

Genetic parameters and genomic evaluation of feed intake and energy balance in German dairy cows

Imke Harder

1. Berichterstatter: Prof. Dr. G. Thaller

Die Futteraufnahme ist ein neues und züchterisch sehr interessantes Merkmal u.a. für die Gesunderhaltung der Milchkühe. Eine Berücksichtigung der Futteraufnahme im Zuchtziel bei Milchkühen ist aus verschiedenen Gründen sinnvoll. Zum einen ist die Fütterung für einen großen Anteil der Kosten in der Milchproduktion verantwortlich und zum anderen wirkt sich die Futteraufnahme direkt auf die Energiebilanz in der Früh-laktation aus. Der stärkere Anstieg der Milchleistung im Vergleich zur Futteraufnahme führt zu einer Diskrepanz zwischen Energiebedarf und Energieverbrauch, die in einem Energiedefizit resultiert. Körperreserven werden genutzt um dieses auszugleichen. Bedingt durch die extrem hohe Milchleistung ist das Energiedefizit zu Laktationsbeginn besonders stark ausgeprägt und kann zu Stoffwechselkrankheiten führen.

Eine Erhöhung der Futteraufnahme, insbesondere zu Laktationsbeginn, könnte die negative Energiebilanz ausgleichen und den Gesundheitsstatus der Hochleistungsmilchkühe verbessern. Mit dem Projekt „optiKuh“ wurde ein einzigartiger Verbund von Versuchsbetrieben zur Messung der Futteraufnahme und darauf aufbauend zur genomischen Selektion geschaffen. Hierfür wurden in **Kapitel 1** zunächst die Daten deskriptiv aufbereitet. Verschiedene fixe und zufällige Regressionsmodelle wurden getestet, um das am besten geeignete Modell für die Merkmale Futteraufnahme und Energiebilanz für weitere Analysen auszuwählen. Für die fixe Laktationskurve wurde die Ali und Schaeffer-Variante und für den zufälligen Effekt der Kuh das Legendre Polynom 3. Grades gewählt. Die berechneten Wiederholbarkeiten lagen in einem sehr hohen Bereich.

Diese Ergebnisse wurden in **Kapitel 2** genutzt und eine Lernstichprobe, bestehend aus Phänotypen und Genotypen von insgesamt 1,163 Holstein-Friesian Kühen für die Merkmale Futteraufnahme und Energiebilanz aufgebaut. Zudem standen Daten von insgesamt 262 Fleckvieh Kühen zur Verfügung, welche jedoch aufgrund der noch zu geringen Anzahl für die genomische Zuchtwertschätzung nicht genutzt werden konnten. Nach einer umfassenden Qualitätskontrolle der Genotypisierungsergebnisse konnte mithilfe des Programms DMU eine Schätzung der Varianzkomponenten sowie eine Zuchtwertschätzung für zwei Datensätze – zum einen ein pedigree-basierter Datensatz und zum anderen ein kombinierter Datensatz aus Pedigree- und Genotypinformation („single-step“) – durchgeführt werden.

Die mit Einbeziehung der genomischen Information geschätzten Heritabilitäten für Futteraufnahme und Energiebilanz befanden sich in einem mittleren Bereich und wiesen zu Laktationsanfang ein höheres Niveau im Vergleich zu den konventionellen Daten auf. Die genetischen Korrelationen zwischen Anfang und Ende der Laktationen waren in beiden Datensätzen und für beide Merkmale gering. Mit der anschließend durchgeführten Zuchtwertschätzung konnten adäquate Sicherheiten für beide Merkmale generiert werden. Für Tiere mit einer nur geringen Anzahl an Wochenmittelwerten ergaben sich mit der kombinierten Variante in beiden Merkmalen z.T. substantiell höhere Sicherheiten im Vergleich zu der pedigree-basierten Alternative. Lagen allerdings mehr als 40 Wochenmittelwerte vor, so konnten höhere Sicherheiten mit der pedigree-basierten Methode beobachtet werden. Darüber hinaus konnten hinreichende Genauigkeiten für Tiere, für die keine Phänotypen vorlagen, durch die Einbeziehung von genomischer Verwandtschaft berechnet werden.

In **Kapitel 3** wurde zusammengefasst und diskutiert, dass es unter anderem anhand dieser Ergebnisse möglich ist, auf eine höhere Futteraufnahme und eine verbesserte Energiebilanz zu Laktationsbeginn zu selektieren und diese in das Zuchtziel der Milchkuh zu integrieren.

lid, 2. Mai 2013
G. Thaller