHde/1414-bcs-anleitung.html?ref=1> (20. Juni 2018).
- Stobbs, T.H. (1973): The effect of plant structure on the intake of tropical pastures. I. variation in the bite size of grazing cattle. *Australian Journal of Agriculture Research* 24: 809-819
- Van den Berg, I., Boichard, D., Lund, M.S. (2016): Sequence variants selected from a multi-breed GWAS can improve the reliability of genomic predictions in dairy cattle. *Genetics, selection, evolution*, 48: 83.
- Weigel, K.A., Rekaya, R. (2000): A Multiple-Trait Herd Cluster Model for International Dairy Sire Evaluation. *Journal of Dairy Science* 83, 815–821.
- Welfare Quality assessment Microsoft Word - Old cattle protocol without veal calves- 120809 - PPN. Accessed 22 February 2018.
- Wiener, P., Burton, D. Williams, J.L. (2004): Breed relationships and definition in British cattle: a genetic analysis. *Heredity (Edinburgh)* 93: 597–602.
- Willam, A., Egger-Danner, C., Solkner, J., Gierzinger, E. (2002): Optimization of progeny testing schemes when functional traits play an important role in the total merit index. *Livestock production science*, 77: 217-225.
- Woolaston, Eady, (1995): IN: Gray, Woolaston, Eaton (Eds.): Breeding for Resistance to infectious diseases in small ruminants. Australian Centre of International Agricultural Research. Canberra, Australia, 1-12.
- Yang, J., Lee, S.H., Goddard, M.E., Visscher, P.M. (2011): GCTA: a tool for genome-wide complex trait analysis. *American journal of human genetics* 88: 76–82.
- Yin, T., König, S. (2018): Heritabilities and genetic correlations in the same traits across different strata of herds created according to continuous genomic, genetic and phenotypic descriptors. *Journal of Dairy Science* 101, 2171–2186.
- Zavadilová, L., Zink, V. (2013): Genetic relationship of functional longevity with female fertility and milk production traits in Czech Holsteins. *Czech journal of animal science*, 58: 554–565.
- Zinpro Corporation., 2018. <http://www.zinpro.com/lameness/dairy> (20. Juni 2018).

## 10. Veröffentlichungen

Siehe die in AP10 (Arbeitspaket der wissenschaftlichen und wirtschaftlichen Verwertung) aufgeführten wissenschaftlichen Veröffentlichungen