

## **Investigations on breeding plans, genetic parameters for health traits, and QTL for persistency traits in dairy cattle**

vorgelegt von: Dipl.-Ing. agr. Birte Harder

Institut für Tierzucht und Tierhaltung der Christian-Albrechts-Universität, Kiel

Erster Berichterstatter: Prof. Dr. Dr. h.c. mult. E. Kalm

Die Ziele der vorliegenden Arbeit bestanden zum einen in der Evaluierung von verschiedenen Zuchtstrategien für die Rinderzucht im ökologischen Landbau und zum anderen in der Ermittlung des Einflusses fehlender Vaterinformationen auf verschiedene Parameter der Zuchtwertschätzung. Weiterhin wurden Varianzkomponenten für vier verschiedene Krankheitsmerkmale sowie deren Beziehung zu Merkmalen der Persistenz ermittelt. Abschließendes Ziel war die Ermittlung von quantitative trait loci (QTL) für verschiedene Persistenzmerkmale.

Im ersten Kapitel werden verschiedene Zuchtstrategien für die ökologische Rinderzucht aufgezeigt. Die Auswertung berücksichtigte den Einfluss des Anteils künstlicher Besamung, der Höhe der Testkapazität sowie der Höhe der ökonomischen Gewichte für die funktionalen Merkmale sowohl auf den monetären als auch auf den naturalen Zuchtfortschritt.

In Kapitel 2 der vorliegenden Arbeit wird der Einfluss fehlender Vaterinformationen auf die Varianz der Yield Deviation, der Daughter Yield Deviation und der Zuchtwerte mittels einer stochastischen Simulation untersucht. Darüber hinaus erfolgte die Evaluierung des Anteils fehlender Abstammung auf den Selektionserfolg. Der Anteil fehlender Vaterinformationen wurde in vier Stufen von 10 bis 40 % variiert, während für die Höhe der Heritabilität zwei Werte ( $h^2 = 0,25$  und  $h^2 = 0,10$ ) analysiert wurden. Die Untersuchung konnte den negativen Einfluss fehlender Vaterinformationen auf den Selektionserfolg, basierend auf dem Varianzurückgang, insbesondere bei niedrig erblichen Merkmalen, aufzeigen.

Im dritten Kapitel erfolgte die Schätzung von Varianzkomponenten sowie Zuchtwerten für Euter-, Fruchtbarkeits-, Stoffwechsel- und Klauenerkrankungen aus der gelenkten Feldprüfung. Hierfür wurden Schwellenwert-Vatermodelle verwendet. Die geschätzten  $h^2$ -Werte lagen zwischen 0,04 und 0,12 je nach Modell und Merkmal. Zusätzlich erfolgte die Ermittlung der Beziehungen zwischen verschiedenen Persistenzmerkmalen und vier Krankheitsmerkmalen. Die genetischen Korrelationen zwischen der Persistenz Milch und Klauen- und Gliedmaßenenerkrankungen waren hoch signifikant, während signifikante Korrelationen zwischen der Persistenz Milch und Stoffwechselerkrankungen, sowie der Persistenz Milch und Fruchtbarkeitserkrankungen geschätzt wurden.

In Kapitel 4 wurde ein Genomscan durchgeführt, um zu ermitteln, ob QTL für die Persistenz Milch, Persistenz Fett, Persistenz Eiweiß und für die Persistenz der Milchenergie in der untersuchten Population segregieren. Für die QTL-Analyse wurde das ADR Granddaughter Design verwendet. Das Design enthält 16 väterliche Halbgeschwistergruppen der Rasse Deutsche Holsteins mit insgesamt 872 Vätern. Die Analyse erfolgte getrennt für die erste Laktation und für die ersten drei Laktationen. Die Ergebnisse zeigten QTL für alle vier Persistenzmerkmale in beiden Datensätzen. Insgesamt konnten 34 chromosomweit signifikante QTL ermittelt werden. Zwei genomweite QTL wurden für die Persistenz Milch in der ersten Laktation (Chromosom 14) und für die Persistenz Fett in der ersten Laktation (Chromosom 18) gefunden.