

Phenotypic and genetic parameters for feed efficiency-related traits and their relationship with liability to diseases in German dairy cows

M. Sc. Viktoria A. E. Becker

1. Berichterstatter: Prof. Dr. Georg Thaller

Das Ziel dieser Dissertation war es, die phänotypischen und genetischen Beziehungen zwischen Produktionsmerkmalen, die die Futtereffizienz einer Milchkuh beeinflussen, und der Krankheitsanfälligkeit einer Milchkuh im Verlauf der Laktation zu untersuchen. Dazu wurden Daten von Milchkuhen der Rasse Deutsche Holstein und Fleckvieh, die in den Verbundprojekten optiKuh und eMissionCow erhoben wurden, genutzt.

In Kapitel 1 wurden die phänotypischen Beziehungen zwischen den Produktionsmerkmalen Trockenmasseaufnahme, Futterenergieaufnahme, energiekorrigierte Milchleistung sowie Energiesaldo und folgenden vier Erkrankungskomplexen untersucht: Mastitis, Erkrankungen der Klauen und Gliedmaßen, Stoffwechselstörungen und Gesamterkrankungen. Dafür wurden zunächst die heterogenen Gesundheitsdaten standardisiert und binär codiert. Anschließend wurden zur Analyse der Erkrankungskomplexe „threshold random regression“ Modelle und zur Analyse der Produktionsmerkmale „linear random regression“ Modelle entwickelt. Die phänotypischen Beziehungen wurden mit Hilfe von Korrelationen zwischen Kuheffekten im Verlauf der Laktation für die Rasse Deutsche Holstein und Fleckvieh geschätzt. In beiden Rassen waren fast alle Korrelationen negativ, vor allem in der Früh-laktation, in der die meisten Erkrankungen auftraten. Die Wiederholbarkeit der Merkmale war moderat bis hoch. Die Ergebnisse verdeutlichten, dass bei der anschließenden Untersuchung von genetischen Beziehungen ein besonderes Augenmerk auf die Früh-laktation gelegt werden sollte, da die Krankheitsanfälligkeit einer Milchkuh in diesem Laktationsstadium am höchsten ist.

In Kapitel 2 wurden die genetischen Beziehungen zwischen der Residualenergieaufnahme, dem Energiesaldo und dem Erkrankungskomplex „Gesamterkrankungen“ mit Hilfe von Pedigreedaten für die Rasse Deutsche Holstein untersucht. Die Korrelationen zwischen geschätzten Zuchtwerten für die Residualenergieaufnahme und dem Energiesaldo waren hoch, was vermuten lässt, dass sie ähnliche Merkmale darstellen. Die Heritabilitäten für beide Merkmale schwankten zwischen 0,12 und 0,39 im Verlauf der Laktation. Sowohl die Residualenergieaufnahme als auch der Energiesaldo wiesen unterschiedliche genetische Korrelationen zwischen verschiedenen Laktationsstadien auf. Dies deutet darauf hin, dass es sich um genetisch unterschiedliche Merkmale im Verlauf der Laktation handelt. Sowohl die Korrelationen zwischen Zuchtwerten für die Residualenergieaufnahme als auch für den Energiesaldo und den Zuchtwerten für die Gesamterkrankungen waren negativ, insbesondere in der Früh-laktation. Eine genauere Betrachtung der ersten 50 Laktationstage zeigte, dass die 10 % der Kühe mit dem niedrigsten Zuchtwert für die Residualenergieaufnahme doppelt so viele erkrankte Laktationstage in allen Erkrankungskomplexen aufwiesen, als die 10 % der Kühe mit dem höchsten Zuchtwert für die Residualenergieaufnahme.

In Kapitel 3 wurden die genetischen Beziehungen zwischen den Produktionsmerkmalen Trockenmasseaufnahme, energiekorrigierte Milchleistung, Energiesaldo sowie Residualenergieaufnahme und den vier Erkrankungskomplexen im Verlauf der Laktation in beiden Rassen untersucht. Dafür wurde für jede Rasse ein erweiterter Datensatz erstellt und sowohl Pedigree- als auch SNP-Daten verwendet. Die (Ko-)Varianzkomponenten wurden mit univariaten oder bivariaten „random regression“ Modellen geschätzt. Wenn die bivariaten Modelle nicht konvergierten, wurden Korrelationen zwischen genomisch verstärkten Zuchtwerten geschätzt, um eine Annäherung an die genetischen Korrelationen zu erhalten. Die Sicherheiten dieser Zuchtwerte waren akzeptabel. Die Heritabilität für die Trockenmasseaufnahme schwankte zwischen 0,14 und 0,23 für die Rasse Deutsche Holstein und zwischen 0,04 und 0,21 für die Rasse Fleckvieh. Für die Rasse Deutsche Holstein lagen die genetischen Korrelationen zwischen der Trockenmasseaufnahme und den Gesamterkrankungen in den ersten 50 Laktationstagen zwischen -0,71 und -0,20. Auch alle anderen geschätzten genetischen Beziehungen waren negativ, insbesondere in der Früh-laktation. Die Ergebnisse für die Rasse Fleckvieh unterschieden sich von denen für die Rasse Deutsche Holstein. Es konnten keine genetischen Beziehungen zwischen Produktionsmerkmalen, die die Futtereffizienz beeinflussen, und der Krankheitsanfälligkeit von Milchkuhen festgestellt werden. Daher ist eine Studie mit mehr Daten für die Rasse Fleckvieh nötig, um die Gründe für diese Ergebnisse zu klären.