

## **Genetic Analysis of Health Traits in German Holstein Dairy Cattle**

Vorgelegt von: Dipl.-Ing. agr. Dirk Hinrichs

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

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

Begünstigt durch ein hoch entwickeltes System der Milchleistungsprüfung konnten die dort erfassten Merkmale deutlich verbessert werden. Gleichzeitig kam es zu einer Verschlechterung der Gesundheitsmerkmale. Einer der Gründe hierfür ist in der unzureichenden Leistungsprüfung für diese Merkmale zu sehen. Der Schwerpunkt der vorliegenden Arbeit war die genetische Analyse von Gesundheitsmerkmalen. Hierzu wurden zum einen Klauenmaße von Jungbulln aus der Eigenleistungsprüfung verwendet und zum anderen wurden auf drei Milchviehbetrieben über einen Zeitraum von fünf Jahren alle Behandlungen im Rahmen der Tiergesundheit aufgezeichnet.

In Kapitel 1 dieser Arbeit wird die genetische Analyse der Klauenmaße Dorsalwandlänge, Trachtenwandlänge, Trachtenhöhe, Diagonale, Dorsalwandwinkel und Klauenhärte beschrieben. Alle Klauenmaße wurden an einer Vorder- und einer Hintergliedmaße gemessen. Die Heritabilitäten der Klauenmaße lagen zwischen 0,00 und 0,45 und waren an der vorderen Gliedmaße tendenziell höher. Die genetische Korrelation zwischen Vorder- und Hintergliedmaße schwankte zwischen 0,14 und 0,99. Die Rangkorrelationen zwischen den geschätzten Klauenzuchtwerten liegen zwischen  $-0,65$  und  $0,64$ . Abschließend wurden Rangkorrelationen zwischen den geschätzten Klauenzuchtwerten und einigen Exterieur- und Nutzungsdauer Zuchtwerten der offiziellen Zuchtwertschätzung ermittelt. Diese Rangkorrelationen variierten zwischen  $-0,27$  und  $0,32$ .

Das zweite Kapitel befaßt sich mit der genetischen Analyse der Mastitisanfälligkeit. Die Heritabilitäten und Zuchtwerte wurden mit Laktationsabschnitts-Schwellenwertmodellen und Testtags-Schwellenwertmodellen geschätzt. Die genetischen Korrelationen zwischen der Mastitisanfälligkeit und den Merkmalen der Milchleistungsprüfung wurden mit einem linearen Testtagsmodell ermittelt. Die Heritabilität der Mastitisanfälligkeit variierte zwischen 0,05 und 0,09. Die mittleren Relativzuchtwerte der Mastitisanfälligkeit lagen zwischen 100 und 102. Allerdings war die Differenz zwischen minimalen und maximalem Zuchtwert in den Testtags-Schwellenwertmodellen größer. Die Rangkorrelationen zwischen den verschiedenen Modellen lagen zwischen 0,51 und 0,93. Es zeigte sich eine unerwünschte positive genetische Korrelation zwischen der Mastitisanfälligkeit und den Merkmalen der Milchleistungsprüfung, die zwischen 0,20 und 0,84 lag.

In den Kapiteln drei und vier werden genetische Analysen von Erkrankungskategorien vorgestellt. Hierzu wurden ähnliche Modelle wie in Kapitel zwei verwendet. Außerdem wurden die Erkrankungen im Verlauf der Laktation dargestellt. Der Einfluß der Datenerfassung und der Anzahl der Töchter pro Bulle wurde untersucht. In Kapitel 3 lagen die Heritabilitäten der Erkrankungskategorien zwischen 0,01 und 0,16. Die höchsten Heritabilitäten konnten für Stoffwechselerkrankungen geschätzt werden, gefolgt von Euter-, Fruchtbarkeits- und Klauen- und Gliedmaßenerkrankungen. Die genetischen Korrelationen zwischen den verschiedenen Erkrankungskategorien variierten zwischen  $-0,18$  und  $0,82$ . Die in Kapitel vier geschätzten Heritabilitäten waren höher, besonders die der Euter- und der Stoffwechselerkrankungen. Bei den Euter- und Stoffwechselerkrankungen wurden Heritabilitäten zwischen 0,12 und 0,25 geschätzt. Des weiteren zeigen die in den Kapiteln drei und vier vorgestellten Ergebnisse, dass sich Krankheitsdaten auf Praxisbetrieben erheben lassen, und dass sich die Datenerfassung auf den Laktationsanfang, zum Beispiel die ersten 50 Tage nach der Kalbung, konzentrieren sollte.