

Universität für Bodenkultur Wien
University of Natural Resources and Life Sciences, Vienna
Department für Nachhaltige Agrarsysteme
Institut für Nutztierwissenschaften



Universität für
Bodenkultur Wien



Department für
Nachhaltige Agrarsysteme

Genetische Parameter sowie Genotyp-Umwelt-Interaktionen verschiedener österreichischer Milchproduktionssysteme für die Rasse Fleckvieh

Masterarbeit der Studienrichtung Nutztierwissenschaften

Elisabeth Reiter BSc

Betreuer:

Priv.-Doz. Dipl.-Ing. Dr.nat.techn. Birgit Fürst-Waltl

Dipl.-Ing. Dr. Christina Pfeiffer

Wien, im September 2016

Eidesstattliche Erklärung

Ich erkläre eidesstattlich, dass ich die Arbeit selbständig angefertigt, keine anderen als die angegebenen Hilfsmittel benutzt und alle aus ungedruckten Quellen, gedruckter Literatur oder aus dem Internet im Wortlaut oder im wesentlichen Inhalt übernommenen Formulierungen und Konzepte gemäß den Richtlinien wissenschaftlicher Arbeiten zitiert, durch Fußnoten gekennzeichnet bzw. mit genauer Quellenangabe kenntlich gemacht habe.

Wien,

Ort, Datum

Unterschrift (Elisabeth Reiter BSc)

Danksagung

Zunächst möchte ich mich bei meinen beiden Betreuerinnen Dr. Birgit Fürst-Waltl und Dr. Christina Pfeiffer für die immense Unterstützung beim Verfassen dieser Masterarbeit bedanken. Mein besonderer Dank gilt Dr. Christina Pfeiffer für ihre Geduld und Hilfe bei den statistischen Auswertungen.

Weiter möchte ich mich noch bei der ZuchtData und Dr. Christian Fürst für die Berechnung der Yield Deviations und der de-regressierten Zuchtwerte sowie für die Bereitstellung der Daten bedanken, als auch bei Dr. Reiner Emmerling für die Bereitstellung der Herdenjahreseffekte.

Meiner Familie, insbesondere meinen Eltern, die mir mein Studium ermöglicht und mich in all meinen Entscheidungen unterstützt haben gilt ein besonderer Dank. Herzlich bedanken möchte ich mich auch bei meinem Freund Michael, der mich immer wieder ermutigte und motivierte.

Diese Danksagung wäre nicht komplett ohne ein Dankeschön an alle die Menschen, die ich im Laufe meines Studiums kennengelernt habe und die meine Studienzeit so besonders und unvergesslich machten.

Diese Arbeit wurde im Rahmen des Projektes OptiGene (Optimierung der langfristigen züchterischen Entwicklung der österreichischen Rinderrassen unter besonderer Berücksichtigung der Gesundheit und der genomischen Selektion, Projekt 100808) durchgeführt und vom Bundesministerium für Land- und Forstwirtschaft, Umwelt und Wasserwirtschaft sowie der Zentralen Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter und den Rassenarbeitsgemeinschaften für Fleckvieh, Braunvieh, Pinzgauer und Grauvieh finanziell unterstützt .

Kurzfassung

Das Ziel dieser Masterarbeit war es, verschiedene österreichische Milchproduktionssysteme hinsichtlich genetischer Parameter zu vergleichen und auf das Auftreten von Genotyp-Umwelt-Interaktionen zu untersuchen. Diese Milchproduktionssysteme sollten sich sowohl in der Bewirtschaftungsart als auch der Intensität des Managementniveaus unterscheiden. Somit wurden drei unterschiedliche Produktionssysteme definiert: ein biologisch wirtschaftendes (BIO) und zwei konventionell wirtschaftende Produktionssysteme, die anhand des Herdenjahreseffektes der Routinezuchtwertschätzung Milch in eine konventionelle Gruppe mit hohem Managementniveau (konventionell hoch, KonH) und eine konventionelle Gruppe mit niedrigem Managementniveau (konventionell nieder, KonN) eingeteilt wurden. Mithilfe eines multivariaten approximativen Zweischrittansatzes wurden unter Verwendung von Fleckvieh Pseudophänotypen für jedes Produktionssystem Heritabilitäten und genetische Korrelationen für alle berücksichtigten Merkmale (Milch-, Fett- und Eiweiß-kg, Persistenz, funktionale Nutzungsdauer, Zellzahl, Melkbarkeit, Eutergesundheitswert und Fruchtbarkeitswert) geschätzt. Zudem wurden die Genotyp-Umwelt-Interaktionen zwischen den Produktionssystemen berechnet.

Die Heritabilitäten der einzelnen Produktionssysteme unterschieden sich wenig. Die höchsten Werte wurden in KonH festgestellt. Die meisten Produktionsmerkmale korrelierten unerwünscht mit den Fitnessmerkmalen. In KonN war diese antagonistische Beziehung am stärksten ausgeprägt, während in den Produktionssystemen BIO und KonH ähnliche Werte geschätzt wurden. Zwischen den Produktionssystemen wurden in den meisten Merkmalen hohe genetische Korrelationen ($\geq 0,93$) ermittelt. Nur für die funktionale Nutzungsdauer und den Fruchtbarkeitswert wurden niedrigere Werte (0,42 – 0,83 bzw. 0,85 – 0,93) geschätzt, die auf Genotyp-Umwelt-Interaktionen hinweisen. Aufgrund hoher Standardfehler bzw. fehlender Signifikanz dürfen diese Werte jedoch nicht überbewertet werden.

Abstract

The objectives of this master thesis were the comparison of different Austrian milk production systems regarding genetic parameters of different production and fitness traits and to estimate the occurrence of genotype by environment interactions between production systems. On the basis of different farming methods and intensities of farm management three different production systems were defined: one organic production system (BIO) and two conventional production systems which were divided in a conventional production system with high level of farm intensity (KonH) and a conventional production system with low level of farm intensity (KonN) according to the herd-year-effect of the routine genetic evaluation for milk yield. A multivariate approximate two-step procedure applied to Fleckvieh pseudo-phenotypes was used to estimate heritabilities and genetic correlations between the considered traits (milk, fat and protein yield, persistency, functional longevity, somatic cell count, milkability, udder health index and fertility index). Furthermore, genotype-environment-interactions were estimated between the production systems.

Heritabilities were rather similar in all production systems. The highest heritabilities were estimated in the conventional production system with high level of farm intensity. Genetic correlations between production and fitness traits were unfavourable in most cases. In the conventional production system with low level of farm intensity antagonistic relationships were more pronounced while the values of the conventional production system with high level of farm intensity and the organic production system were rather similar. Between the production systems genetic correlations were close to unity in almost every trait (≥ 0.93). Only functional longevity (0.42 – 0.83) and fertility index (0.85 – 0.93) showed genotype by environment interactions. Since the standard errors were rather high and the values were not significantly different from unity these results should however be interpreted with caution.

Inhaltsverzeichnis

Eidesstattliche Erklärung.....	II
Danksagung	III
Kurzfassung	IV
Abstract	V
Tabellenverzeichnis	VII
Abbildungsverzeichnis.....	VIII
Abkürzungsverzeichnis	IX
1 Einleitung.....	1
2 Problemstellung	1
3 Literaturübersicht.....	2
3.1 Produktionssysteme	2
3.1.1 Produktionsniveaus.....	2
3.1.2 Biologische Landwirtschaft.....	4
3.2 Genetische Parameter.....	6
3.2.1 Heritabilitäten	6
3.2.2 Genetische Korrelationen.....	11
3.2.3 Auswirkungen auf die Zucht.....	16
3.3 Genotyp-Umwelt-Interaktionen.....	17
3.3.1 Definition	17
3.3.2 Genotyp-Umwelt-Interaktionen zwischen unterschiedlichen Produktionssystemen ..	19
3.3.3 Auswirkungen auf die Zucht.....	29
4 Material und Methode	30
4.1 Produktionssysteme	30
4.2 Datenselektion	31
4.3 Merkmale	33
4.4 Statistische Auswertung.....	34
5 Ergebnisse und Diskussion	38
5.1 Heritabilitäten	38
5.2 Genetische Korrelationen in den Produktionssystemen.....	40
5.2.1 Vergleich der genetischen Korrelationen zwischen den verschiedenen Produktionssystemen.....	42
5.3 Genotyp-Umwelt- Interaktionen.....	40
6 Zusammenfassung.....	51
Literaturverzeichnis.....	53

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Heritabilitäten für Produktionsmerkmale in verschiedenen Produktionssystemen.....	7
Tabelle 2: Heritabilitäten für das Merkmal Zellzahl in verschiedenen Produktionssystemen.....	9
Tabelle 3: Heritabilitäten für verschiedene Fruchtbarkeitsmerkmale in verschiedenen Produktionssystemen.....	10
Tabelle 4: Genetische Korrelationen mit Standardfehler in Klammer zwischen dem Merkmal Milch-kg und funktionaler Nutzungsdauer, Rastzeit, Verzögerungszeit und Zellzahl in extensiven und intensiven Produktionssystemen (Fürst-Waltl et al. 2013).....	11
Tabelle 5: Genetische Korrelationen zwischen dem Merkmal Milch (305-Tage-Milchleistung) und Zellzahl, Rastzeit und Besamungsindex in Produktionssystemen mit niedriger, durchschnittlicher und hoher Intensität (Windig et al. 2006).....	12
Tabelle 6: Genetische Korrelationen mit Standardfehler in Klammer zwischen den Produktionsmerkmalen und den Merkmalen durchschnittlicher Zellgehalt der Milch während einer Laktation (LSCS) und Erstbesamungserfolg in zwei unterschiedlichen Umweltklassen (Castillo-Juarez et al. 2000; Castillo-Juarez et al. 2002).....	13
Tabelle 7: Übersicht über Genotyp-Umwelt-Interaktionen in den Produktionsmerkmalen.....	22
Tabelle 8: Genotyp-Umwelt-Interaktionen im Merkmal Nutzungsdauer.....	26
Tabelle 9: Genotyp-Umwelt-Interaktionen im Merkmal Zellzahl.....	27
Tabelle 10: Genotyp-Umwelt-Interaktionen in verschiedenen Fruchtbarkeitsmerkmalen.....	28
Tabelle 11: Zusammenfassung der verschiedenen Produktionssysteme.....	32
Tabelle 12: Anzahl der Väter in den Produktionssystemen Biologisch (BIO), Konventionell hoch (KonH) und Konventionell nieder (KonN).....	33
Tabelle 13: Anzahl Pseudophänotypen in der jeweiligen Kombination der Produktionssysteme, sowie Anzahl Tiere im Pedigree.....	33
Tabelle 14: Heritabilitäten und die Standardfehler in Klammer in den Produktionssystemen Biologisch (BIO), Konventionell Hoch (KonH) und Konventionell Nieder (KonN).....	39
Tabelle 15: Genetische (oberhalb der Diagonale) und Phänotypische Korrelationen und deren Standardfehler in Klammer zwischen Milch-kg, Fett-kg, Eiweiß-kg, Persistenz (PERS), Nutzungsdauer (ND), Zellzahl (ZZ), Melkbarkeit (MBK), Eutergesundheitswert (EGW) und Fruchtbarkeitswert (FRW) im Produktionssystem BIO	40
Tabelle 16: Genetische (oberhalb der Diagonale) und Phänotypische Korrelationen und deren Standardfehler in Klammer zwischen Milch-kg, Fett-kg, Eiweiß-kg, Persistenz (PERS), Nutzungsdauer (ND), Zellzahl (ZZ), Melkbarkeit (MBK), Eutergesundheitswert (EGW) und Fruchtbarkeitswert (FRW) im Produktionssystem KonH	41

Tabelle 17: Genetische (oberhalb der Diagonale) und Phänotypische Korrelationen und deren Standardfehler in Klammer zwischen Milch-kg, Fett-kg, Eiweiß-kg, Persistenz (PERS), Nutzungsdauer (ND), Zellzahl (ZZ), Melkbarkeit (MBK), Eutergesundheitswert (EGW) und Fruchtbarkeitswert (FRW) im Produktionssystem **KonN** 42

Tabelle 18: Genotyp-Umwelt-Interaktionen zwischen den Produktionssystemen Biologisch (BIO), Konventionell Hoch (KonH) und Konventionell Nieder (KonN) - Genetische Korrelationen (r_a) und Schätzfehler (SE) in den Merkmalen Milch-kg, Fett-kg, Eiweiß-kg, Persistenz, Nutzungsdauer, Zellzahl, Melkbarkeit, Eutergesundheitswert (EGW) und Fruchtbarkeitswert (FRW) 46

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Entwicklung der Variation des Herdenjahreseffekts (Gerber et al. 2006)..... 3

Abbildung 2: Darstellung der Genotyp-Umwelt-Interaktionen nach Willam & Simianer 2011 17

Abkürzungsverzeichnis

AUT	Österreich
BIO	Biologisches Produktionssystem
BV	Braunvieh
CAN	Kanada
CHE	Schweiz
DEU	Deutschland
DNK	Dänemark
EGW	Eutergesundheitswert
FRUmat	maternale Fruchtbarkeit
FRW	Fruchtbarkeitswert
FV	Fleckvieh
GZW	Gesamtzuchtwert
HF	Holstein Friesian
IRL	Irland
KonH	Konventionelles Produktionssystem mit hohem Managementniveau
KonN	Konventionelles Produktionssystem mit niedrigem Managementniveau
MBK	Melkbarkeit
ND	Funktionale Nutzungsdauer
NLD	Niederlande
NR	Non-Return-Rate
PERS	Persistenz
r_a	additiv genetische Korrelation
SE	Standardfehler (standard error)
SVN	Slowenien
SWE	Schweden
UK	Vereinigtes Königreich
USA	Vereinigte Staaten
VZ	Verzögerungszeit
ZZ	Zellzahl

1 Einleitung

Die Milchleistung stieg in Österreich in den letzten Jahrzehnten stetig an. Lag die durchschnittliche Milchleistung einer Kuh im Jahr 1990 noch bei 3.791 kg, so stieg sie bis ins Jahr 2014 auf 6.542 kg (BMLFUW, 2015). Dieser starke Anstieg wurde durch den raschen Fortschritt in der Tierzucht und im Management ermöglicht. Folglich wurde aber festgestellt, dass der Anstieg der Milchleistung auch zu einigen unerwünschten Korrelationen führte. In verschiedenen internationalen Arbeiten zeigte es sich, dass unter anderem die Fruchtbarkeit, Tiergesundheit als auch die Nutzungsdauer unter der starken Selektion auf Milch litten (u.a. Oltenacu & Broom, 2010; Pritchard et al., 2013).

Neben der Milchleistung ist auch der Anteil der biologischen Landwirtschaft in Österreich angewachsen. Bereits 20% der Fläche und über 17% der landwirtschaftlichen Betriebe werden biologisch bewirtschaftet. Auf diesen Betrieben werden 18% aller österreichischen Milchkühe (BMLFUW, 2015) gemäß den biologischen Richtlinien (Holzer, 2014) gehalten. Biologisch wirtschaftende Züchter/Innen verfolgen dennoch dasselbe Zuchtziel wie die konventionell wirtschaftenden Züchter/Innen. Die Gewichtung des aktuellen Fleckvieh Gesamtzuchtwertes in Österreich beträgt 38 : 18 : 44% für Milch-, Fleisch- und Fitnesskomplex (Fürst et al., 2016). In einer Umfrage zeigte es sich, dass Züchter in der biologischen Landwirtschaft den Fitnesskomplex signifikant höher gewichteten als ihre konventionell wirtschaftenden Kollegen (Steininger 2015, unveröffentlicht zit. nach Pfeiffer et al., 2016). Darüber hinaus erreichen biologisch gehaltene Tiere eine um 17% geringere Milchleistung im Vergleich zu auf konventionellen Betrieben gehaltenen Kühen (BMLFUW, 2015). Daher fordern einige Vertreter der biologischen Landwirtschaft die Einführung eines Ökologischen Gesamtzuchtwertes (Steinwider & Krogmeier, 2014).

Es stellt sich generell die Frage, ob aufgrund der vielen verschiedenen Strategien in der Milchproduktion (von High-Input bis Low-Input) die selektierten Zuchttiere für alle Betriebstypen die geeignetsten sind. Denn aufgrund von Genotyp-Umwelt-Interaktionen kann es möglich sein, dass die selektierten Tiere in gewissen Umwelten nicht ihre volle Leistung erbringen können. Genotyp-Umwelt-Interaktionen können einerseits zu Skaleneffekten führen, andererseits aber auch die Rangierung der besten Stiere in den unterschiedlichen Produktionssystemen verändern (Calus et al., 2002).

2 Problemstellung

Ob eigene Zuchtprogramme für biologisch gehaltene Tiere, oder Tiere unterschiedlicher Produktionssysteme, gerechtfertigt sind, hängt unter anderem von Genotyp-Umwelt-Interaktionen ab. Das Ziel dieser Arbeit ist es daher, mögliche Genotyp-Umwelt-Interaktionen zwischen

verschiedenen Produktionssystemen, in diesem Fall biologischen und konventionellen sowie extensiven und intensiven Produktionssystemen, zu untersuchen. Weiters beschäftigt sich diese Arbeit mit Unterschieden zwischen den untersuchten Produktionssystemen bezüglich der genetischen Korrelationen zwischen den Produktionsmerkmalen (Milch-, Fett- sowie Eiweißmenge) und den funktionalen Merkmalen (Persistenz, funktionale Nutzungsdauer, Zellzahl, Melkbarkeit, Eutergesundheitswert und Fruchtbarkeitswert) und den Heritabilitäten aller Merkmale.

Die Forschungsfragen dieser Arbeit lauten folgendermaßen:

- Bestehen Unterschiede zwischen biologischen und konventionellen Milchproduktionssystemen bezüglich genetischer Parameter?
- Existieren Genotyp-Umwelt-Interaktionen zwischen biologischen und konventionellen Milchproduktionssystemen?

3 Literaturübersicht

In diesem Kapitel werden unterschiedliche Produktionssysteme bezüglich Produktionsniveau und Bewirtschaftungsart beschrieben. Des Weiteren werden die in dieser Arbeit untersuchten genetischen Parameter (Heritabilitäten und genetische Korrelationen) sowie auch Genotyp-Umwelt-Interaktionen erklärt und ihre Auswirkungen auf die Zucht erläutert. Zudem werden Ergebnisse aus früheren Studien zu genetischen Parametern in unterschiedlichen Produktionssystemen als auch Genotyp-Umwelt-Interaktionen zwischen Produktionssystemen angeführt.

3.1 Produktionssysteme

Die Milchproduktion Europas und auch Österreichs unterscheidet sich nicht nur aufgrund von unterschiedlichen Richtlinien, sondern auch aufgrund von unterschiedlichen Vorstellungen und Zielen der einzelnen Betriebe. Besonders in Österreich ist die Landwirtschaft noch kleinstrukturiert, durchschnittlich werden ca. 18 Kühe pro Betrieb gehalten (BMLFUW, 2015), was zu einer hohen Vielfalt an Produktionssystemen führt. Zwei mögliche Parameter an denen Produktionssysteme unterschieden werden können sind die gewählte Bewirtschaftungsart (z.B. biologisch oder konventionell) und das Produktionsniveau (intensiv bis extensiv).

3.1.1 Produktionsniveaus

Swalve (1999) unterscheidet drei verschiedene Strategien für Milchviehbetriebe. Einerseits nennt er die intensive Strategie (High-Input), andererseits die extensive Strategie (Low-Input) und die Strategie

mit ganzjähriger Weidehaltung. Letztere findet sich vor allem in Neuseeland und Südamerika und hat in Europa kaum Bedeutung.

Dass es vermehrt zu einer Differenzierung in intensive und extensive Produktionssysteme kommt, kann an der Entwicklung der Variation der Herdenjahresmilchleistung gesehen werden. Denn diese stieg zwischen 1990 und 2004 um mehr als einen Prozentpunkt an (Abbildung 1). Somit wuchs die Anzahl der hochleistenden Herden, aber auch die Anzahl der Herden mit niedrigerem Leistungsniveau. Dennoch ist nach wie vor die Mehrzahl der Betriebe im mittleren Leistungsbereich zu finden (Gerber et al., 2006).

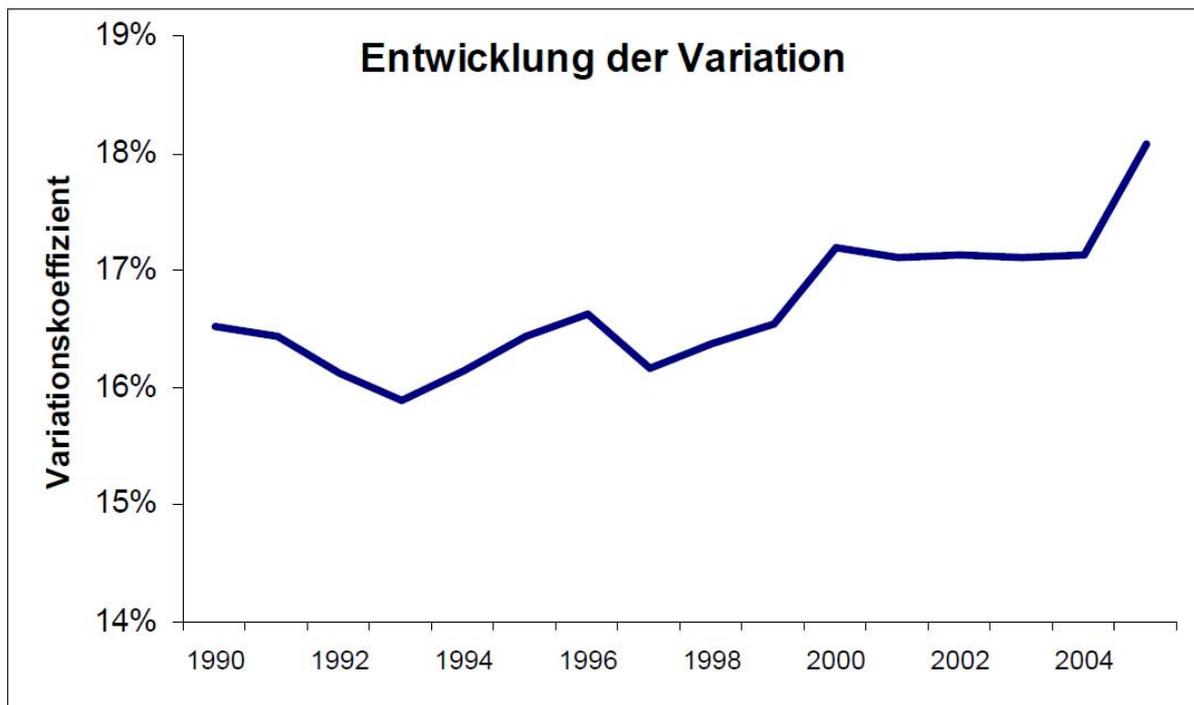


Abbildung 1: Entwicklung der Variation des Herdenjahreseffekts (Gerber et al., 2006)

High-Input und Low-Input Systeme unterscheiden sich in erster Linie durch ihre Definition einer profitablen Milchviehwirtschaft und durch welche Variablen diese verbessert werden kann. High-Input Betriebe schaffen bei höheren Produktionskosten eine höhere Milchmenge pro Kuh (Dillon et al., 2006), während Low-Input Betriebe bei niedrigem Aufwand eine hohe Flächeneffizienz erzielen wollen (Steinwider, 2013).

Einen großen Teil der europäischen Milchviehwirtschaft machen High-Input Systeme aus (Oltenacu & Broom, 2010). Diese Betriebe verfolgen eine wirtschaftlich effiziente Milchproduktion mit ganzjähriger Stallhaltung und –fütterung (Steinwider & Starz, 2006). Das Ziel von hohen Milchleistungen wird durch intensives Management und intensive Fütterung (hoher Kraftfuttereinsatz) möglich gemacht (Swalve, 1999). Da bei hohen Leistungen die Anforderungen an den Organismus deutlich höher sind,

müssen alle Teilbereiche (Zucht, Management, Fütterung und Haltung) optimiert werden um physiologische und damit gesundheitliche Störungen zu verhindern (Egger-Danner, 2013).

Im Zentrum der Low-Input Strategie steht die Minimierung der Kosten und des Aufwandes (Steinwider & Starz, 2006). Da die Einzeltierleistung in diesem Produktionssystem nicht im Vordergrund steht (Steinwider, 2013), wird bewusst auf Höchstleistungen verzichtet. Es wird versucht, die Leistungen hauptsächlich durch eine effiziente Weidenutzung zu erzielen (Steinwider et al., 2010). Die Ration der Kühe soll zu einem möglichst großen Teil aus billigem Weidefutter bestehen (Steinwider & Starz, 2006). Im Gegensatz dazu soll der Einsatz von (betriebsfremden) Kraftfutter und auch konserviertem Futter möglichst stark reduziert werden (Steinwider et al., 2010). Durch diese Maßnahmen können die Einbußen durch die geringeren Milcherlöse kompensiert werden. Um das Futterwachstum und den Futterbedarf daher bestmöglich abzustimmen wird eine saisonale Milchproduktion empfohlen. Aus diesem Grund ist, neben der Weidetauglichkeit, auch die Fruchtbarkeit einer Kuh besonders wichtig für Low-Input Betriebe (Steinwider, 2013). Als Vorteil dieses Produktionssystems werden der verminderte Arbeitszeitbedarf und Maschineneinsatz gesehen (Steinwider et al., 2010).

Generell basiert diese Strategie auf freiwilligen Einschränkungen und unterliegt nicht wie die biologische Landwirtschaft offiziellen Regelungen (Yin et al., 2012). Aufgrund der Reduktionen von Betriebsmitteln in beiden Produktionssystemen werden biologisch wirtschaftende Betriebe in einigen Studien mit Low-Input Systemen gleichgesetzt (Boelling et al., 2003; Nauta et al., 2006; Simianer et al., 2007). Daher wird auch angenommen, dass eine Umstellung für extensivere Betriebe auf eine biologische Wirtschaftsweise in Europa mit relativ geringem Aufwand durchgeführt werden kann (Rosati & Aumaitre, 2004).

3.1.2 Biologische Landwirtschaft

In Österreich werden etwa 96.800 Milchkühe auf biologischen Betrieben gehalten, dies entspricht 18% aller Milchkühe. Die durchschnittliche Anzahl der Milchkühe pro Betrieb liegt in der biologischen Landwirtschaft bei 16,1 Tieren und ist somit geringer als in der konventionellen Milchkuhhaltung (18,8). Insgesamt machen Biobetriebe in Österreich mit 20.750 Betrieben einen Anteil von 17,1% aus (BMLFUW, 2015).

Biologisch wirtschaftende Betriebe in Österreich müssen sich an die EU-Bio-Verordnung halten. Seit 1.1.2009 sind die zwei aktuellen Verordnungen 834/2007 und 889/2008, welche Ziele, Grundsätze und Regeln der biologischen Produktion beinhalten, in Kraft. In Hinsicht auf die tierische Produktion regelt

die EU-Bio-Verordnung die Vorschriften über die Herkunft der Tiere, Haltung und Unterbringung, Züchtung, Futtermittel sowie Krankheitsvorsorge und tierärztliche Behandlung. So müssen etwa die Tiere, bis auf Ausnahmefälle, ständigen Zugang zu Freigelände haben und dürfen nicht angebunden oder isoliert werden. Alle Futtermittel müssen aus biologischer Herkunft stammen, bevorzugt aus eigener Produktion. Weiters sind Beschränkungen hinsichtlich der Behandlungshäufigkeit mit chemisch-synthetischen Arzneimitteln und eine Verdoppelung der Wartezeiten festgelegt (EU, 2008, 2007). Österreich selbst regelt Teilbereiche der biologischen Landwirtschaft durch staatliche Richtlinien, die im Kapitel A8 des Österreichischen Lebensmittelbuches (Codex Alimentarius Austriacus) festgeschrieben sind. Davon betroffen sind Bereiche die nicht bereits durch die EU-Bio-Verordnung geregelt sind (BIO AUSTRIA, 2015).

Für die Mitglieder eines Biobauernverbands (z.B. BIO AUSTRIA) gelten weitere Produktionsrichtlinien. Diese Vorschriften gehen über die verbindlichen Standards hinaus (Holzer, 2014). So müssen BIO AUSTRIA Betriebe darauf achten, dass die Tagesration eines Wiederkäuers zu mindestens 60% aus Raufutter besteht und der Einsatz von Kraftfutter begrenzt ist (BIO AUSTRIA, 2016).

Konventionelle und biologische Milchproduktionssysteme unterscheiden sich nicht nur durch den unterschiedlichen Kraftfuttereinsatz. Haltungs- und Fütterungssysteme sind in biologisch wirtschaftenden Betrieben oft moderner als in intensiv geführten Betrieben (Gerber et al., 2006). Dennoch hinken biologische Betriebe in Bezug auf die Milchleistung den konventionellen Betrieben nach (Ahlman et al., 2011; Blank et al., 2013; Deger et al., 2015; Sundberg et al., 2009). In Österreich liegt die durchschnittliche Milchleistung einer Kuh bei 6.808kg. Milchkühe von biologisch wirtschaftenden Betrieben erreichen im Vergleich zu den konventionell gehaltenen Tieren eine um 17% geringere Milchleistung von 5.913kg (BMLFUW, 2015). Zwischen einzelnen Biobetrieben bestehen jedoch große Unterschiede in der Intensität und der Milchleistung (Krogmeier, 2016). Barth & Rahmann (2005) weisen auch darauf hin, dass die Unterschiede zwischen biologischen Betrieben oft größer sind als zwischen konventionellen und biologischen Betrieben.

Da es keine eigenen Zuchtprogramme gibt, sind die biologisch wirtschaftenden Rinderzüchter/Innen von den konventionellen Zuchtprogrammen der Zuchtverbände abhängig. Zudem werden in biologischen Betrieben häufig die gleichen Rassen eingesetzt wie in konventionellen Betrieben (Ahlman, 2010).

3.3 Genetische Parameter

Heritabilitäten und genetische Korrelationen spielen eine große Rolle in der Zucht. Sie stellen jedoch keine fixen Werte dar, sondern können sich in verschiedenen Umwelten bzw. Produktionssystemen unterscheiden (Fürst et al., 2015). In den folgenden Kapiteln werden Studien angeführt, welche die Auswirkungen verschiedener Produktionssysteme auf genetische Parameter untersuchten. Ein weiterer Punkt ist der Einfluss der genetischen Parameter auf die Zucht.

3.3.1 Heritabilitäten

Die Heritabilität (h^2) bzw. Erblichkeit ist eine Verhältniszahl zwischen der (additiv) genetischen Varianz und der phänotypischen Varianz (Willam & Simianer, 2011). Werte können zwischen 0 und 1 liegen, wobei hohe Werte bedeuten, dass ein Merkmal hauptsächlich von Genen und wenig von der Umwelt beeinflusst wird. In diesem Fall würden, anders als bei niedrigen Heritabilitäten, Selektionsmaßnahmen relativ schnell zu einem Zuchtfortschritt führen. Die Heritabilität für Produktionsmerkmale liegt in einem moderaten Bereich von 0,4 bis 0,5, während bei funktionalen Merkmalen, wie zum Beispiel diversen Fruchtbarkeitsmerkmalen, nur geringe Heritabilitäten gefunden werden können (Fürst et al., 2015).

3.3.1.1 Heritabilitäten für Produktionsmerkmale in unterschiedlichen Produktionssystemen

In verschiedenen Studien wurden Heritabilitäten für die Produktionsmerkmale Milch-, Fett- und Eiweißmenge für unterschiedliche Produktionssysteme geschätzt (Tabelle 1). Es zeigte sich in der Literatur, dass mit steigender Intensität der Produktionssysteme die Heritabilitäten der Fett- und Eiweißmenge zunahm (Boettcher et al., 2003; Gerber et al., 2006; Kearney et al., 2004a; Logar et al., 2007; Schwarzenbacher & Fürst 2013; Simianer et al., 2007; Sundberg et al., 2010). Nauta et al. (2006) ermittelten dagegen die höchsten Heritabilitäten für holländische Holsteinkühe, die auf biologisch wirtschaftenden Betrieben gehalten wurden. Van der Laak et al. (2016) konnten etwas höhere Werte für Kühe mit Weidezugang als für Kühe ohne Weidezugang feststellen. Auch Raffrenato et al. (2003) schätzten für das Merkmal Eiweiß-kg geringfügig höhere Heritabilitäten in den extensiven Produktionssystemen (<13.300 kg Milch) als in den intensiven Produktionssystemen (>13.700 kg Milch Herden-Jahres Standardabweichung).

Die Heritabilitäten des Merkmals Milchmenge sind im Großteil der Untersuchungen ebenfalls in den intensiveren Produktionssystemen höher (Berry et al., 2003; Boettcher et al., 2003; Cromie et al., 1998; Huquet et al., 2012; Kearney et al., 2004a; Logar et al., 2007; Raffrenato et al., 2003; Sundberg et al., 2010). Schwarzenbacher & Fürst (2013) als auch Gerber et al. (2006) stellten dagegen in intensiven

Produktionssystemen die niedrigsten Werte fest. Auch bei Simianer et al. (2007) lag der höchste Wert im biologischen Produktionssystem, da die Heritabilität der Milchmenge in dem konventionellen Produktionssystem bei einer erhöhten Anzahl an Beobachtungen sank.

Sundberg et al. (2010) stellten kaum Unterschiede zwischen biologischen und konventionellen Produktionssystemen fest. Nur die Heritabilitäten der Rasse Schwedisch Holstein in der ersten Laktation unterschieden sich und waren im konventionellen Produktionssystem höher. Auch bei Weigel et al. (1999) wurden ähnliche Heritabilitäten für die Produktionssysteme mit und ohne Weidzugang geschätzt. Nur in der Fettmenge war die Heritabilität in der reinen Stallgruppe (0,27) signifikant höher als in der Weidegruppe (0,17). Die Autoren führen dies auf die Auswirkungen der Weidequalität auf den Fettgehalt der Milch zurück.

Sölkner et al. (2000, unveröffentlicht zit. nach Schwarzenbacher 2002) konnten in der ersten Laktation keine Unterschiede in den Heritabilitäten biologischer und konventioneller Betriebe feststellen. In den folgenden zwei Laktationen ergab sich kein klares Bild. Denn in der 2. Laktation wurde im biologischen Produktionssystem und in der 3. Laktation im konventionellen Produktionssystem eine höhere Heritabilität im Merkmal Milchmenge ermittelt.

Die niedrigsten Heritabilitäten für die Produktionsmerkmale lagen in der Studie von Logar et al. (2007) für die (extensive) slowenische Fleckviehpopulation vor. In dieser Studie wurden auch die Heritabilitäten für die Rassen Holstein und Braunvieh geschätzt. Diese Werte waren jedoch nur geringfügig höher.

Tabelle 1: Heritabilitäten für Produktionsmerkmale in verschiedenen Produktionssystemen

Studie	Milch-kg	Fett-kg	Eiweiß-kg	Produktionssystem
Sölkner et al. (2000)* Fleckvieh, Österreich 1./2./3. Laktation	0,31/0,26/0,21 0,31/0,30/0,16			Konventionell Biologisch
Simianer et al. (2007) Fleckvieh, Schweiz	0,36-0,56 0,48	0,53 0,42	0,55 0,47	Konventionell Biologisch
Sundberg et al. (2010) SH = Schwedisches Holstein SR = Swedish Red 1./2. Laktation	0,35/0,25 0,27/0,23 0,35/0,28 0,35/0,28	0,36/0,28 0,28/0,28 0,33/0,30 0,30/0,29	0,30/0,24 0,23/0,24 0,29/0,27 0,28/0,27	Konventionell (SH) Biologisch (SH) Konventionell (SR) Biologisch (SR)
Nauta et al. (2006) Holstein, Niederlande	0,48 0,70	0,39 0,58	0,39 0,59	Konventionell Biologisch
Schwarzenbacher & Fürst (2013) Fleckvieh, Österreich	0,68 0,67 0,54 0,55		0,65 0,59 0,50 0,45	Konventionell Biologisch Intensiv Extensiv
Gerber et al. (2006) Fleckvieh, Nordbayern/Südbayern	0,23/0,28 0,27/0,34 0,29/0,30 0,29/0,27 0,26	0,43/0,42 0,35/0,39 0,26/0,28 0,27/0,26 0,26	0,40/0,38 0,31/0,35 0,22/0,24 0,21/0,19 0,21	Kon. sehr intensiv Kon. intensiv Kon. extensiv Kon. sehr extensiv Biologisch
Cromie et al. (1998) Holstein, Irland	0,43 0,29	0,38 0,38	0,38 0,24	High-Input Low-Input
Berry et al. (2003) Holstein, Irland	0,46 0,27			High-Input Low-Input
Raffrenato et al. (2003) Holstein, Italien	0,27 0,23	0,34 0,33	0,26 0,31	Intensiv Extensiv
Logar et al. (2007) Fleckvieh, Slowenien	0,18 0,07	0,12 0,06	0,12 0,04	Intensiv Extensiv
Boettcher et al. (2003) Holstein, Kanada	0,37 0,31	0,39 0,35	0,36 0,30	Stall Weide
Van der Laak et al. (2016) Holstein, Dänemark	0,24 0,27	0,18 0,19	0,18 0,20	Stall Weide
Weigel et al. (1999) Holstein, USA	0,24 0,23	0,27 0,17	0,27 0,26	Stall Weide
Kearney et al. (2004a) Holstein, USA	0,20 0,19	0,23 0,19	0,20 0,17	Stall Weide

* unveröffentlicht zit. nach Schwarzenbacher (2002)

3.3.1.2 Heritabilitäten für Fitnessmerkmale in unterschiedlichen Produktionssystemen

Ahlman et al. (2011) fanden keine signifikanten Unterschiede der Heritabilitäten für mehrere Nutzungsdauermerkmale ($h^2=0,01-0,20$) zwischen biologischen und konventionellen

Produktionssystemen. Auch Schwarzenbacher & Fürst (2013) stellten kaum unterschiedliche Heritabilitäten fest. Die Heritabilität der funktionalen Nutzungsdauer war in extensiven Produktionssystemen (0,15) aber etwas höher als in intensiven Produktionssystemen (0,10).

Die Heritabilitäten der Zellzahl unterschieden sich ebenso nur wenig zwischen den Produktionssystemen (Castillo-Juarez et al., 2000; Nauta et al., 2006; Raffrenato et al., 2003; Schwarzenbacher & Fürst, 2013; Sundberg et al., 2010; Van der Laak et al., 2016) wie sich in Tabelle 2 zeigt. Tendenziell waren die Werte in den biologischen Produktionssystemen etwas höher.

Tabelle 2: Heritabilitäten für das Merkmal Zellzahl in verschiedenen Produktionssystemen

Studie	Heritabilitäten	Produktionssystem
Sundberg et al. (2010)	0,14	Konventionell (SH)
Jeweils 1./2. Laktation	0,09/0,13	Biologisch (SH)
SH = Schwedisches Holstein	0,15/0,13	Konventionell (SR)
SR = Swedish Red	0,17	Biologisch (SR)
Nauta et al. (2006)	0,15	Konventionell
Holstein, Niederlande	0,23	Biologisch
Schwarzenbacher & Fürst (2013)	0,16	Konventionell
Fleckvieh, Österreich	0,17	Biologisch
	0,17	Intensiv
	0,12	Extensiv
Raffrenato et al. (2003)	0,10	Intensiv
Holstein, Italien	0,10	Extensiv
Castillo-Juarez et al. (2000)	0,09	Intensiv
Holstein, USA	0,11	Extensiv
Van der Laak et al. (2016)	0,08	Stall
Holstein, Dänemark	0,08	Weide

Die Heritabilitäten des Merkmals Melkbarkeit lagen in der Studie von Schwarzenbacher & Fürst (2013) zwischen 0,26 und 0,37, und unterschieden sich am stärksten zwischen intensiven und extensiven Produktionssystemen. Der höchste Wert wurde im biologischen Produktionssystem festgestellt. Van der Laak et al. (2016) schätzten Heritabilitäten für die Merkmale Temperament während dem Melken und Melkgeschwindigkeit. Die Werte lagen zwischen 0,07 und 0,22 und waren in den Produktionssystemen mit Weidezugang geringfügig höher als in den Produktionssystemen mit reiner Stallhaltung.

Wie in Tabelle 3 ersichtlich, fanden sich auch bei den Fruchtbarkeitsmerkmalen nur geringe Unterschiede zwischen den unterschiedlichen Produktionssystemen (Boettcher et al., 2003; Castillo-Juarez et al., 2000; Kearney et al., 2004b; Schwarzenbacher & Fürst 2013; Simianer et al., 2007; Sundberg et al., 2010). Dabei ist auffallend, dass weniger die Betriebsintensität bestimmend war,

sondern das betrachtete Merkmal. Keine Auswirkungen auf die Heritabilitäten hatten unterschiedliche Abkalbesysteme in Australien (Haile-Mariam et al., 2008).

Tabelle 3: Heritabilitäten für verschiedene Fruchtbarkeitsmerkmale in verschiedenen Produktionssystemen

Studie	Merkmal	Heritabilitäten	Produktionssystem
Sundberg et al. (2010) Jeweils 1./2. Laktation SH = Schwedisches Holstein SR = Swedish Red	Verzögerungszeit	0,03	Konventionell (SH)
		0,02	Biologisch (SH)
		0,02	Konventionell (SR)
		0,02/0,01	Biologisch (SR)
	Rastzeit	0,07/0,06	Konventionell (SH)
		0,08/0,07	Biologisch (SH)
		0,07/0,03	Konventionell (SR)
		0,04/0,07	Biologisch (SR)
	Zwischenkalbezeit	0,09/0,06	Konventionell (SH)
		0,10/0,08	Biologisch (SH)
0,05/0,03		Konventionell (SR)	
0,02/0,05		Biologisch (SR)	
Simianer et al. (2007) Fleckvieh, Schweiz	Rastzeit	0,06-0,09	Konventionell
		0,06-0,08	Biologisch
Schwarzenbacher & Fürst (2013) Fleckvieh, Österreich	Non-Return-Rate Kuh	0,009	Intensiv
		0,002	Extensiv
		0,004	Konventionell
		0,005	Biologisch
	Rastzeit	0,08	Intensiv
		0,07	Extensiv
		0,08	Konventionell
		0,08	Biologisch
	Verzögerungszeit Kuh	0,03	Intensiv
		0,06	Extensiv
0,02		Konventionell	
0,07		Biologisch	
Castillo-Juarez et al. (2000) Holstein, USA	Erstbesamungserfolg	0,01	Intensiv
		0,02	Extensiv
Kearney et al. (2004b) Holstein, USA	Serviceperiode	0,02-0,03	Weide
		0,03-0,04	Stall
	Rastzeit	0,02	Weide
		0,05	Stall
	Besamungsindex	0,01	Weide
		0,03	Stall
Boettcher et al. (2003) Holstein, Kanada	Zwischenkalbezeit	0,05	Weide
		0,03	Stall

3.3.2 Genetische Korrelationen

Der Korrelationskoeffizient ist ein Maß für den Zusammenhang zweier Merkmale und kann Werte zwischen 1 und -1 einnehmen. Das Vorzeichen gibt dabei an, ob es sich um einen antagonistischen (negativen) oder synergistischen (positiven) Zusammenhang handelt. Je näher sich ein Wert der Zahl 1 bzw. -1 annähert, desto enger ist die Beziehung der untersuchten Merkmale. Ein Wert von Null gibt an, dass die Merkmale nicht korrelieren, also (linear) unabhängig voneinander sind (Willam & Simianer, 2011). Rechnerisch gesehen stellt die Korrelation das Verhältnis der Kovarianz der beiden Merkmale zu dem Produkt ihrer Standardabweichungen dar (Eßl, 1987).

Die phänotypische Korrelation beschreibt den Zusammenhang zwischen Phänotypwerten und setzt sich einerseits aus der genetischen als auch der umweltbedingten Korrelation zusammen. Sie stellt daher die direkt messbare Beziehung zweier Merkmale dar. Additiv genetische Korrelationen (r_a) geben den Zusammenhang zwischen den (wahren) Zuchtwerten zweier Merkmale an. Die beiden Korrelationen können sich stark unterscheiden, sowohl in der Größe als auch im Vorzeichen. Positive Korrelationen bewirken eine Veränderung der korrelierten Merkmale in die gleiche Richtung während negative Korrelationen zu Veränderungen in entgegengesetzter Richtung führen. Allerdings ist positiv bzw. negativ nicht automatisch mit erwünscht bzw. unerwünscht gleichzusetzen. (Fürst et al., 2015; Gaillard, 1996; Willam & Simianer, 2011).

3.3.2.1 Genetische Korrelationen zwischen Produktions- und Fitnessmerkmalen in unterschiedlichen Produktionssystemen

Simianer et al. (2007) konnten zwischen den Produktionsmerkmalen biologischer und konventioneller Betriebe hohe genetische Korrelationen feststellen. Die Werte lagen in einem Bereich von 0,79 bis 0,97.

Fürst-Waltl et al. (2013) untersuchten die genetischen Korrelationen in extensiven ($\leq 6000\text{kg}$ Herdendurchschnitt) und intensiven ($\geq 9000\text{kg}$ Herdendurchschnitt) Fleckviehbetrieben. In ihren Ergebnissen (Tabelle 4) zeigte sich, dass die genetischen Korrelationen bei den auf intensiven Betrieben gehaltenen Kühen am stärksten ausgeprägt waren. Allerdings wiesen die Werte hohe Standardfehler auf.

Tabelle 4: Genetische Korrelationen mit Standardfehler in Klammer zwischen dem Merkmal Milch-kg und funktionaler Nutzungsdauer, Rastzeit, Verzögerungszeit und Zellzahl in extensiven und intensiven Produktionssystemen (Fürst-Waltl et al., 2013)

	Niveau	Nutzungsdauer	Rastzeit	Verzögerungszeit	Zellzahl
Milch	extensiv	-0,16 (0,05)	0,12 (0,15)	0,21 (0,18)	0,11 (0,27)
	intensiv	-0,19 (0,12)	0,31 (0,13)	0,44 (0,23)	0,56 (0,15)

Windig et al. (2006) untersuchten genetische Korrelationen zwischen Milchmenge und den Fitnessmerkmalen Zellzahl, Rastzeit und Besamungsindex in drei unterschiedlichen Produktionsintensitäten (Tabelle 5) in den Niederlanden. Auch in dieser Untersuchung waren die genetischen Korrelationen bis auf die Rastzeit in den intensiven Produktionssystemen stärker ausgeprägt. Windig et al. (2007) schätzten dagegen die höchste genetische Korrelation zwischen den Merkmalen Milchleistung und Zellzahl im extensiveren Produktionssystem (0,32) und nicht im intensiven Produktionssystem (0,16). Die Standardfehler lagen für die Zellzahl bei etwa 0,07, für die Rastzeit bei etwa 0,09 und für den Besamungsindex bei etwa 0,11.

Tabelle 5: Genetische Korrelationen zwischen dem Merkmal Milch (305-Tage-Milchleistung) und Zellzahl, Rastzeit und Besamungsindex in Produktionssystemen mit niedriger, durchschnittlicher und hoher Intensität (Windig et al., 2006)

	Intensität	Zellzahl	Rastzeit	Besamungsindex
Milch	niedrig	0,29	0,39	0,21
	durchschnittlich	0,35	0,38	0,40
	hoch	0,39	0,29	0,49

Castillo-Juarez et al. (2000; 2002) teilten in ihren Studien Kühe der Rasse Holstein anhand der durchschnittlichen Herdenmilchleistung und der Standardabweichung in zwei verschiedene Klassen ein. Wie in Tabelle 6 ersichtlich, waren die genetischen Korrelationen zwischen den Produktionsmerkmalen und dem durchschnittlichen Zellgehalt der Milch während einer Laktation sowie dem Erstbesamungserfolg in der niedrigen Umweltklasse stärker ausgeprägt als in der hohen Umweltklasse. Oltenacu & Broom (2010) deuten aus solchen Ergebnissen, dass die Selektion auf Milch eine schlechtere Anpassungsfähigkeit an ungünstigere Umweltgegebenheiten zur Folge hatte. Castillo-Juarez et al. (2000) führen jedoch auch an, dass die negativen genetischen Korrelationen zum Teil durch Managementfaktoren kompensiert werden können.

Tabelle 6: Genetische Korrelationen mit Standardfehler in Klammer zwischen den Produktionsmerkmalen und den Merkmalen durchschnittlicher Zellgehalt der Milch während einer Laktation (LSCS) und Erstbesamungserfolg in zwei unterschiedlichen Umweltklassen (Castillo-Juarez et al., 2002, 2000)

	Umweltklasse	LSCS	Erstbesamungserfolg
Milch	niedrig ¹	0,28 (0,04)	-0,42 (0,04)
	hoch ²	0,17 (0,02)	-0,32 (0,04)
Fett	niedrig ¹	0,07 (0,03)	
	hoch ²	0,05 (0,03)	
Eiweiß	niedrig ¹	0,27 (0,04)	
	hoch ²	0,21 (0,03)	

¹ durchschnittliche Herdenmilchleistung ≤ 9307 kg + Standardabweichung ≤ 1479 kg

² durchschnittliche Herdenmilchleistung ≥ 9864 kg + Standardabweichung ≥ 1621 kg

Die unterschiedlich hohen genetischen Korrelationen zwischen den unterschiedlichen Produktionssystemen deuten zwar auf eine Genotyp-Umwelt-Interaktion hin, da angenommen wird, dass sich Gene, die für pleiotrope Effekte verantwortlich sind, in den einzelnen Umwelten unterschiedlich verhalten (Castillo-Juarez et al., 2000). Jedoch wurden in einer darauffolgenden Studie die genetischen Korrelationen derselben Merkmale in beiden Umwelten geschätzt. Die Ergebnisse ($>0,97$) deuten nicht auf eine Genotyp-Umwelt-Interaktion hin (Castillo-Juarez et al., 2002).

Kolmodin et al. (2002) schätzten die genetischen Korrelationen zwischen Protein-kg und Serviceperiode. Es zeigte sich, dass die genetische Korrelation in extensiveren Umwelten höher war (0,53) und mit steigender Intensität absank (0,43). Für die Autoren ist dies ein Indiz dafür, dass die negativen Auswirkungen von der Selektion auf Milchleistung auf die Fruchtbarkeit durch bessere Umweltbedingungen reduziert werden können.

3.3.2.2 Genetische Korrelationen zwischen Produktions- und Fitnessmerkmalen in gleichen Produktionssystemen

Generell bestehen zwischen Produktions- und Fitnessmerkmalen unerwünschte genetische Korrelationen (Pritchard et al., 2013). So ist es etwa bereits seit vielen Jahren bekannt, dass die Merkmale Milchmenge und Fruchtbarkeit antagonistisch korrelieren (Pryce & Veerkamp, 2001; Veerkamp et al., 2001).

Fürst & Gredler (2009) untersuchten die Korrelationen zwischen der im österreichischen Fruchtbarkeitswert inkludierten maternalen Fruchtbarkeit (FRUmat) und anderen Zuchtwerten beim Fleckvieh. Die genetischen Korrelationen waren sowohl mit dem Milchwert als auch mit dem

Gesamtzuchtwert moderat bis leicht negativ. Die höchste genetische Korrelation fand sich mit dem Fitnesswert (0,58). In einer weiteren Untersuchung am österreichischen Fleckviehrind von Koeck et al. (2010) wurden die genetischen Korrelationen zwischen unterschiedlichen Fruchtbarkeitsmerkmalen und der Milchleistung geschätzt. Zwischen Fruchtbarkeitsstörungen und Milchleistung wurden r_a im Bereich von 0,21 bis 0,31 ermittelt. Für Rastzeit und Verzögerungszeit wurden genetische Korrelationen zur Milchleistung von 0,34 bzw. 0,44 ermittelt. Ein negativer Wert ergab sich zwischen Milchleistung und der Non-Return-Rate 56 (-0,59). Die Standardfehler lagen in den meisten Fällen über 0,10. Kadarmideen et al. (2003), Liu et al. (2008) und Sewalem et al. (2010) schätzten ebenfalls die genetischen Korrelationen zwischen den Produktionsmerkmalen und verschiedenen Fruchtbarkeitsmerkmalen in Holsteinkühen. Es zeigte sich, dass sich die genetischen Korrelationen zwischen den Fruchtbarkeitsmerkmalen und den einzelnen Produktionsmerkmalen (Milch-, Fett- und Eiweiß-kg) nur geringfügig unterschieden. Alle Fruchtbarkeitsmerkmale korrelierten in allen drei Studien unerwünscht mit den Produktionsmerkmalen.

Ein Grund für diesen Umstand kann in der erhöhten Konzentration des Wachstumshormons in Hochleistungskühen gesehen werden. Dieses bewirkt u.a., dass die Energie vermehrt für die Milchproduktion eingesetzt wird und folgend eine stärker negative Energiebilanz besteht (Veerkamp et al., 2003). Es steigt zwar auch das genetische Futteraufnahmevermögen mit der Milchleistung, der erhöhte Energiebedarf der gesteigerten Milchleistung kann dadurch jedoch nicht gestillt werden (Van Arendonk et al., 1991; Veerkamp, 1998). Der Mangel an metabolischer Energie wirkt sich daraufhin negativ auf die Fruchtbarkeit der Tiere aus. Auch eine reduzierte Wirkung anderer Hormone kann die geringere Fruchtbarkeit von Hochleistungstieren zum Teil erklären (Veerkamp et al., 2003). Werden Hochleistungstiere in extensive oder biologische Betriebe eingegliedert, besteht zudem das Risiko, dass sich, aufgrund der Kraftfutterrestriktion, die Tiere weniger gut von der negativen Energiebilanz im ersten Laktationsdrittel erholen können (Oltenacu & Broom, 2010).

Kadarmideen et al. (2000) konnten zwischen den Produktions- und Gesundheitsmerkmalen nur ungünstige genetische Korrelationen schätzen. Im Merkmal Milchfieber lagen die genetischen Korrelationen im Bereich von 0,07, während sie in den Merkmalen Mastitis (0,27 – 0,36) und Lahmheit (0,27 – 0,37) etwas höher waren. Ähnliche Werte verzeichneten Hansen et al. (2002) zwischen Eiweißleistung und Mastitis (0,33). Die genetische Korrelation zwischen Eiweißleistung und Krankheiten (Mastitis ausgenommen) war deutlich niedriger (0,14). Auch Pryce et al. (1997) untersuchten die genetischen Korrelationen zwischen Milchleistung und verschiedenen Gesundheitsmerkmalen über alle Laktationen. Es wurden ungünstige Werte zwischen Milchleistung und den Merkmalen Milchfieber (0,19), Mastitis (0,21) und Lahmheit (0,29) ermittelt. Etwas höhere Werte schätzten Pritchard et al. (2013). Die genetischen Korrelationen zwischen Mastitis und den

Merkmale Milch- Eiweiß- und Fettleistung lagen in dieser Studie bei 0,32, 0,34 bzw. 0,27. Zwischen Lahmheit und den Produktionsmerkmalen wurden ebenfalls positive r_a (0,20-0,38) festgestellt. Diese positiven Korrelationen zwischen Produktions- und Gesundheitsmerkmalen deuten an, dass höher leistende Tiere eher an Mastitis, Milchfieber, etc. erkranken (Kadarmideen et al., 2000; Pritchard et al., 2013). Ingvarlsen et al. (2003) fassten mehrere Studien bis 1999 zusammen und konnten ebenfalls feststellen, dass Hochleistungskühe tendenziell eher an Mastitis, Ketosis, Ovarialzysten und Lahmheit erkranken. Auch Windig et al. (2007) kommen zu dem Ergebnis, dass durch eine hohe Milchleistung das Risiko einer Mastitiserkrankung steigt.

Wie bei der Fruchtbarkeit wird auch zwischen Gesundheitsmerkmalen bzw. Stoffwechselerkrankungen und der negativen Energiebilanz eine Verbindung gesehen. Zusätzlich kann durch den metabolischen Stress rund um die Geburt ein Mangel an Nährstoffen entstehen, durch den die Immunabwehr geschwächt wird (Goff & Horst, 1997). Grundsätzlich beeinflussen Managementfehler die Gesundheit stärker als die genetische Milchleistungsveranlagung (Beerda et al., 2007).

Fürst-Waltl et al. (2013) ermittelten negative Korrelationen (-0,16 – -0,19) zwischen Produktionsmerkmalen und der funktionalen Nutzungsdauer. Samoré et al. (2010) konnten bei italienischen Braunviehkühen etwas höhere Werte (-0,09 – -0,13) schätzen. Fürst & Fürst-Waltl (2006) stellten beim Fleckvieh eine genetische Korrelation von 0,29 zwischen Nutzungsdauer und der Milchmenge fest. Im Vergleich zur Rasse Braunvieh zeigte sich, dass die genetische Korrelation bei reinen Milchrassen stärker negativ (0,06) erschien als bei Zweinutzungsrassen. Zwischen Nutzungsdauer und Eiweißmenge schätzten sie eine negative Korrelation ($r_a = -0,36$).

Die genetischen Korrelationen zwischen Produktionsmerkmalen und der Zellzahl lagen bei Pritchard et al. (2013) für britische Holsteinkühe zwischen 0,07 und 0,13. Ähnliche Werte schätzten auch Fürst-Waltl et al. (2013) für Fleckviehherden in einer extensiven Umwelt während die genetische Korrelation in dem intensiven Produktionssystem deutlich höher war (Tabelle 4). In der Untersuchung von Samoré et al. (2010) konnte eine genetische Korrelation von 0,18 zwischen Zellzahl und Milchmenge festgestellt werden. Zwischen den restlichen Produktionsmerkmalen und der Zellzahl wurden dagegen Werte nahe 0 ermittelt. Die Autoren schließen aus diesen Ergebnissen, dass Hochleistungstiere anfälliger für Mastitis sind. Windig et al. (2006) berichteten von genetischen Korrelationen zwischen 0,29 und 0,39 (Tabelle 5).

Die genetischen Korrelationen zwischen Produktionsmerkmalen und Milchfluss sind bei italienischen Braunviehkühen positiv und liegen im Bereich von 0,16 bis 0,30 (Samoré et al., 2010). Dagegen konnten Luttinen & Juga (1997) in finnischen Herden keine signifikante genetische Korrelation (-0,03 – 0,13) zwischen Milchproduktion und dem subjektiv eingeschätzten Merkmal Melkbarkeit ermitteln. Auch

Sewalem et al. (2011) schätzten zwischen Milchmenge und Melkgeschwindigkeit keine signifikante genetische Korrelation (-0,05). Gäde et al. (2006) untersuchten die genetischen Korrelationen zwischen verschiedenen Melkbarkeitsmerkmalen und der Milchmenge in automatisierten Melksystemen. Sie konnten genetische Korrelationen in der Höhe von 0,51 bzw. 0,48 zwischen Milchmenge und dem durchschnittlichen bzw. maximalen Milchfluss feststellen. Die positive genetische Korrelation zwischen Milchmenge und Milchfluss lässt sich durch die negative genetische Korrelation der Milchmenge mit der Melkdauer (-0,31) erklären. Allerdings weisen die Autoren auf relativ hohe Standardfehler und den geringen Stichprobenumfang hin.

In einer Studie von Yamazaki et al. (2013) wurden die genetischen Korrelationen zwischen 305-Tage-Milchleistung und Persistenz in Holsteinrindern untersucht. Es zeigte sich, dass die genetische Korrelation von der ersten zur zweiten Laktation etwas sank (0,36 – 0,31). Muir et al. (2004) schätzten eine genetische Korrelation von 0,21 zwischen diesen beiden Merkmalen in kanadischen Holsteinkühen. Eine ähnliche Korrelation (0,26) konnten auch Fürst & Gredler (2009) zwischen Milchwert bzw. Gesamtzuchtwert und Persistenz ermitteln. Jakobsen et al. (2002) konnten feststellen, dass sich die genetischen Korrelationen mit der Milchleistung je nach Definition des Merkmals Persistenz unterscheiden. Sie berichteten von genetischen Korrelationen zwischen 0,00 und 0,47.

3.3.3 Auswirkungen auf die Zucht

Sowohl Heritabilitäten als auch genetische Korrelationen haben einen großen Einfluss in der Tierzucht. Die Heritabilität ist der wichtigste genetische Populationsparameter (Willam & Simianer, 2011), und ist daher auch Bestandteil vieler Formeln und für viele Zuchtentscheidungen wichtig (Falconer, 1984). Um etwa den möglichen Zuchtfortschritt zu prognostizieren, ist die Kenntnis der Heritabilitäten der Merkmale wichtig (Willam & Simianer, 2011).

Genetische Korrelationen geben Auskunft darüber, inwiefern sich die Zucht auf ein Merkmal auf andere Merkmale auswirkt. So kann der Zuchterfolg in einem korrelierten Merkmal vorausgesagt werden (Falconer, 1984). Diese indirekte Veränderung wird als korrelierter Zuchtfortschritt bezeichnet. Besonders bei Merkmalen, die selbst nur mit schwerem Aufwand messbar sind, ist dieser von Bedeutung. In diesen Fällen wird auf Hilfsmerkmale zurückgegriffen, die zwar nicht im Zuchtziel enthalten sind, aber mit dem gewünschten Leistungsmerkmal eng verknüpft und leicht erfassbar sind (Fürst et al., 2015; Willam & Simianer, 2011).

3.5 Genotyp-Umwelt-Interaktionen

Neben den genetischen Parametern ist in der Zucht auch die Kenntnis über eventuelle Genotyp-Umwelt-Interaktionen zwischen unterschiedlichen Umwelten bzw. Produktionssystemen bedeutend.

3.5.1 Definition

Genotyp-Umwelt-Interaktionen stellen die möglichen Wechselwirkungen zwischen dem Genotyp eines Tieres und seiner Umwelt dar. Darunter wird die unterschiedliche Wirkung von verschiedenen Umwelten auf verschiedene Genotypen verstanden. Besonders wenn große Unterschiede zwischen den Genotypen oder den unterschiedlichen Umwelten vorliegen, etwa zwischen Prüfstationen und landwirtschaftlichen Betrieben oder verschiedenen Klimazonen, ist mit Genotyp-Umwelt-Interaktionen zu rechnen. Es gibt insgesamt drei verschiedene Formen von Genotyp-Umwelt-Interaktionen, die auch in Abbildung 2 dargestellt sind. Einerseits, dass keine Interaktion vorliegt, also die Leistungsdifferenz der Genotypen in allen Umwelten gleich ist. Andererseits kann es zu einer schwachen Interaktion kommen, diese wird zum Teil auch als reiner Skaleneffekt bezeichnet (Dillon et al., 2006), wenn sich die Leistungsdifferenz leicht ändert aber die Rangierung gleichbleibt. Die dritte Form stellt eine starke Genotyp-Umwelt-Interaktion dar, in dieser Situation verändert sich die Leistungsdifferenz derart, sodass sich auch die Rangierung der beiden Genotypen verschiebt. Das bedeutet, dass die in einer Umwelt genetisch überlegenen Tiere in einer anderen Umwelt deutlich schlechtere Leistungen erbringen (Gaillard, 1996; Willam & Simianer, 2011).

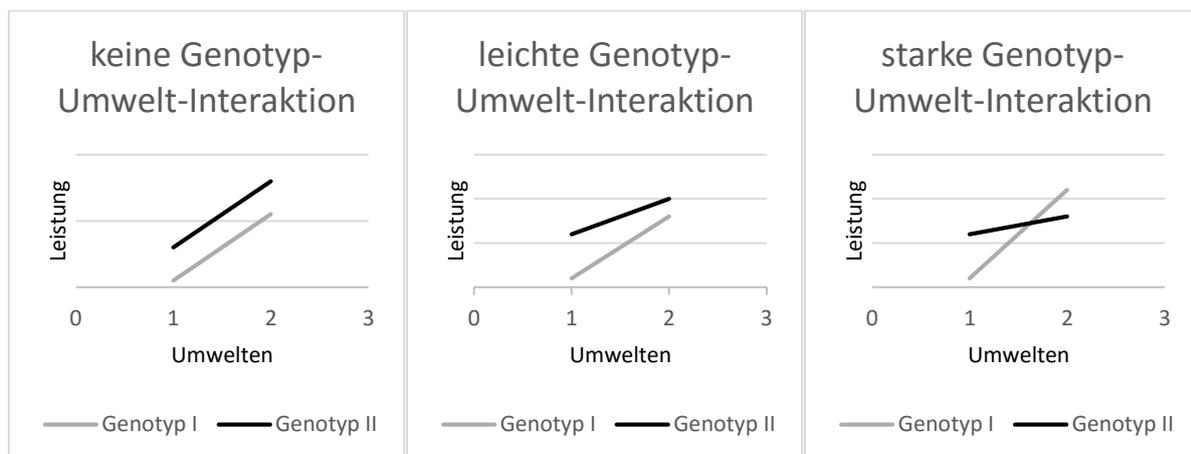


Abbildung 2: Darstellung der Genotyp-Umwelt-Interaktionen nach Willam & Simianer 2011

Im Wesentlichen können Genotyp-Umwelt-Interaktionen anhand von drei Methoden berechnet werden. Dabei wird zwischen Varianzanalysen, genetischen Korrelationen und Reaktionsnormen-Modellen unterschieden. Die Methodenwahl hängt vom Datenmaterial ab. Die Varianzanalyse und die Berechnung der genetischen Korrelation erfordert die Einteilung von Genotypen und Umwelten in mindestens zwei eindeutige Klassen (z.B. Länder oder Produktionssysteme). Hingegen ist bei der Anwendung von Reaktionsnormen-Modellen eine diskrete Klasseneinteilung nicht erforderlich (Kolmodin et al., 2002).

Bei der Berechnung mithilfe von Varianzanalysen wird das genetische Modell $Phänotyp (P) = Genotyp (G) + Umwelt (E)$ um die Wechselwirkung zwischen Genotyp und Umwelt erweitert ($P = G + E + G \times E$). Auf diese Weise werden unter anderem Interaktionen zwischen einzelnen Herden und Zuchtstieren ermittelt (Boelling et al., 2003).

Reaktionsnormen-Modelle greifen auf zufällige Regressionsmodelle zurück, die den Genotyp als eine kontinuierliche Funktion seiner Umwelt darstellen (Cardoso et al., 2009). Denn die Umweltempfindlichkeit eines Genotyps stellt die Regression seines eigenen Werts auf den Wert der Umwelt dar (Falconer & Mackay, 1996). Das Reaktionsnorm-Modell ist in zwei Teilen aufgebaut. Zum einen gibt es den umwelt-unabhängigen Teil, den „Level“, der den zufälligen Schnittpunkt der Reaktionsnorm darstellt. Der zweite Teil besteht aus der umwelt-abhängigen „Neigung“, dem zufälligen linearen Koeffizienten der zufälligen Regression des Umweltparameters (Calus et al., 2002).

Werden Genotyp-Umwelt-Interaktionen mithilfe von genetischen Korrelationen berechnet, dann erfolgt die Berechnung der genetischen Korrelation zwischen zwei Umwelten analog zur Berechnung der genetischen Korrelation zwischen zwei Merkmalen. Die gemessenen Leistungen in einem Merkmal in den verschiedenen Umwelten werden nicht als ein, sondern getrennt als zwei Merkmale betrachtet. Die genetische Korrelation (r_a) zwischen diesen Merkmalen besagt in welchem Ausmaß dieselben Gene zur Ausprägung des Merkmals beitragen. Ist r_a hoch, so entsprechen die beiden Merkmale einander beinahe vollständig. Bei einer niedrigen r_a muss davon ausgegangen werden, dass die Merkmale von unterschiedlichen Genen beeinflusst werden und sich daher stark unterscheiden.

Eine Genotyp-Umwelt-Interaktion kann aber auch durch die umweltbedingte Empfindlichkeit verschiedener Genotypen begründet werden. Sie besagt, dass eine Umweltschwankung verschiedene Auswirkungen auf einzelne Genotypen hat. Tritt eine hohe r_a auf, wird davon ausgegangen, dass die Genotypen ähnlich auf die Umweltänderung reagieren. Eine niedrige r_a besagt genau das Gegenteil, es bestehen daher unterschiedliche Umweltempfindlichkeiten. Kurz gesagt gibt es somit zwei Erklärungsansätze wie Genotyp-Umwelt-Interaktionen entstehen können, einerseits dadurch, dass in den einzelnen Umwelten verschiedene Gene für die Ausprägung eines Merkmals verantwortlich sind,

andererseits, dass die Gene in verschiedenen Umwelten unterschiedlich empfindlich sind, also anders reagieren (Falconer, 1984). Für eine niedrige genetische Korrelation können aber auch nicht additive Effekte, also Dominanz und Epistasie, verantwortlich sein (Fürst-Waltl & Fürst, 2013).

3.5.2 Genotyp-Umwelt-Interaktionen zwischen unterschiedlichen Produktionssystemen

Genotyp-Umwelt-Interaktionen können sowohl durch Unterschiede der betrachteten Produktionssysteme im Management als auch der Fütterung begründet sein (Boettcher et al., 2003). Zu Genotyp-Umwelt-Interaktionen zwischen biologischen und konventionellen Milchviehbetrieben kann es somit nicht nur aufgrund des unterschiedlichen Leistungsniveaus, sondern hauptsächlich aufgrund der verschiedenen Fütterungsstrategien und den strengeren Regeln in der biologischen Landwirtschaft kommen (Sundberg et al., 2010). Auch Schwarzenbacher (2002) sieht den größten Unterschied zwischen biologischen und konventionellen bzw. intensiven und extensiven Produktionssystemen in der Zusammensetzung und Energiekonzentration der Ration.

3.5.2.1 Genotyp-Umwelt-Interaktionen in Produktionsmerkmalen

Die Produktionsmerkmale Milch-, Fett- und Eiweiß-kg weisen in den Studien von Simianer et al. (2007), Sölkner et al. (2000, unveröffentlicht zit. nach Schwarzenbacher 2002) und Sundberg et al. (2010) genetische Korrelationen nahe 1 zwischen biologischen und konventionellen Produktionssystemen aus. Jedoch wurden in der Studie von Simianer et al. (2007) auch etwas niedrigere Werte (0,85-0,93) bei deutschen Holsteinkühen ermittelt. Signifikante Unterschiede und mäßige Genotyp-Umwelt-Interaktionen schätzten hingegen Nauta et al. (2006) für die Merkmale Milch- und Eiweiß-kg (0,80 und 0,78) zwischen biologischen und konventionellen Produktionssystemen. Die Autoren führen die geringen genetischen Korrelationen auf Unterschiede in der Futtermenge und den Fütterungssystemen zurück. Da es zu dem Zeitpunkt der Durchführung noch keine starken Einschränkungen in der biologischen Landwirtschaft gab, wurde auch vermutet, dass die genetischen Korrelationen zwischen den Produktionssystemen mit der Zunahme an Bestimmungen weiter abnehmen.

Pfeiffer et al. (2016) schätzten sowohl zwischen biologischen und konventionellen Betrieben, als auch zwischen extensiven und intensiven Produktionssystemen signifikante, aber hohe r_a (0,97-0,98) für Milch-kg. Hingegen wurden von Schwarzenbacher & Fürst (2013) etwas niedrigere r_a für Milch-kg (0,94-0,95) und Eiweiß-kg (0,89-0,90) zwischen biologischen und konventionellen, und intensiven und extensiven Fleckviehbetrieben (Herdendurchschnitte über 9.000 kg bzw. unter 6.000 kg) festgestellt. Auch Gerber et al. (2006) ermittelten zwischen extensiven und intensiven Betrieben hohe genetische

Korrelationen (0,94-0,99) für die Produktionsmerkmale. Etwas niedrigere r_a ergaben sich zwischen biologischen und konventionellen Betrieben (0,85-0,99). Für die Autoren war überraschend, dass die Werte zwischen biologischen und sehr extensiven Betrieben deutlich niedriger waren als zwischen biologischen und sehr intensiven Betrieben (Gerber et al., 2006).

Cromie et al. (1998) untersuchten die genetischen Korrelationen zwischen High-Input und Low-Input Herden (25% höchster und niedrigster Kraftfuttereinsatz pro Kuh und Jahr) in Irland und schätzten Werte von 0,92 (Milch-kg), 0,89 (Fett-kg) und 0,91 (Eiweiß-kg). Diese Ergebnisse deuten nicht auf eine Genotyp-Umwelt Interaktion hin. Allerdings wurde darauf hingewiesen, dass der Unterschied zwischen den beiden Produktionssystemen relativ gering war. Die Höhe des Kraftfuttereinsatzes in beiden Produktionssystemen unterschied sich um weniger als eine Tonne. In derselben Studie wurden daraufhin r_a zwischen verschiedenen hohen Milchleistungen berechnet. Die Herden mit den 25%, 20%, 15% und 10% besten und schlechtesten Herdendurchschnitten wurden miteinander verglichen. In den Merkmalen Milch-kg und Eiweiß-kg verringerte sich r_a von 0,96 auf 0,82, bzw. 0,95 auf 0,85, je kleiner und extremer die Gruppen wurden. Die genetische Korrelation der Fettmenge blieb über alle vier Vergleiche ähnlich hoch ($>0,90$). Generell nahm der Schätzfehler mit ansteigender Differenz zwischen den Produktionssystemen aufgrund von abnehmenden Beobachtungen zu (Cromie et al., 1998). Diese Ergebnisse stehen in Einklang mit der Studie von Berry et al. (2003), die ebenfalls mit unterschiedlichen Herdendurchschnitten arbeiteten. Sie schätzten eine signifikante r_a (0,83) für das Merkmal kumulierte Milchleistung zum 180. Tag zwischen hoher und niedriger Herdenleistung. Signifikante Genotyp-Umwelt-Interaktionen wurden von Raffrenato et al. (2003) zwischen Kühen mit unter 1.330 kg Milch und über 1.370 kg Milch Herden-Jahres-Standardabweichung ermittelt. Besonders die genetische Korrelation im Merkmal Eiweiß-kg war niedrig (0,48). Logar et al. (2007) verglichen jeweils das höchste und niedrigste Umweltquartil der Rassen Holstein, Fleckvieh und Braunvieh in Slowenien. Die genetischen Korrelationen im Merkmal Fettmenge waren über alle Rassen größer gleich 0,95. Unterschiede gab es jedoch in den restlichen Merkmalen. In der Milchmenge lagen die genetischen Korrelationen bei 0,96 (HF), 0,92 (FV) und 0,88 (BV). Für die Rasse Holstein wurde im Merkmal Eiweißmenge eine deutlich höhere r_a (0,94) geschätzt als für die anderen beiden Rassen (0,81-0,86). Windig et al. (2006) und Castillo-Juarez et al. (2000) konnten zwischen der höchsten und der niedrigsten Produktionsintensität bzw. Umweltklasse genetische Korrelationen von 0,98 für das Merkmal Milchleistung feststellen. Auch Cerón-Muñoz et al. (2004) konnten zwischen den brasilianischen und kolumbischen Kühen mit der höchsten bzw. niedrigsten Leistung eine genetische Korrelation von 0,97 ermitteln.

Beerda et al. (2007) stellten in ihrer Untersuchung fest, dass Kühe mit einer genetischen Veranlagung für eine hohe Milchleistung nur bei einer energiereichen Ration den Kühen mit niedrigerem

genetischen Potential überlegen waren. Diese Genotyp-Umwelt-Interaktion deutet an, dass die für die Milchproduktion verantwortlichen Faktoren durch eine energieärmere Ration gehemmt wurden. Allerdings senkten sowohl die Tiere mit einer genetischen Veranlagung für eine niedrige Milchleistung als auch Hochleistungskühe ihre Milchleistung bei einer energieärmeren Ration. Gerber et al. (2007) konnten feststellen, dass die Unterschiede zwischen Nieder- und Hochleistungskühen in intensiven Produktionssystemen größer sind als in extensiven Produktionssystemen. Die bessere Genetik wirkt sich somit besonders in intensiven Produktionssystemen aus.

Genetische Korrelationen zwischen konventionellen und weidebasierenden Produktionssystemen in Kanada (Boettcher et al., 2003) lagen für die Produktionsmerkmale nahe 1. Nur im Merkmal Fett-kg war der Wert signifikant verschieden (0,88). Auch in dieser Studie wurde vermutet, dass der geringe Unterschied zwischen den beiden Umwelten ein Grund für die geringen Genotyp-Umwelt Interaktionen war. Die Kühe in den weidebasierten Produktionssystemen wurden aufgrund der klimatischen Gegebenheiten nur etwa die Hälfte des Jahres auf der Weide gehalten (Boettcher et al., 2003). Fast idente Werte ergab auch die Untersuchung von Weigel et al. (1999) in den Vereinigten Staaten, die ebenfalls weidebasierte Produktionssysteme mit konventionellen verglich. Van der Laak et al. (2016) schätzten auch Werte nahe 1 zwischen Produktionssystemen mit bzw. ohne Weidezugang. Eine Erklärung für diese hohen Werte wurde ebenfalls darin gesehen, dass die Tiere nur innerhalb der Weidesaison geweidet wurden und daher ein halbes Jahr durchgehend im Stall verbrachten. Zudem wurde angenommen, dass sich die Rationen der Herden aufgrund von Beifütterung nicht allzu stark unterschieden hat (Van der Laak et al., 2016). Fahey et al. (2007) unterteilten in ihrer Studie die Weide- als auch die Stallgruppe in Quartile aufgrund der Varianz der Milchleistung. Sie konnten feststellen, dass in den zwei höchsten Quartilen keine Genotyp-Umwelt-Interaktion vorlag. Jedoch wurde im niedrigsten Quartil (0-25%) eine genetische Korrelation von nur 0,21 in der Milchleistung zwischen den Produktionssystemen ermittelt. Dieser niedrige Wert deutet trotz eines hohen Standardfehlers (0,22) auf eine Genotyp-Umwelt-Interaktion hin. Auch im zweiten Quartil lag die genetische Korrelation zwischen Weide- und Stallhaltung knapp unter 0,80. Kearney et al. (2004a) schätzten genetische Korrelationen zwischen Produktionssystemen mit und ohne Weide, aber auch zwischen intensiven und extensiven Betrieben innerhalb dieser Produktionssysteme. In den Merkmalen Milch- und Eiweißleistung waren die genetischen Korrelationen zwischen Weide- und Stallgruppe (0,89 bzw. 0,91) höher als innerhalb der Weidegruppe (0,82 bzw. 0,85). Die genetischen Korrelationen im Merkmal Fettleistung waren dagegen annähernd gleich (0,88 bzw. 0,89). Generell lagen die genetischen Korrelationen zwischen 0,82 und 1,00. Innerhalb der Stallgruppe wurden deutlich höhere r_a (0,98-1,00) geschätzt als innerhalb der Weidegruppe (0,82-0,89). Die genetischen Korrelationen zwischen Weide- und Stallgruppe bzw. innerhalb der Weidegruppe deuten laut den Studienautoren auf mögliche Unterschiede in den Rangierungen der Stiere zwischen den Produktionssystemen hin.

Auch zwischen unterschiedlichen australischen Abkalbesystemen (saisonal bis ganzjährig) konnten hohe r_a (0,97-0,99) festgestellt werden (Haile-Mariam et al., 2008). In der Untersuchung von unterschiedlichen Melksystemen gaben Mulder et al. (2004) r_a im Bereich von 0,93-0,99 zwischen automatischen und konventionellen Melksystemen an. König et al. (2005) berichteten von hohen genetischen Korrelationen (0,95) im Merkmal Proteinmenge zwischen Betrieben in West- und Ostdeutschland. Wurden im Datensatz aus Ostdeutschland jedoch nur Betriebe mit über 150 Kühen berücksichtigt, sank die genetische Korrelation auf 0,88. Innerhalb des ostdeutschen Datensatzes konnte jedoch wieder eine genetische Korrelation von 0,98 zwischen großen (≥ 150 Tiere) und kleinen (≤ 50 Tiere) Betrieben geschätzt werden.

Abschließend sind die in den unterschiedlichen Studien geschätzten Genotyp-Umwelt-Interaktionen in den Produktionsmerkmalen Milch-, Fett- und Eiweißmenge in Tabelle 7 zusammengefasst. Die genetischen Korrelationen zwischen verschiedenen Ländern liegen in den meisten Fällen über 0,80. Auch zwischen den meisten Produktionssystemen innerhalb eines Landes wird von genetischen Korrelationen von über 0,90 berichtet (König et al., 2005).

Tabelle 7: Übersicht über Genotyp-Umwelt-Interaktionen in den Produktionsmerkmalen

Studie	Land	Rasse	Milch-kg	Fett-kg	Eiweiß-kg	Produktionssysteme
Nauta et al. (2006)	NLD	HF	0,80*	0,88	0,78*	BIO – KON
Sundberg et al. (2010)	SWE	HF	0,97/0,96	1,00/0,97	0,98	BIO – KON
Simianer et al. (2007)	DEU	HF	0,91-0,93	0,85-0,92	0,89-0,92	BIO – KON
	CHE	FV	0,96	0,98	0,97	
Sölkner et al. (2000) ¹	AUT	FV	1,00			BIO – KON
			0,98			(1.-3. Laktation)
			0,97			
Pfeiffer et al. (2016)	AUT	FV	0,98*			BIO – KonN
			0,97*			BIO – KonH
			0,98*			KonN - KonH
Gerber et al. (2006)	DEU	FV	0,97-0,99	0,97-1,00	0,97-0,98	Extensiv – Intensiv
			0,95	0,94	0,90-0,95	sehr ext. – sehr int.
			0,94	0,95	0,88	BIO – KON
			0,93	0,92	0,85	BIO – sehr extensiv
Schwarzenbacher & Fürst (2013)	AUT	FV	0,99	0,98	0,98	BIO – sehr intensiv
			0,94		0,90	BIO – KON
			0,95		0,89	Extensiv - Intensiv
Cromie et al. (1998)	IRL		0,92	0,89	0,91	Extensiv - Intensiv

Berry et al. (2003)	IRL	HF	0,83 ^{**a}			Extensiv - Intensiv
Castillo-Juarez et al. (2000)	USA	HF	0,98			Extensiv - Intensiv
Raffrenato et al. (2003)	ITA	HF	0,63	0,66	0,48	Extensiv - Intensiv
Windig et al. (2006)	NLD	HF	0,98			Extensiv - Intensiv
Cerón-Muñoz et al. (2004)	BRA, COL	HF	0,97			Extensiv - Intensiv
Logar et al. (2007)	SVN	HF	0,96	0,96	0,94	Extensiv - Intensiv
		FV	0,92	0,95	0,81	
		BV	0,88	0,95	0,86	
Van der Laak et al. (2016)	DNK	HF	0,99	0,98	0,97	Weide - Stall
Boettcher et al. (2003)	CAN	HF	0,93	0,88 [*]		Weide - Stall
Weigel et al. (1999)	USA	HF	0,92	0,88	0,99	Weide - Stall
Kearney et al. (2004a)	USA	HF	0,89 [*]	0,88 [*]	0,91 [*]	Weide – Stall
			0,98	0,99	1,00	Stall ext. – int.
			0,82 [*]	0,89	0,85 [*]	Weide ext. – int.
Fahey et al. (2007)	USA		0,21	1,00	0,78	Weide – Stall
			0,77	0,84	0,80	(kleinste bis größte
			0,97	0,99	0,93	Varianzquartile)
			0,86	0,87	0,85	

* signifikant von 1 verschieden ¹ unveröffentlicht zit. nach Schwarzenbacher (2002) ^a 180-Tage-Milchleistung
Österreich (AUT), Brasilien (BRA), Kanada (CAN), Schweiz (CHE), Kolumbien (COL), Deutschland (DEU), Dänemark (DNK), Irland (IRL), Italien (ITA), Niederlande (NLD), Slowenien (SVN), Schweden (SWE), Vereinigte Staaten (USA)
Braunvieh (BV), Fleckvieh (FV), Holstein Friesian (HF)

3.5.2.2 Genotyp-Umwelt-Interaktionen in Fitnessmerkmalen

In diesem Kapitel werden unterschiedliche Studien zu Genotyp-Umwelt-Interaktionen in funktionalen Merkmalen beschrieben. Abschließend erfolgt eine Zusammenfassung einiger Merkmalskomplexe anhand von Tabellen.

Sundberg et al. (2010) untersuchten genetische Korrelationen für einige Fruchtbarkeitsmerkmale in der 1. und 2. Laktation zwischen biologischen und konventionellen Produktionssystemen in Schweden. In der Rasse Swedish Red wurden hohe (>0,88) und keine signifikanten r_a festgestellt. Dagegen wiesen bei Schwedisch Holstein insgesamt drei signifikante r_a in der 2. Laktation auf Genotyp-Umwelt-Interaktionen hin. Neben Erstbesamungserfolg (0,54), Zwischenkalbezeit (0,64) und Serviceperiode

(0,72) waren auch die Werte für Verzögerungszeit (0,79) in der 2. Laktation und Erstbesamungserfolg (0,71) in der 1. Laktation gering, jedoch nicht signifikant. Die Gründe für diese Genotyp-Umwelt-Interaktionen lagen laut den Autoren in der geringeren Energiedichte des biologischen Futters (Reksen et al., 1999), die Studien zufolge (Pryce et al., 1999) die Fruchtbarkeit von Holsteinkühen beeinträchtigen kann. Weiters zeigte es sich, dass die Werte in der 1. Laktation (0,71-1,00) meist höher waren als in der 2. Laktation (0,54-1,00) und in den Sommermonaten geringer waren als in den Wintermonaten. Die Werte für Serviceperiode und Verzögerungszeit in der 2. Laktation sanken etwa im Sommer auf 0,30 bzw. 0,37. Ein Grund für diese Ergebnisse wird in der unterschiedlichen Intensität der Weidehaltung und der Beifütterung in den schwedischen Produktionssystemen gesehen. In derselben Studie wurden anschließend auch r_a zwischen zwei konventionellen Produktionssystemen mit unterschiedlich hoher Milchleistung (Differenz 1.000 kg) geschätzt. Da die Werte der Fruchtbarkeitsmerkmale über 0,91 lagen, wurde davon ausgegangen, dass ein Leistungsunterschied zwischen Produktionssystemen nicht der einzige Grund für die Genotyp-Umwelt-Interaktionen war.

In Untersuchungen am Schweizer Fleckvieh (Simianer et al., 2007) lag die genetische Korrelation zwischen biologischen und konventionellen Produktionssystem im Merkmal Rastzeit zwischen 0,78 und 0,83. Allerdings waren in diesem Datensatz die Varianzen des permanenten Umwelteffektes zum Teil unterschiedlich, sodass diese Ergebnisse mit Vorsicht zu betrachten sind. Generell waren in dieser Studie die Schätzfehler der Fitnessmerkmale hoch. Noch geringere genetische Korrelationen (0,52 – 0,75) wurden bei der Zellzahl ermittelt. Die Autoren führen dies auf vermehrte Zellzahlprobleme, aufgrund von härteren Umweltbedingungen bezüglich Eutergesundheit, auf Biobetrieben zurück. Im Merkmal Nutzungsdauer (bzw. produktive Lebensdauer) wurde eine genetische Korrelation von 0,74 festgestellt (Simianer et al., 2007). Ahlman et al. (2011) konnten in Untersuchungen mit schwedischen Holsteinkühen zwischen biologischen und konventionellen Produktionssystemen höhere r_a (>0,88) für verschiedene Nutzungsdauermerkmale schätzen.

Die genetischen Korrelationen in den Fitnessmerkmalen Persistenz, funktionale Nutzungsdauer, Zellzahl, klinische Mastitis, Milchfieber, frühe Fruchtbarkeitsstörungen, Zysten, Non-Return-Rate 56 und Verzögerungszeit waren in der Studie von Pfeiffer et al. (2016) sowohl zwischen biologischen und konventionellen, als auch zwischen verschiedenen konventionellen Produktionssystemen hoch ($\geq 0,89$). Schwarzenbacher & Fürst (2013) untersuchten ebenfalls die genetischen Korrelationen zwischen biologischen und konventionellen als auch zwischen extensiven und intensiven Betrieben. In allen untersuchten Fitnessmerkmalen (Non-Return-Rate Kuh, Rastzeit, Verzögerungszeit Kuh, Zellzahl und Melkbarkeit) wurden hohe r_a (0,99-1,00) ermittelt.

Raffrenato et al. (2003) schätzten für das Merkmal Zellzahl eine hohe genetische Korrelation von 0,96 zwischen intensiven und extensiven Produktionssystemen. Einen ähnlichen Wert (0,98) konnten auch

Castillo-Juarez et al. (2000) zwischen amerikanischen Holsteinkühen in einer hohen (durchschnittliche Herdenmilchleistung ≥ 9864 kg; Standardabweichung ≥ 1621 kg) und einer niedrigen Umweltklasse (durchschnittliche Herdenmilchleistung ≤ 9307 kg; Standardabweichung ≤ 1479 kg) feststellen. Weiters wurde für das Merkmal Erstbesamungserfolg eine genetische Korrelation von 1,00 ermittelt. Hohe genetische Korrelationen schätzten auch Windig et al. (2006) zwischen der höchsten und niedrigsten Produktionsintensität in den Fruchtbarkeitsmerkmalen Rastzeit und Besamungsindex (0,91 bzw. 0,97) in den Niederlanden. Außerdem wiesen sie im Merkmal Zellzahl ebenso hohe r_a (0,99) nach.

Boettcher et al. (2003) ermittelten für das Merkmal Zwischenkalbezeit eine genetische Korrelation von 0,64 zwischen konventionellen Produktionssystemen und Produktionssystemen mit mindestens sechs Monaten intensiver Beweidung. Dieser geringe, aber nicht signifikante Wert ließ sich von den Autoren durch die unterschiedlichen Heritabilitäten in diesem Merkmal erklären. Kearney et al. (2004b) berichteten dagegen von Werten für genetische Korrelationen von 1,00 in ähnlichen Produktionssystemen in den Vereinigten Staaten für die Merkmale Serviceperiode, Rastzeit und Besamungsindex. Ein weiterer Datensatz für das Merkmal Serviceperiode ergab jedoch ebenfalls einen niedrigen Wert (0,74), allerdings mit einem hohen Standardfehler. Die Autoren führten diesen Wert auf einen Stichprobenfehler zurück.

Für das Merkmal Zellzahl lagen die genetischen Korrelationen zwischen Weide- und Stallsystemen bei Fahey et al. (2007) im Bereich von 0,78 bis 0,98. Die Werte schwankten dabei stark zwischen den einzelnen Varianzquartilen (1. und 3. Quartil $r_a = 0,78$) und es war daher kein eindeutiger Trend erkennbar. Höhere genetische Korrelationen (1,03) in diesem Merkmal ermittelten Van der Laak et al. (2016) zwischen Produktionssystemen mit und ohne Weidegang in den Niederlanden.

Zwischen unterschiedlichen Abkalbungssystemen schätzten Haile-Mariam et al. (2008) hohe r_a für Nutzungsdauer ($>0,90$) und mehrere Fruchtbarkeitsmerkmale. Die Werte für die Fruchtbarkeitsmerkmale lagen bis auf zwei Ausnahmen zwischen 0,83 und 0,99. Niedrige r_a ergaben sich für das Merkmal Rastzeit (0,77) zwischen saisonaler und zweimal jährlicher Abkalbung und die Trächtigkeitsrate (0,37) zwischen ganzjähriger und zweimal jährlicher Abkalbung. Die Standardfehler für diese Merkmale waren jedoch hoch (0,11/1,53), deshalb sollten diese Ergebnisse nur vorsichtig interpretiert werden. Die genetischen Korrelationen zwischen verschiedenen australischen Regionen waren ebenfalls hoch (Haile-Mariam et al., 2008).

Laut einer Untersuchung von Bapst und Stricker (unveröffentlicht, zit. nach Simianer et al., 2007) gab es deutlich mehr Unterschiede wenn, anstatt der Betriebsintensität bzw. Bewirtschaftungsart, die Lage der Betriebe betrachtet wurde. So konnten stärkere Genotyp-Umwelt-Interaktion zwischen den Umwelten Bergegebiet und Talgebiet geschätzt werden.

In Tabelle 8 sind alle Genotyp-Umwelt-Interaktionen von Nutzungsdauermerkmalen dargestellt. Die (funktionale) Nutzungsdauer stellt ein wichtiges funktionales Merkmal dar. Sie vereint gewissermaßen alle funktionalen Merkmale und hat daher einen großen Einfluss auf die Wirtschaftlichkeit der Milchproduktion (Ahlman et al., 2011). Fruchtbarkeit gehört sowohl bei konventionellen als auch bei biologischen Betrieben zu den häufigsten Abgangsursachen, gefolgt von Mastitis, Eutergesundheit und Milchleistung (Ahlman et al., 2011; Rozzi et al., 2007). In einer deutschen Studie (Deger et al., 2015) wurden in biologisch geführten Betrieben sonstige Gründe und Unfruchtbarkeit besonders häufig als Abgangsursachen angegeben. Auch in Österreich wurde 2015 Fruchtbarkeit mit 24% als häufigster Abgangsgrund der Rasse Fleckvieh genannt. Verkauf zur Zucht, sonstige Gründe und Euterkrankheiten waren ebenfalls mit über 10% unter den häufigsten Abgangsursachen (ZuchtData, 2015). In biologischen Betrieben ist die Abgangsrate tendenziell niedriger als in konventionellen Betrieben (Deger et al., 2015; Rozzi et al., 2007). Genetische Korrelationen in den Nutzungsdauermerkmalen liegen generell in einem hohen Bereich, nur Simianer et al. (2007) berichten von Werten unter 0,88 (Tabelle 8).

Tabelle 8: Genotyp-Umwelt-Interaktionen für das Merkmal Nutzungsdauer

Studie	Land	Rasse	Merkmal	r_a	Produktionssysteme
Simianer et al. (2007)	DEU	HF	Nutzungsdauer	0,74	BIO - KON
			Nutzungsdauer	1,00	
Ahlman et al. (2011)	SWE	Schwedisch Holstein	Überleben der 1. Laktation	1,00	
			Überleben der 2. Laktation	0,88	
			Überleben der 3. Laktation	1,00	BIO - KON
			Fruchtbarkeitsbezogenes Überleben	0,88	
			Eutergesundheitsbezogenes Überleben	0,90	
Pfeiffer et al. (2016)	AUT	FV	Funktionale Nutzungsdauer	0,97	BIO – KonN
				0,93	BIO – KonH
				0,89	KonN - KonH
Schwarzenbacher & Fürst (2013)	AUT	FV	Nutzungsdauer	0,91	BIO – KON
				1,00	Extensiv - Intensiv

Österreich (AUT), Deutschland (DEU), Schweden (SWE), Fleckvieh (FV), Holstein Friesian (HF)

In Tabelle 9 werden die Genotyp-Umwelt-Interaktionen im Merkmal Zellzahl dargestellt. Bis auf die Studien von Simianer et al. (2007) und Fahey et al. (2007) wurden hohe r_a , nahe bei 1,00, geschätzt.

Tabelle 9: Genotyp-Umwelt-Interaktionen für das Merkmal Zellzahl

Studie	Land	Rasse	r_a	Produktionssysteme
Simianer et al. (2007)	DEU	HF	0,52-0,75	BIO - KON
Sundberg et al. (2010)	SWE	HF	1,00/0,94	BIO – KON (1./2. Laktation)
Pfeiffer et al. (2016)	AUT	FV	0,96 0,94* 1,00	BIO – KonN BIO – KonH KonN - KonH
Schwarzenbacher & Fürst (2013)	AUT	FV	1,00 1,00	BIO – KON Extensiv - Intensiv
Windig et al. (2006)	NLD	HF	0,99	Extensiv – Intensiv
Raffrenato et al. (2003)	ITA	HF	0,96	Extensiv- Intensiv
Castillo-Juarez et al. (2002)	USA	HF	0,98	Extensiv - Intensiv
Van der Laak et al. (2016)	NLD	HF	1,03	Weide - Stall
Fahey et al. (2007)	USA		0,78 0,98 0,78 0,96	Weide – Stall (kleinste bis größte Varianzquartile)

* signifikant von 1 verschieden

Österreich (AUT), Deutschland (DEU), Italien (ITA), Niederlande (NLD), Schweden (SWE), Vereinigte Staaten (USA)
Fleckvieh (FV), Holstein Friesian (HF)

Tabelle 10 fasst die Genotyp-Umwelt-Interaktionen für verschiedene Fruchtbarkeitsmerkmale zusammen. Auch für diese Merkmale sind die genetischen Korrelationen in den meisten Studien nahe 1,00. Ausnahmen stellen Simianer et al. (2007), Boettcher et al. (2003) und zum Teil Sundberg et al. (2010) und Kearney et al. (2004b) dar.

Tabelle 10: Genotyp-Umwelt-Interaktionen für verschiedene Fruchtbarkeitsmerkmale

Studie	Land	Rasse	Merkmal	r_a	Produktionssysteme
Sundberg et al. (2010)	SWE	HF	ZKZ	0,93/0,64*	BIO - KON (1./2. Laktation)
			EBE	0,71/0,54*	
			SP	0,99/1,00	
			VZ	1,00/0,72*	
Simianer et al. (2007)	CHE	FV	Rastzeit	0,78-0,83	BIO-KON
Pfeiffer et al. (2016)	AUT	FV	NRR56	0,99	BIO – KonN
				0,98	BIO – KonH
				0,94	KonN - KonH
				0,90	BIO – KonN
				0,94	BIO – KonH
				0,95	KonN - KonH
Schwarzenbacher & Fürst (2013)	AUT	FV	NRR Kuh	1,00	BIO – KON
				1,00	Extensiv - Intensiv
				1,00	BIO – KON
				1,00	Extensiv - Intensiv
				1,00	BIO – KON
				1,00	Extensiv - Intensiv
Windig et al. (2006)	NLD	HF	Rastzeit	0,91	Extensiv - Intensiv
				0,87	
Castillo-Juarez et al. (2000)	USA	HF	EBE	1,00	Extensiv - Intensiv
				0,74-1,00	
Kearney et al. (2004b)	USA	HF	RZ	1,00	Weide - Stall
				1,00	
				1,00	
Boettcher et al. (2003)	CAN	HF	ZKZ	0,64	Weide - Stall

* signifikant von 1 verschieden

Österreich (AUT), Kanada (CAN), Schweiz (CHE), Niederlande (NLD), Schweden (SWE), Vereinigte Staaten (USA)
Fleckvieh (FV), Holstein Friesian (HF)

Besamungsindex (BI), Erstbesamungserfolg (EBE), Non-Return-Rate (NRR), Serviceperiode (SP), Verzögerungszeit (VZ), Zwischenkalbezeit (ZKZ)

3.5.3 Auswirkungen auf die Zucht

Genotyp-Umwelt-Interaktionen gewinnen besonders aufgrund von einer fortschreitenden globalen Ausrichtung der Zuchtprogramme an Bedeutung. Zuchttiere müssen in den verschiedensten Umwelten gute Leistungen erbringen können (Mulder, 2007).

Genotyp-Umwelt-Interaktionen wirken sich auf die Zuverlässigkeit der Selektion, die Selektionsintensität und die genetische Varianz des Zuchtziels aus. Infolge der geringeren Zuverlässigkeit sinkt auch der Zuchtfortschritt (Mulder, 2007). Wird in Selektionsindices nicht auf Genotyp-Umwelt-Interaktionen Rücksicht genommen, kommt es deshalb zu einer Überschätzung des Zuchtfortschrittes. Je signifikanter die Genotyp-Umwelt-Interaktion ist, desto ausgeprägter ist die Abweichung (Dominik & Kinghorn, 2008). In Hinsicht auf die Praxis haben hohe Genotyp-Umwelt-Interaktionen einen größeren Einfluss auf die Tierzucht als die auch als reine Skaleneffekte bezeichneten schwachen Genotyp-Umwelt-Interaktionen (Dillon et al., 2006). Laut Boelling et al. (2003) werden Genotyp-Umwelt-Interaktionen unter der Grenze von 0,80 als hoch bzw. beachtlich beschrieben. Beim Vorliegen von hohen Genotyp-Umwelt-Interaktionen kann es zu einer veränderten Rangierung der besten Stiere kommen. Dadurch werden möglicherweise falsche Selektionsentscheidungen getroffen (Pfeiffer et al., 2016). In besonderen Fällen müssen sogar eigene Zuchtprogramme entwickelt werden (Fürst-Waltl & Fürst, 2013).

Ist die genetische Korrelation zwischen zwei Umwelten kleiner als 0,61, so sollten getrennte Zuchtprogramme durchgeführt werden. Liegt der Wert darüber, wird der höchste Zuchtfortschritt in einem gemeinsamen Zuchtprogramm erreicht. Dies konnte anhand einer Simulationsstudie von Mulder et al. (2006) gezeigt werden. Ein rascher Zuchtfortschritt ist deshalb leichter durch eine gemeinsame Zuchtpopulation erreichbar, da bei einem gemeinsamen Zuchtziel die Selektionsintensität höher ist (Boelling et al., 2003). Außerdem würden durch getrennte Zuchtprogramme höhere Kosten entstehen, da die Stiere in beiden Umwelten getestet werden müssten (Fürst-Waltl et al., 2013). Wenn eine Umwelt von geringer Bedeutung ist, wird es daher noch schwerer sein ein getrenntes Zuchtprogramm zu rechtfertigen. (Mulder et al., 2006).

Anstatt ganze Zuchtprogramme durchzusetzen, können auch spezifische Gesamtzuchtwerte (GZW) genutzt werden, etwa ein ökologischer GZW. Dessen Übernahme wird von einigen Organisationen für Österreich gefordert (Steinwider & Krogmeier, 2014). Ein eigener Gesamtzuchtwert für Kühe, die auf biologisch wirtschaftenden Betriebe gehalten werden, ist jedoch nicht optimal, da es zu einem geringeren Zuchtfortschritt, aufgrund von eingeschränkter genetischer Variabilität, kommen kann (Fürst, 2013). In Deutschland existiert ein solcher GZW bereits mit einer Gewichtung von 20 : 15 : 65% für jeweils Milch, Fleisch und Fitness (Postler, 2006). Im Vergleich dazu werden im ökonomischen

Gesamtzuchtwert die Komplexe Milch, Fleisch und Fitness mit 38 : 18 : 44% gewichtet (Fürst et al., 2016). Anhand von Modellrechnungen wurde festgestellt, dass der monetäre Selektionserfolg durch eine höhere Gewichtung um 50% im Fitnessbereich nur wenig (-3%) geschwächt wird. Von einer noch höheren Gewichtung wird jedoch abgeraten. Auf die Rangierung der besten Stiere hätte allerdings auch eine Verdoppelung des Gewichts für den Komplex Fitness keinen Einfluss, da die Korrelation zum ökonomischen Gesamtzuchtwert in diesem Fall bei einem hohen Wert von 0,96 liegt (Fürst, 2013).

Die Notwendigkeit unterschiedlicher Zuchtziele oder Zuchtprogramme hängt jedoch nicht nur von möglichen Genotyp-Umwelt-Interaktionen ab. Sie wird auch durch (unterschiedliche) Zielvorstellungen, die Ablehnung von gewissen Zuchtmethoden wie z.B. Embryotransfer (Fürst, 2013) und sozioökonomischen Interessen gesteuert (Boelling et al., 2003).

Es findet sich bereits in den aktuellen Zuchtprogrammen eine große Auswahl an Tieren die in verschiedenen Produktionssystemen und auch in biologisch wirtschaftenden Betrieben getestet wurden. Die Züchter/Innen können daher auf eine große Anzahl von geschätzten Zuchtwerten zurückgreifen und sich anhand dieser und des betriebsspezifischen Zuchtziels passende Stiere auswählen (Fürst, 2013).

4 Material und Methode

Im folgenden Kapitel werden die definierten Produktionssysteme, der verwendete Datensatz und die untersuchten Merkmale dieser Arbeit dargestellt. Des Weiteren werden der approximative multivariate Zweischrittansatz, welcher in dieser Arbeit zur Anwendung kam, und das verwendete Modell erklärt.

4.1 Produktionssysteme

Ziel der Arbeit war es, verschiedene Produktionssysteme miteinander zu vergleichen. Diese sollten sich in der Bewirtschaftungsart als auch der Intensität des Managementniveaus unterscheiden. Daher wurden insgesamt drei unterschiedliche Produktionssysteme definiert. Für das erste Produktionssystem wurden nur Kühe von biologisch wirtschaftenden Betrieben selektiert. Für die beiden anderen Produktionssysteme wurden nur Kühe selektiert, die auf konventionell wirtschaftenden Betrieben gemolken wurden. Die beiden konventionellen Datensätze wurden so selektiert, dass ein maximaler Leistungsunterschied garantiert wurde.

4.3 Datenselektion

In der vorliegenden Arbeit wurden sogenannte Pseudophänotypen (de-regressierte Zuchtwerte und Yield Deviations (umweltkorrigierte Töchterabweichungen)) der Rasse Fleckvieh zur Schätzung von genetischen Parametern und Genotyp-Umwelt-Interaktion verwendet. Diese Pseudophänotypen wurden ursprünglich für die Dissertation von Pfeiffer (2015) berechnet. Pseudophänotypen wurden aufgrund des verwendeten approximativen multivariaten Zweischrittansatzes (Ducrocq et al., 2001) herangezogen.

Es standen de-regressierte Zuchtwerte und Yield Deviations (funktionale Nutzungsdauer) der gesamten österreichischen Fleckviehpopulation zur Verfügung. Alle Tiere, deren Eltern nicht bekannt waren und für die nicht in allen Merkmalen Pseudophänotypen zur Verfügung standen, wurden ausgeschlossen. Ebenso wurden nur Tiere mit einem Fremdgenanteil unter 12,5% im Datensatz behalten. Zudem wurden nur Kühe gewählt, die zwischen 1999 und 2011 geboren wurden. Pro Betrieb mussten zusätzlich mindestens fünf Tiere vorhanden sein. Das Datenmanagement erfolgte mithilfe von SAS 9.2 (SAS, 2002).

Anhand der vorgegebenen Einschränkungskriterien standen schlussendlich Daten von insgesamt 130.737 österreichischen Fleckviehkühen zur Verfügung. Die Kühe wurden aufgrund der Bewirtschaftungsart in eine biologische (BIO) und zwei konventionelle Gruppen aufgeteilt. Die Einteilung der Kühe von konventionell geführten Betrieben wurde aufgrund der Betriebsintensität in eine konventionell hohe (intensive) und konventionell niedere (extensive) Population durchgeführt. Dazu wurde der Herdenjahreseffekt für Milchmenge (transformiert auf die 1. Laktation) verwendet. Dieser kann als Maßstab für das Management eines Betriebes herangezogen werden, da die Milchleistung der Betriebe um die in der Zuchtwertschätzung berücksichtigten Umwelteinflüsse und das Anpaarungsniveau korrigiert wird (Gerber et al., 2006).

Es wurden Mittelwert (5.462 kg Milch) und Standardabweichung (655 kg Milch) berechnet und jeweils nur die Daten von Kühen mit einem Herdenjahreseffekt von über zwei Standardabweichungen vom Mittelwert behalten. Die konventionell hohe Population (KonH) enthielt somit die Daten aller Kühe mit einem Herdenjahreseffekt von mindestens 6.220 kg Milch (Mittelwert + 2 Standardabweichungen) während sich in der konventionell niederen Population (KonN) die Daten aller Kühe mit einem Herdenjahreseffekt von maximal 4.800 kg Milch (Mittelwert – 2 Standardabweichungen) befanden. Die Mittelwerte der beiden Populationen unterschieden sich ca. um 2.000 kg Milch. Die Populationen unterschieden sich auch etwas in der Größe. Den 46.015 biologisch gehaltenen Kühen standen etwa die doppelte Anzahl (84.722) an konventionell gehaltenen Kühen gegenüber. Da ein möglichst großer Datensatz angestrebt wurde, wurde dies jedoch nicht weiter berücksichtigt. Aus demselben Grund

wurde auch die biologische Gruppe nicht weiter aufgeteilt. In Tabelle 11 ist eine Charakterisierung der drei Produktionssysteme dargestellt.

Tabelle 11: Zusammenfassung der verschiedenen Produktionssysteme

Produktionssystem	Biologisch	Konventionell hoch	Konventionell nieder
Tierzahl	46.015	53.882	30.840
Betriebsanzahl	2.657	1.486	1.911
Herdenjahreseffekt*			
Minimum – Maximum	3.274 – 7.287	6.220 – 8.350	1.948 – 4.800
Mittelwert	5.076	6.558	4.452
Standardabweichung	574	312	305
Abgangsrate (in %)	56,5	69,0	66,3

*für das Merkmal Milchleistung, transformiert auf die 1. Laktation

Aus Tabelle 11 ist ersichtlich, dass sich biologische und konventionell niedere Betriebe hinsichtlich des Besatzes deutlich von konventionell hohen Betrieben unterscheiden. Während in den beiden erstgenannten Produktionssystemen im Durchschnitt etwa 16-17 Milchkühe gehalten wurden, war die Tieranzahl in den konventionell hohen Betrieben doppelt so hoch.

Es wurde auch die Abgangsrate berechnet, diese betrug bei den biologisch gehaltenen Tieren 56,5% und bei den konventionellen Populationen 66,3% (KonN) bzw. 69% (KonH). Diese Kennzahl ist wichtig für die Berechnung der funktionalen Nutzungsdauer und gibt an, welcher Prozentsatz der berücksichtigten Tiere bereits abgegangen ist. In den Pedigrees wurden vier zurückliegende Generationen berücksichtigt, wodurch sich bei BIO 162.560 Tiere, bei KonH 159.943 und bei KonN 118.010 Tiere im Pedigree befanden.

Wie in Tabelle 12 zu sehen ist, unterschied sich die Anzahl der verwendeten Stiere nur geringfügig zwischen den Produktionssystemen. Die größte Anzahl an unterschiedlichen Vätern wurde auf biologisch geführten Betrieben eingesetzt, die geringste in den konventionell hohen Produktionssystemen. Die numerisch höchste Überschneidung fand sich zwischen BIO und KonN, 2.334 Stiere haben in beiden Populationen Töchter. Zwischen den restlichen Produktionssystemen waren die Werte nur geringfügig niedriger. Prozentuell betrugen die Überschneidungen in allen Fällen über 70%.

Tabelle 12: Anzahl der Väter in den Produktionssystemen Biologisch (BIO), Konventionell hoch (KonH) und Konventionell nieder (KonN)

	BIO	KonH	KonN
BIO	3.102	2.246	2.334
KonH		2.840	2.206
KonN			2.944

Die einzelnen Väter wurden in den Produktionssystemen unterschiedlich oft genutzt. In den biologisch wirtschaftenden Betrieben lag die Besamungshäufigkeit mit einem Stier zwischen einer Besamung und 1.210 Besamungen. Ähnlich hoch lag die Spanne bei den konventionell hohen Betrieben mit 1 – 1.486 Besamungen, nur bei den konventionellen niedrigen Produktionssystemen war sie mit 1 – 649 Besamungen pro Stier deutlich niedrigerer.

Für die Berechnungen der Genotyp-Umwelt-Interaktionen wurden im Pedigree jedes Produktionssystems jeweils zwei Generationen berücksichtigt (Tabelle 13). Die meisten Tiere befanden sich bei BIO – KonH im Pedigree, konkret 239.714 Tiere bei einem Stichprobenumfang von 99.894. BIO – KonN und KonH – KonN wiesen eine etwas niedrigere Anzahl an Tieren im Pedigree (± 200.000) auf. Der Stichprobenumfang lag bei BIO – KonN (76.898) etwas niedriger als bei KonH – KonN (84.768).

Tabelle 13: Datensätze zur Berechnung der Genotyp-Umwelt-Interaktionen

	BIO - KonH	BIO - KonN	KonH - KonN
Tiere im Pedigree	239.714	200.485	204.085
Pseudophänotypen	99.894	76.898	84.768

4.4 Merkmale

Es wurden insgesamt neun Merkmale untersucht: Milch-, Fett- sowie Eiweiß-kg, Persistenz (PERS), funktionale Nutzungsdauer (ND), Zellzahl (ZZ), Melkbarkeit (MBK), Eutergesundheitswert (EGW) und Fruchtbarkeitsindex (FRW).

Der Eutergesundheitswert (EGW) setzt sich dabei aus den Merkmalen Zellzahl und Mastitis, mit einer Gewichtung von 70 : 30%, zusammen. Als Hilfsmerkmale ohne Gewicht dienen beim Fleckvieh dabei die Exterieurmerkmale Voreuteraufhängung, Euterboden bzw. Eutertiefe und Strichplatzierung vorne. Im Fruchtbarkeitswert (FRW) sind der maternale Fruchtbarkeitsindex (FRUmat) sowie die Zuchtwerte für frühe Fruchtbarkeitsstörungen und Zysten mit einer Gewichtung von 53 : 33 : 14% inkludiert. FRUmat umfasst dabei die Merkmale Non-Return-Rate (NR) bei Kalbinnen und Kühen sowie die

Verzögerungszeit (VZ) bei Kalbinnen und Kühen im Verhältnis $1/8$ NR-Kalbin + $3/8$ NR-Kuh + $1/8$ VZ-Kalbin + $3/8$ VZ-Kuh. Beide Merkmale, Eutergesundheitswert und Fruchtbarkeitwert, werden mit der Indexmethode berechnet (Fürst et al., 2015).

4.5 Statistische Auswertung

Es wurde in dieser Arbeit auf sogenannte Pseudophänotypen zurückgegriffen. Zu diesen zählen de-regressierte Zuchtwerte und Yield Deviations (umweltkorrigierte Töchterabweichungen). Beide können im Rahmen der Routine-Zuchtwertschätzung berechnet werden. Zur Gewichtung im multivariaten Tiermodell werden bei beiden Pseudophänotypen die Eigenleistungsäquivalente herangezogen. Diese Gewichtung ist notwendig, da für jede Kuh unterschiedlich viel Information vorliegt (Pfeiffer, 2015). In dieser Arbeit wurden Yield Deviations für die funktionale Nutzungsdauer berechnet (Ducrocq et al., 2001). Die Routine-Zuchtwertschätzung erfolgt mit dem Programmpaket Survival Kit v6 (Mészáros et al., 2013) und basiert auf einem Weibull-Modell (Fürst et al., 2015). Für alle anderen Merkmale wurden de-regressierte Zuchtwerte mit der Methode nach Jairath et al. (1998) und Schaeffer (2001) berechnet, die im Programmpaket MiX99 (Lidauer et al., 2013), das für die Routine-Zuchtwertschätzung verwendet wird, implementiert ist.

Yield Deviations repräsentieren die Durchschnittsleistungen eines Tieres korrigiert um alle fixen und nicht-genetischen Effekte (Mrode, 2005). In ihnen ist somit nur mehr der genetische Wert des Tieres und ein zufälliger Resteffekt enthalten. Die mittlere Leistungsabweichung eines Einzeltieres kann wie folgend berechnet werden (Mrode, 2005):

$$y^* = y - X\hat{b}$$

y phänotypische Beobachtungen eines Tieres

X Matrix der geschätzten fixen Effekte

\hat{b} Vektor der geschätzten fixen Effekte

De-regressierte Zuchtwerte (drZW) werden durch die De-regression der Zuchtwerte zum Populationsmittel hin berechnet. Durch diesen Schritt wird die durchschnittliche Information der Eltern, welche im Zuchtwert des Tieres inkludiert ist, entfernt. Benötigt wird dazu die Sicherheit des geschätzten Zuchtwertes. Merkmale die mit einem linearen Modell geschätzt werden, können gut de-regressiert werden. Die Berechnung kann auf folgende Weise dargestellt werden (Mrode, 2005):

$$drZW = \frac{\hat{a} - PA}{r^2}$$

\hat{a} geschätzter Zuchtwert

PA durchschnittlicher Zuchtwert der Eltern

r^2 Sicherheit des geschätzten Zuchtwertes

Die Auswertung wurde mithilfe eines approximativen multivariaten Zweischrittansatzes durchgeführt. Dieser wurde für diese Arbeit ausgewählt, da auf diese Weise Pseudophänotypen von verschiedenen statistischen Modellen kombiniert werden können. Zudem wird durch das relativ simple Modell die Prozessorzeit reduziert (Pfeiffer et al., 2016). Im ersten Schritt des approximativen multivariaten Zweischrittansatzes (Ducrocq et al., 2001) werden die Pseudophänotypen (de-regressierte Zuchtwerte und Yield Deviations) und die zugehörigen Gewichte berechnet. Dazu werden Zuchtwerte anhand der aktuellen Zuchtwertschätzung in Österreich geschätzt und anschließend de-regressiert. Yield Deviations werden gesondert berechnet. Im zweiten Schritt wird ein multivariates Tiermodell angewandt um Varianzen und Zuchtwerte zu schätzen (Pfeiffer, 2015).

In dieser Arbeit wurden die Heritabilitäten mithilfe eines linearen univariaten Tiermodells und die genetischen Korrelationen bzw. Genotyp-Umwelt-Interaktionen mithilfe eines linearen bivariaten Tiermodells berechnet.

Folgendes lineares Model wurde angewandt:

$$y^* = Xb + Za + e$$

y^*	Pseudophänotyp Milch-, Fett-, Eiweiß-kg, Persistenz, funktionale Nutzungsdauer, Zellzahl, Melkbarkeit, Eutergesundheitswert oder Fruchtbarkeitsindex
X	Inzidenzmatrix fixer Effekt
b	Vektor für den fixen Effekt des Geburtsjahres
Z	Inzidenzmatrix zufälliger Effekt
a	Vektor für den zufälligen additiv-genetischen Effekt des Tieres
e	Zufälliger Restfehler

Der Effekt des Geburtsjahres wurde deshalb ins Modell genommen, da dieser eine Verzerrung des genetischen Trends verhindert und auch mögliche Selektionsverzerrungen korrigiert (Lassen et al., 2007).

Im univariaten Modell wurde angenommen, dass der Vektor a einer Normalverteilung folgt.

Für das multivariate Modell wurde angenommen, dass der Vektor a einer multivariaten Normalverteilung, mit $MVN(0, G = G_0 \otimes A)$, folgt. G_0 ist dabei eine 2x2 additiv genetische Varianz-Kovarianzmatrix, \otimes das Kronecker-Produkt und A die Numerator Relationship Matrix. Der Vektor e repräsentiert die zufälligen Restfehler mit $N(0, I \sigma_e^2)$, wobei I die Einheitsmatrix und σ_e^2 die residuale Varianz ist. Die residuale Kovarianz wurde als null angenommen.

Die Berechnung der Heritabilitäten erfolgte anhand eines linearen univariaten Tiermodells mithilfe des Programms ASReml 3.0 (Gilmour et al., 2009). Es wurden die additiv-genetische Varianz sowie die Restvarianz geschätzt, welche zur Berechnung der Heritabilität und des Schätzfehlers herangezogen wurden.

Es wurde folgende Formel angewandt um h^2 zu berechnen:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}$$

σ_a^2 Additiv-genetische Varianz

σ_e^2 Restvarianz.

Die Schätzung der genetischen Korrelationen und der Genotyp-Umwelt-Interaktionen erfolgte mit einem linearen bivariaten Tiermodell. Zusätzlich zu den Varianzen wurden somit auch die additiv genetischen Kovarianzen zwischen den Merkmalen geschätzt. Es wurde angenommen, dass die residualen Kovarianzen null sind. Um Genotyp-Umwelt-Interaktionen zu berechnen, wurden die in verschiedenen Produktionssystemen gemessenen Merkmale als zwei einzelne Merkmale betrachtet.

Genetische Korrelationen wurden mit dem Programmen ASReml 3.0 (zwischen verschiedenen Merkmalen; Gilmour et al., 2009) und VCE 6.0.2 (innerhalb Merkmal zur Berechnung der Genotyp-Umwelt-Interaktionen; Groeneveld et al., 2010) ermittelt. Es wurden zwei Programme gewählt, da die Software ASReml aufgrund eines fehlenden Algorithmus nicht konvergieren kann, wenn Korrelationen 1,00 sind.

Die genetischen Korrelationen ergeben sich durch die additiv genetischen Varianzen zweier Merkmale und deren additiv genetischer Kovarianz. Die Formel dazu lautet:

$$r_{axy} = \frac{\sigma_{axy}}{\sqrt{\sigma_{ax}^2 + \sigma_{ay}^2}}$$

σ_{axy} Kovarianz der beiden Merkmale x und y

σ_{ax}^2 Additiv-genetische Varianz des Merkmals x

σ_{ay}^2 Additiv-genetische Varianz des Merkmals y

5 Ergebnisse und Diskussion

In diesem Kapitel werden die Ergebnisse der Auswertung präsentiert und diskutiert. Die Ergebnisse werden für jeden Parameter bzw. für die Genotyp-Umwelt-Interaktionen getrennt dargestellt.

5.1 Heritabilitäten

Die Heritabilitäten unterschieden sich kaum zwischen den unterschiedlichen Produktionssystemen, wie in Tabelle 14 ersichtlich ist. Die höchsten Heritabilitäten (0,59 - 0,65) waren, erwartungsgemäß, bei der Milchmenge zu finden, die niedrigsten (0,04 – 0,09) bei der Nutzungsdauer und der Fruchtbarkeit (0,04 – 0,06). Die Standardfehler (SE) lagen zwischen 0,006 und 0,016. Da die Heritabilitäten basierend auf Pseudophänotypen geschätzt wurden, sind sie nicht direkt mit Heritabilitäten herkömmlicher Schätzverfahren, basierend auf phänotypischen Rohdaten, vergleichbar, da die residualen Kovarianzen Kovarianzen durchschnittlicher Restvarianzen sind, da unterschiedlich viel Information je Kuh vorliegt. In der österreichischen Zuchtwertschätzung liegt die Heritabilität für das Merkmal Milchleistung beispielsweise in etwa bei 0,40 (Fürst et al., 2015).

In den meisten Merkmalen wurde die höchste Heritabilität in KonH festgestellt, so auch in den Produktionsmerkmalen Milch- und Fettmenge. Nur in der Eiweißmenge war h^2 in den Produktionssystemen KonH und BIO gleich hoch. Generell lagen die Heritabilitäten von BIO in einem höheren Bereich als die Heritabilitäten von KonN. Dies entspricht den Ergebnissen früherer Studien, welche meist zeigten, dass die Heritabilitäten in den Produktionsmerkmalen mit zunehmender Intensität der Produktionssysteme anstiegen (u.a. Gerber et al., 2006; Sundberg et al., 2010).

Für die funktionalen Merkmale Persistenz, Zellzahl, Melkbarkeit und Eutergesundheitswert wurden die höchsten Heritabilitäten ebenfalls in KonH geschätzt. In der Literatur konnten keine Werte für Persistenz und Eutergesundheit gefunden werden. Allerdings zeigte es sich in den Merkmalen Zellzahl und Melkbarkeit, dass hier die höchsten Werte meist entweder in den biologischen Produktionssystemen oder in Produktionssystemen mit Weidezugang geschätzt wurden, oder sich keine Unterschiede finden ließen (u.a. Nauta et al., 2006; Sundberg et al., 2010; Van der Laak et al., 2016). Schwarzenbacher & Fürst (2013) konnten jedoch ebenfalls eine höhere Heritabilität in intensiven Produktionssystemen schätzen als in extensiven Produktionssystemen. Diese Studie wurde ebenfalls mit Daten der österreichischen Fleckviehpopulation durchgeführt. Die ähnlichen Ergebnisse können auf mögliche Datenüberschneidungen zurückgeführt werden.

Auffällig war die geringere Heritabilität für die funktionale Nutzungsdauer in KonH im Gegensatz zu den anderen Produktionssystemen. Hier konnte die höchste Heritabilität in KonN ermittelt werden.

Dies steht im Einklang mit Schwarzenbacher & Fürst (2013), welche die höchste Heritabilität für dieses Merkmal auch im extensiven Produktionssystem schätzten. Ahlman et al. (2011) konnten hingegen keine signifikanten Unterschiede zwischen konventionellen und biologischen Produktionssystemen feststellen. Die funktionale Nutzungsdauer wird anhand eines komplizierten Modellansatzes berechnet. Zudem gingen unterschiedlich viele unzensierte und zensierte Nutzungsdauerpseudophänotypen in das Modell ein. Trotz niedriger Standardfehler sind die Heritabilitäten der funktionalen Nutzungsdauer in dieser Studie daher mit Vorsicht zu interpretieren.

Am ähnlichsten waren sich die Heritabilitäten aller Produktionssysteme im Merkmal Fruchtbarkeitsindex. Hier war h^2 in BIO nur geringfügig höher. Auch in früheren Studien konnten kaum Unterschiede zwischen verschiedenen Produktionssystemen festgestellt werden (u.a. Simianer et al., 2007; Sundberg et al., 2010).

Generell lagen die Heritabilitäten für BIO zwischen KonH und KonN, meist jedoch näher bei KonN als bei KonH.

Tabelle 14: Heritabilitäten und die Standardfehler in Klammer in den Produktionssystemen Biologisch (BIO), Konventionell Hoch (KonH) und Konventionell Nieder (KonN)

	BIO	KonH	KonN
Milchmenge (kg)	0,63 (0,014)	0,65 (0,011)	0,59 (0,016)
Fettmenge (kg)	0,50 (0,014)	0,55 (0,012)	0,45 (0,016)
Eiweißmenge (kg)	0,57 (0,014)	0,57 (0,012)	0,51 (0,016)
Persistenz	0,56 (0,014)	0,62 (0,011)	0,52 (0,016)
Nutzungsdauer	0,07 (0,009)	0,04 (0,006)	0,09 (0,011)
Zellzahl	0,23 (0,013)	0,29 (0,013)	0,22 (0,015)
Melkbarkeit	0,27 (0,014)	0,33 (0,013)	0,21 (0,014)
Eutergesundheitswert	0,12 (0,012)	0,21 (0,012)	0,15 (0,013)
Fruchtbarkeitswert	0,06 (0,007)	0,05 (0,007)	0,04 (0,007)

5.2 Genetische Korrelationen in den Produktionssystemen

Für jedes definierte Produktionssystem (BIO, KonH, KonN) wurden genetische Korrelationen geschätzt. Eine r_a unterschied sich dann signifikant von 0, wenn das Ergebnis aus Schätzwert (r_a) abzüglich des Produkts aus Standardfehler (SE) multipliziert mit 1,96 einen Wert größer als 0 ergab.

Von insgesamt 36 genetischen Korrelationen waren elf im Produktionssystem BIO (Tabelle 15) nicht signifikant von Null verschieden. Die meisten nicht signifikanten r_a fanden sich in den Merkmalen Fruchtbarkeitswert und Zellzahl, weiters in den Merkmalen Milchmenge und funktionale Nutzungsdauer. Die Standardfehler lagen zwischen 0,01 und 0,09.

*Tabelle 15: Genetische (oberhalb der Diagonalen) und Phänotypische Korrelationen (unterhalb der Diagonalen) und deren Standardfehler in Klammer zwischen Milch-kg, Fett-kg, Eiweiß-kg, Persistenz (PERS), Nutzungsdauer (ND), Zellzahl (ZZ), Melkbarkeit (MBK), Eutergesundheitswert (EGW) und Fruchtbarkeitswert (FRW) im Produktionssystem **BIO***

	MILCH	FETT	EIWEISS	PERS	ND	ZZ	MBK	EGW	FRW
MILCH		0,66 (0,011)	0,84 (0,005)	-0,04 ^a (0,020)	-0,23 (0,046)	-0,003 ^a (0,029)	0,36 (0,026)	-0,01 ^a (0,034)	-0,15 (0,052)
FETT	0,71 (0,003)		0,68 (0,011)	-0,19 (0,022)	-0,40 (0,047)	-0,07 (0,032)	0,35 (0,028)	-0,18 (0,037)	-0,17 (0,049)
EIWEISS	0,86 (0,002)	0,76 (0,003)		-0,001 ^a (0,021)	-0,35 (0,046)	-0,03 ^a (0,031)	0,34 (0,027)	-0,13 (0,035)	-0,14 (0,047)
PERS	0,04 (0,006)	-0,02 (0,006)	0,06 (0,006)		0,24 (0,048)	0,15 (0,031)	-0,09 (0,030)	0,26 (0,033)	0,19 (0,050)
ND	-0,07 (0,006)	-0,11 (0,005)	-0,09 (0,005)	0,26 (0,005)		0,10 ^a (0,055)	-0,02 ^a (0,044)	0,23 (0,068)	-0,05 ^a (0,086)
ZZ	0,10 (0,006)	0,09 (0,006)	0,09 (0,006)	0,15 (0,006)	0,09 (0,005)		-0,42 (0,037)	0,93 (0,007)	-0,06 ^a (0,060)
MBK	0,22 (0,006)	0,21 (0,006)	0,19 (0,006)	-0,05 (0,006)	-0,02 (0,006)	-0,14 (0,005)		-0,40 (0,041)	-0,09 ^a (0,058)
EGW	0,11 (0,006)	0,09 (0,006)	0,09 (0,006)	0,32 (0,005)	0,22 (0,005)	0,91 (0,001)	-0,11 (0,005)		0,05 ^a (0,072)
FRW	-0,08 (0,005)	-0,08 (0,005)	-0,07 (0,005)	0,22 (0,005)	0,22 (0,005)	0,01 ^a (0,005)	-0,02 (0,005)	0,16 (0,005)	

^a Nicht signifikant verschieden ($r_a - SE \times 1,96 < 0$)

Zusätzlich zu den elf r_a die auch bereits in BIO nicht signifikant von Null verschieden waren, erschienen bei KonH (Tabelle 16) auch die genetischen Korrelationen zwischen Fett-kg und Zellzahl (-0,02), Persistenz und Melkbarkeit (-0,02) sowie Persistenz und Fruchtbarkeitswert (0,06) nicht signifikant. Die Standardfehler waren niedrig und lagen im Bereich von 0,01 bis 0,10.

Tabelle 16: Genetische (oberhalb der Diagonalen) und phänotypische Korrelationen (unterhalb der Diagonalen) und deren Standardfehler in Klammer zwischen Milch-kg, Fett-kg, Eiweiß-kg, Persistenz (PERS), Nutzungsdauer (ND), Zellzahl (ZZ), Melkbarkeit (MBK), Eutergesundheitswert (EGW) und Fruchtbarkeitswert (FRW) im Produktionssystem KonH

	MILCH	FETT	EIWEISS	PERS	ND	ZZ	MBK	EGW	FRW
MILCH		0,66 (0,009)	0,86 (0,004)	0,01 ^a (0,016)	-0,23 (0,052)	0,01 ^a (0,024)	0,34 (0,021)	0,01 ^a (0,027)	-0,14 (0,050)
FETT	0,71 (0,003)		0,73 (0,008)	-0,07 (0,018)	-0,45 (0,050)	-0,02 ^a (0,026)	0,36 (0,022)	-0,14 (0,030)	-0,26 (0,041)
EIWEISS	0,88 (0,001)	0,78 (0,002)		0,02 ^a (0,017)	-0,37 (0,052)	-0,03 ^a (0,025)	0,32 (0,022)	-0,15 (0,029)	-0,19 (0,042)
PERS	0,10 (0,006)	0,07 (0,006)	0,12 (0,006)		0,44 (0,057)	0,18 (0,024)	-0,02 ^a (0,024)	0,24 (0,026)	0,06 ^a (0,041)
ND	-0,04 (0,005)	-0,12 (0,005)	-0,08 (0,005)	0,29 (0,005)		-0,07 ^a (0,049)	0,01 ^a (0,035)	0,28 (0,075)	-0,05 ^a (0,096)
ZZ	0,13 (0,006)	0,11 (0,006)	0,12 (0,006)	0,19 (0,005)	0,09 (0,005)		-0,40 (0,030)	0,94 (0,006)	-0,05 ^a (0,053)
MBK	0,24 (0,005)	0,25 (0,005)	0,22 (0,006)	-0,03 (0,006)	-0,01 ^a (0,005)	-0,14 (0,005)		-0,39 (0,034)	-0,08 ^a (0,050)
EGW	0,14 (0,005)	0,09 (0,005)	0,11 (0,005)	0,31 (0,005)	0,27 (0,004)	0,91 (0,001)	-0,10 (0,005)		-0,04 ^a (0,066)
FRW	-0,05 (0,005)	-0,08 (0,005)	-0,07 (0,005)	0,19 (0,005)	0,25 (0,004)	0,02 (0,005)	-0,02 (0,005)	0,16 (0,005)	

^a Nicht signifikant verschieden ($r_a - SE \times 1,96 < 0$)

Neun r_a waren im Produktionssystem KonN (Tabelle 17) nicht signifikant von Null verschieden. Zu diesen zählten die r_a zwischen Zellzahl und Fett-kg (0,01) sowie Eiweiß-kg (0,02), ebenso die r_a zwischen Melkbarkeit und Nutzungsdauer (-0,04) sowie Eutergesundheitswert und Milchmenge (0,05). Die r_a zwischen Fruchtbarkeitswert und Persistenz (0,05), Nutzungsdauer (0,18), Zellzahl (-0,07), Melkbarkeit (-0,137) sowie Eutergesundheitswert (0,05) waren ebenfalls nicht signifikant. Die Standardfehler lagen im Bereich von 0,01 und 0,09.

Tabelle 17: Genetische (oberhalb der Diagonalen) und Phänotypische Korrelationen (unterhalb der Diagonalen) und deren Standardfehler in Klammer zwischen Milch-kg, Fett-kg, Eiweiß-kg, Persistenz (PERS), Nutzungsdauer (ND), Zellzahl (ZZ), Melkbarkeit (MBK), Eutergesundheitswert (EGW) und Fruchtbarkeitswert (FRW) im Produktionssystem **KonN**

	MILCH	FETT	EIWEISS	PERS	ND	ZZ	MBK	EGW	FRW
MILCH		0,70 (0,011)	0,85 (0,006)	-0,12 (0,024)	-0,29 (0,050)	0,09 (0,034)	0,45 (0,030)	0,05 ^a (0,040)	-0,32 (0,062)
FETT	0,75 (0,003)		0,71 (0,013)	-0,26 (0,026)	-0,39 (0,052)	0,01 ^a (0,037)	0,40 (0,034)	-0,20 (0,042)	-0,25 (0,057)
EIWEISS	0,87 (0,002)	0,79 (0,003)		-0,13 (0,025)	-0,42 (0,050)	0,02 ^a (0,036)	0,42 (0,032)	-0,18 (0,040)	-0,21 (0,056)
PERS	-0,04 (0,007)	-0,08 (0,007)	-0,03 (0,007)		0,40 (0,048)	0,15 (0,037)	-0,15 (0,038)	0,23 (0,041)	0,05 ^a (0,064)
ND	-0,12 (0,007)	-0,15 (0,006)	-0,15 (0,006)	0,32 (0,006)		0,20 (0,062)	-0,04 ^a (0,055)	0,32 (0,068)	0,18 ^a (0,093)
ZZ	0,14 (0,007)	0,13 (0,007)	0,11 (0,007)	0,15 (0,007)	0,10 (0,006)		-0,33 (0,047)	0,95 (0,007)	-0,07 ^a (0,074)
MBK	0,24 (0,007)	0,22 (0,006)	0,21 (0,007)	-0,07 (0,007)	-0,03 (0,006)	-0,08 (0,006)		-0,34 (0,051)	-0,14 ^a (0,072)
EGW	0,10 (0,007)	0,08 (0,007)	0,06 (0,007)	0,31 (0,006)	0,24 (0,006)	0,92 (0,001)	-0,06 (0,006)		0,05 ^a (0,088)
FRW	-0,15 (0,006)	-0,13 (0,006)	-0,13 (0,006)	0,23 (0,006)	0,21 (0,006)	0,02 (0,006)	-0,02 (0,006)	0,17 (0,006)	

^a Nicht signifikant verschieden ($r_a - SE \times 1,96 < 0$)

5.2.1 Vergleich der genetischen Korrelationen zwischen den verschiedenen Produktionssystemen

Die genetischen Korrelationen waren in allen drei Produktionssystemen ähnlich. Die höchsten r_a wurden jeweils zwischen Eutergesundheitswert und der Zellzahl ($\geq 0,90$) geschätzt. Da die Zellzahl ein Teil des Eutergesundheitswertes ist, konnte mit einem hohen Wert gerechnet werden. Auch die zweithöchsten r_a waren in allen drei Produktionssystemen zwischen Milch-kg und Eiweiß-kg ($\pm 0,85$) zu finden. Generell waren die Korrelationen zwischen den einzelnen Produktionsmerkmalen ($\geq 0,66$) hoch. Dies stimmt auch mit weiteren Ergebnissen u.a. von Simianer et al. (2007) oder Fürst et al. (2015) überein, die jedoch in diesem Fall etwas höhere r_a feststellen konnten. Nicht signifikante Korrelationen wurden zwischen Produktionsmerkmalen (Milch-, Fett- und Eiweiß-kg) und Persistenz, Zellzahl sowie Eutergesundheitswert geschätzt.

In den meisten Fällen wurden die ungünstigsten genetischen Korrelationen in dem Produktionssystem KonN verzeichnet. Nur im Merkmal Fett-kg wurden die niedrigsten genetischen Korrelationen zur funktionalen Nutzungsdauer und dem Fruchtbarkeitswert im Produktionssystem KonH ermittelt.

Die genetische Veranlagung auf Milchleistung wirkt sich somit in extensiven Umwelten stärker auf die Fitness der Tiere aus. Diese Ergebnisse stimmen mit den Ergebnissen von Castillo-Juarez et al. (2000; 2002), welche ebenfalls die höchsten und ungünstigsten genetischen Korrelationen in den extensiveren Produktionssystemen feststellen konnten, überein. Auch Kolmodin et al. (2002) schätzten die höchsten r_a im extensiven Produktionssystem. Andererseits konnten Windig et al. (2006) zwar im Merkmal Rastzeit die ungünstigste genetische Korrelation zur Milchmenge in dem Produktionssystem mit der niedrigsten Intensität feststellen, jedoch nicht in den Merkmalen Zellzahl und Besamungsindex. In diesen Merkmalen wurde die höchste und damit unerwünschteste genetische Korrelation im intensivsten Produktionssystem geschätzt. Auch Fürst-Waltl et al. (2013) stellten fest, dass in den intensiven Produktionssystemen ungünstigere genetische Korrelationen zwischen der Milchmenge und Fitnessmerkmalen vorherrschen als in extensiven Produktionssystemen. In dieser Arbeit lagen die genetischen Korrelationen im biologischen Produktionssystem näher bei den genetischen Korrelationen des konventionell hohen Produktionssystems als bei denen des konventionell niederen Produktionssystems. Dies war insofern überraschend, da die biologische Landwirtschaft oft als eine eher extensive Art der Bewirtschaftung angesehen wird (Boelling et al., 2003; Nauta et al., 2006; Simianer et al., 2007) und auch Einschränkungen u.a. bezüglich der Verfütterung von Kraftfutter einhalten muss.

Die r_a zwischen den Produktionsmerkmalen und der **Persistenz** waren für KonH am höchsten. Die niedrigsten r_a fanden sich im Produktionssystem KonN (-0,26 – -0,12). Nur in diesem Produktionssystem waren auch alle r_a signifikant unter Null. Diese Ergebnisse lassen vermuten, dass die Persistenz bei einer höheren Leistung etwas absinken wird. Sie würde jedoch von einer reinen Milchleistungssteigerung weniger beeinflusst werden als von einer Steigerung der Milchinhaltsstoffe, wie die niedrigeren genetischen Korrelationen mit der Fettmenge zeigen. Der Vergleich mit Ergebnissen früherer Studien (Muir et al., 2004; Yamazaki et al., 2013) zeigt dagegen positive r_a im Bereich von 0,21 – 0,36. Ein Grund für diese unterschiedlichen Werte könnte an der untersuchten Rasse liegen. In der Literatur wurde mit Holstein Friesian gearbeitet, während in dieser Arbeit auf Fleckviehdaten zurückgegriffen wurde. Der genetische Trend für die Persistenz von Fleckviehtieren war lange Jahre rückläufig und konnte sich erst um 2003 stabilisieren (Fürst et al., 2015). Ein weiterer Grund könnte eine unterschiedliche Definition des Merkmals Persistenz in verschiedenen Ländern sein. Jakobsen et al. (2002) konnte etwa feststellen, dass bei Holsteinkühen die genetische Korrelation mit der Milchmenge je nach Definition zwischen 0,00 und 0,47 schwanken kann.

Die genetischen Korrelationen zwischen den Produktionsmerkmalen und der **funktionalen Nutzungsdauer** waren in allen drei Produktionssystemen ähnlich. Da diese genetischen Korrelationen deutlich negativ sind, sollte die funktionale Nutzungsdauer weiterhin stärker im Zuchtziel

berücksichtigt werden. Ansonsten würde die funktionale Nutzungsdauer stark unter einer Leistungssteigerung leiden und die Abgangsrate steigen. Die genetischen Korrelationen waren bis auf Fett-kg, wo das Gegenteil eintrat, in KonN am niedrigsten. Intensivere Produktionssysteme dürften die negative Tendenz besser abschwächen können, als extensivere. Es fällt auch auf, dass die genetischen Korrelationen in den Milchinhaltsstoffen (-0,35 – -0,45) deutlich niedriger sind als in der Milchmenge (-0,23 – -0,29). Andere Studien (Pfeiffer 2014, unveröffentlicht zit. nach Pfeiffer et al., 2016) schätzten beinahe idente Werte ($r_a = -0,28$) wie in dieser Arbeit für die genetische Korrelation zwischen funktionaler Nutzungsdauer und Milch-kg. Etwas höhere Werte konnten Fürst-Waltl et al. (2013) und Samoré et al. (2010) bestimmen (-0,16 – -0,19 bzw. -0,09 – -0,13). Fürst & Fürst-Waltl (2006) untersuchten die genetischen Korrelationen der funktionalen Nutzungsdauer und der Milchmenge und konnten für das Fleckvieh eine r_a von 0,29 feststellen. Die genetische Korrelation für die Rasse Braunvieh war deutlich geringer (0,06).

Die meisten nicht signifikanten Korrelationen fanden sich zwischen den Produktionsmerkmalen und der **Zellzahl**. So sind etwa alle genetischen Korrelationen zu Eiweiß-kg nicht signifikant. Nur die r_a zwischen Zellzahl und Milchmenge in KonN und Fett-kg in BIO waren signifikant, aber dennoch nahe an Null. Dieses Ergebnis deutet darauf hin, dass eine weitere Selektion auf Milchleistung keine oder nur kaum Auswirkungen auf die Zellzahl hätte. Ein ähnliches Resultat zwischen Zellzahl und Fett- sowie Eiweiß-kg konnten auch Samoré et al. (2010) feststellen. Auch Pritchard et al. (2013) schätzten niedrige genetische Korrelationen (0,07 – 0,13) zwischen den Produktionsmerkmalen und der Zellzahl. Castillo-Juarez et al. (2002) berechneten zwar zwischen Fett-kg und Zellzahl r_a im Bereich von 0,05 und 0,07, jedoch waren die genetischen Korrelationen mit den restlichen Produktionsmerkmalen höher (0,17 – 0,28). Zum Teil noch höhere Werte (0,11 – 0,56) konnten Fürst-Waltl et al. (2013) und Windig et al. (2006) feststellen.

Die genetischen Korrelationen zwischen **Melkbarkeit** und den Produktionsmerkmalen waren positiv und in BIO und KonH ähnlich (0,32 – 0,36). In KonN wurden höhere r_a (0,40 – 0,45) geschätzt. Eine Steigerung der Milchleistung würde sich somit in extensiven Produktionssystemen stärker auf die Melkbarkeit auswirken als in biologischen und intensiven Produktionssystemen. Ein Vergleich mit Werten aus früheren Studien ist aufgrund von unterschiedlichen Merkmalsdefinitionen nur schwer möglich. In Finnland wird die Melkbarkeit subjektiv erfasst und von den Landwirten selbst auf einer Skala von 1-5 eingeteilt. Die genetische Korrelation dieses Merkmals mit der Milchmenge war ebenso nicht signifikant (Luttinen & Juga, 1997) wie die genetische Korrelation zwischen Melkgeschwindigkeit und den Produktionsmerkmalen kanadischer Holsteinkühe (Sewalem et al., 2011). Gäde et al. (2006) schätzten genetische Korrelationen zwischen Milchmenge und verschiedenen

Melkbarkeitsmerkmalen in automatisierten Melksystemen. Die Werte für durchschnittlicher bzw. maximaler Milchfluss lagen bei 0,51 bzw. 0,48 während r_a für die Melkdauer -0,13 betrug.

In Bezug auf den **Eutergesundheitswert** unterscheiden sich die definierten Produktionssysteme nur wenig voneinander. Alle r_a zwischen Eutergesundheitswert und Milchmenge waren nicht signifikant verschieden. Dagegen lagen die die genetischen Korrelationen mit Fett- und Eiweißmenge zwischen -0,13 und -0,20. Im Gegensatz zur Zellzahl, die im Eutergesundheitswert mit 70% gewichtet wird, sind die Werte deutlich negativer. Das relative Gewicht des Merkmals Mastitis im Eutergesundheitswert beträgt 30%. Vermutlich steigt somit die Anfälligkeit für Mastitis bei einem Anstieg der Milchleistung. Es wurde bereits in einigen Studien (Ingvarstsen et al., 2003; Windig et al., 2007) auf den Umstand hingewiesen, dass Kühe mit einer höheren Milchleistung eher an Mastitis erkranken bzw. die Anfälligkeitsrate steigt. Dies konnte in dieser Arbeit durch die negative Korrelation bestätigt werden, jedoch nicht durch die unterschiedlichen Gruppen welche Produktionssysteme unterschiedlicher Intensität darstellen. Die ungünstigsten r_a wurden sowohl im Merkmal Fett-kg als auch im Merkmal Eiweiß-kg im extensiven Produktionssystem KonN geschätzt. In der Literatur wurden genetische Korrelationen in der Größenordnung von 0,21 – 0,36 zwischen Mastitis und Produktionsmerkmalen festgestellt (Hansen et al., 2002; Kadarmideen et al., 2000; Pritchard et al., 2013; Pryce et al., 1997).

Alle genetischen Korrelationen zwischen **Fruchtbarkeitswert** und Milch-, Fett- und Eiweiß-kg waren negativ und unterschieden sich zum Teil zwischen den einzelnen Produktionsmerkmalen. Im Merkmal Milchmenge ähnelten sich die Produktionssysteme BIO und KonH stark (-0,15 bzw. -0,14) während r_a in KonN deutlich niedriger bei -0,32 lag. In den anderen beiden Produktionsmerkmalen glichen sich dagegen eher die beiden konventionellen Produktionssysteme. Die günstigste genetische Korrelation lag dabei jeweils in BIO vor. Diese Ergebnisse zeigen, dass die Fruchtbarkeit in biologisch wirtschaftenden Betrieben weniger von einer Steigerung der Milchmenge abhängt. Gesamt würde jedoch die Fruchtbarkeit unter einer starken Selektion auf Milch leiden. Dieser Umstand ist in der Literatur schon länger bekannt (Pryce et al., 1997) und daher nicht überraschend. Alle einbezogenen Studien zeigten antagonistische genetische Korrelationen zwischen unterschiedlichen Fruchtbarkeitsmerkmalen und den Produktionsmerkmalen (Kadarmideen et al., 2003; Koeck et al., 2010; Sewalem et al., 2010). Auch Castillo-Juarez et al. (2000), Fürst-Waltl et al. (2013) und Windig et al. (2006) schätzten nur unerwünschte r_a zwischen Milchmenge und Fruchtbarkeitsmerkmalen. Im Vergleich zu den Ergebnissen dieser Arbeit stellten auch Castillo-Juarez et al. (2000) im Merkmal Erstbesamungserfolg und Windig et al. (2006) im Merkmal Rastzeit die ungünstigsten Korrelationen in den extensiven Produktionssystemen fest. Fürst-Waltl et al. (2013) ermittelten dagegen in den Merkmalen Rastzeit sowie Verzögerungszeit die höchsten genetischen Korrelationen in den intensiven Produktionssystemen, ebenso Windig et al. (2006) im Merkmal Besamungsindex. Es muss hinzugefügt

werden, dass die Standardfehler in der Studie von Fürst-Waltl et al. (2013) deutlich höher lagen als in dieser Arbeit bzw. in der Studie von Castillo-Juarez et al. (2000).

5.3 Genotyp-Umwelt-Interaktionen

Es wurden genetische Korrelationen für alle neun Merkmale zwischen den einzelnen Produktionssystemen geschätzt. Die Standardfehler waren bis auf Ausnahmen in den Merkmalen Persistenz, funktionale Nutzungsdauer und Zellzahl niedrig. Der höchste Standardfehler (0,129) wurde im Merkmal Persistenz in BIO-KonH festgestellt.

Eine r_a unterschied sich dann signifikant von 1, wenn die Summe aus Schätzwert (r_a) und dem Produkt aus Standardfehler (SE) multipliziert mit 1,96 einen Wert kleiner als 1 ergab. Insgesamt waren 17 r_a , von insgesamt 27, signifikant von 1 verschieden. Wie in Tabelle 18 ersichtlich, war der Großteil allerdings numerisch nahe an 1.

Zwei r_a konnten die Schwelle von 0,80 nicht überschreiten, dies weist laut Boelling et al. (2003) auf eine Genotyp-Umwelt-Interaktion hin. Die niedrigste r_a (0,42) lag auch unter der Grenze von 0,61, ab welcher Mulder et al. (2006) getrennte Zuchtprogramme vorschlägt. Die betroffenen r_a fanden sich beide im Merkmal funktionale Nutzungsdauer, die damit die niedrigsten r_a in allen drei Systemvergleichen aufwiesen. Diese Werte unterschieden sich signifikant von 1, jedoch lagen die Standardfehler in einem hohen Bereich (0,090 – 0,125).

Tabelle 18: Genotyp-Umwelt-Interaktionen zwischen den Produktionssystemen Biologisch (BIO), Konventionell Hoch (KonH) und Konventionell Nieder (KonN) - Genetische Korrelationen (r_a) und Schätzfehler (SE) in den Merkmalen Milch-kg, Fett-kg, Eiweiß-kg, Persistenz, Nutzungsdauer, Zellzahl, Melkbarkeit, Eutergesundheitswert (EGW) und Fruchtbarkeitswert (FRW)

	BIO – KonH		BIO - KonN		KonH - KonN	
	r_a	SE	r_a	SE	r_a	SE
Milch-kg	0,97 ^a	0,007	0,99 ^a	0,005	0,97 ^a	0,009
Fett-kg	0,98 ^a	0,007	0,98 ^a	0,007	0,96 ^a	0,010
Eiweiß-kg	0,98 ^a	0,006	0,97 ^a	0,007	0,97 ^a	0,009
Persistenz	0,95	0,129	0,95 ^a	0,009	0,93 ^a	0,014
Nutzungsdauer	0,83 ^a	0,072	0,42 ^a	0,125	0,72 ^a	0,090
Zellzahl	1,00	<0,001	0,95	0,117	0,97 ^a	0,011
Melkbarkeit	0,99 ^a	<0,001	0,99	0,007	1,00	0,006
EGW	1,00	<0,001	0,93 ^a	0,018	0,97	0,015
FRW	0,93	0,036	0,91	0,058	0,85	0,079

^a Signifikant von 1 verschieden ($r_a + SE \times 1,96 < 1$)

Alle r_a von BIO-KonH lagen über dem als Grenze definierten Wert von 0,80. In zwei Merkmalen (Zellzahl, Eutergesundheitswert) wurde ein Wert von 1,00 geschätzt. Die r_a in den Merkmalen Milch-kg (0,97), Fett-kg (0,98), Eiweiß-kg (0,98), funktionale Nutzungsdauer (0,83) und Melkbarkeit (0,99) waren signifikant verschieden. Sie waren allerdings bis auf die funktionale Nutzungsdauer numerisch nahe an 1. Sechs r_a waren jeweils bei BIO-KonN und KonH-KonN signifikant. Dies waren im Fall von BIO-KonN Milch-kg (0,99), Fett-kg (0,98), Eiweiß-kg (0,97), Persistenz (0,95), funktionale Nutzungsdauer (0,42) und Eutergesundheitswert (0,926). Die r_a von KonH – KonN waren in den Merkmalen Milch-kg (0,97), Fett-kg (0,96), Eiweiß-kg (0,97), Persistenz (0,93), funktionale Nutzungsdauer (0,72) und Zellzahl (0,97) signifikant. Im Merkmal Fruchtbarkeitswert waren alle r_a (0,85 – 0,93) nicht signifikant verschieden. Die genetischen Korrelationen waren zwischen BIO und KonH in den meisten Fällen höher als zwischen den anderen Produktionssystemen.

In den Merkmalen **Milch-kg, Fett-kg und Eiweiß-kg** waren alle r_a zwischen den verschiedenen Produktionssystemen signifikant aber nahe an 1. Das zeigt, dass die Gene, welche für die Ausprägung des Merkmals verantwortlich sind, in allen drei Produktionssystemen ähnlich sind und daher keine Unterschiede in der Rangierung der Stiere aufgrund dieser Merkmale zu erwarten sind. Die Ergebnisse stimmen mit der Untersuchung von Pfeiffer et al. (2016) überein, die ähnlich hohe Werte zwischen den einzelnen Produktionssystemen schätzten. Etwas niedrigere aber dennoch hohe Werte (0,89 – 0,95) wurden von Schwarzenbacher & Fürst (2013) festgestellt. Anders als in dieser Arbeit konnten Gerber et al. (2006) feststellen, dass sich die genetischen Korrelationen zwischen dem biologischen Produktionssystem und anderen konventionellen Produktionssystemen unterschiedlicher Intensität deutlich unterschieden. Das intensive Produktionssystem zeigte mehr Ähnlichkeiten (bzw. höhere r_a) zum biologischen Produktionssystem auf, als das extensive Produktionssystem.

Die Ergebnisse zwischen BIO und den konventionellen Produktionssystemen entsprechen auch denen weiterer Studien (Simianer et al., 2007; Sundberg et al., 2010). Nauta et al. (2006) schätzten dagegen deutlich geringere r_a (0,78 – 0,88). Zwischen Produktionssystemen unterschiedlich hoher Intensität als auch zwischen Produktionssystemen mit oder ohne Weidegang konnten in früheren Studien zum Teil ähnlich hohe (Castillo-Juarez et al., 2000; Cerón-Muñoz et al., 2004; Van der Laak et al., 2016; Windig et al., 2006) aber auch etwas niedrigere (Berry et al., 2003; Boettcher et al., 2003; Fahey et al., 2007; Raffrenato et al., 2003) r_a ermittelt werden. Generell waren die genetischen Korrelationen der Produktionsmerkmale in beinahe allen Studien in einem hohen Bereich.

Für das Merkmal **Persistenz** wurden hohe r_a (0,93 – 0,95) geschätzt. Es konnten sowohl zwischen BIO – KonN als auch KonH – KonN signifikante Werte festgestellt werden. Aufgrund der Höhe der Werte können die Genotyp-Umwelt-Interaktionen jedoch vernachlässigt werden und angenommen werden, dass das untersuchte Merkmal in allen Produktionssystemen annähernd ident ist. Die festgestellten genetischen Korrelationen sind etwas geringer als in der vergleichbaren Studie von Pfeiffer et al. (2016) die für eine ähnliche Populationsdefinitionen r_a zwischen 0,96 und 0,99 verzeichneten.

In allen Produktionssystemen waren die r_a im Merkmal **funktionaler Nutzungsdauer** signifikant verschieden. Allerdings unterschieden sich die Werte stark voneinander und waren auch unerwartet weit von 1 entfernt. Auch die Standardfehler unterschieden sich in diesem Merkmal voneinander und lagen bei BIO – KonN bei einem hohen Wert von 0,125. In BIO – KonN (0,42) und KonH – KonN (0,72) lagen die r_a zudem unter der numerischen Grenze von 0,80. Ein Grund für diese inkonsistenten Werte könnten das komplexe Modell der Zuchtwertschätzung, sowie die Zensierung der Daten sein (Fürst & Fürst-Waltl, 2006). Diese Ergebnisse zeigen deutliche Genotyp-Umwelt-Interaktionen, die aufgrund ihrer Höhe auch zu einer veränderten Rangierung der Stiere führen könnten. Aufgrund der hohen Standardfehler sollten diese stark ausgeprägten Genotyp-Umwelt-Interaktionen dennoch nicht überinterpretiert werden. Obwohl Simianer et al. (2007) ebenfalls eine niedrige genetische Korrelation von 0,74 zwischen biologischen und konventionellen Produktionssystemen schätzten, widersprechen sich die niedrigen Werte mit den Ergebnissen der meisten anderen Studien (Ahlman et al., 2011; Pfeiffer et al., 2016; Schwarzenbacher & Fürst, 2013). Besonders die Ergebnisse von Pfeiffer et al. (2016) sind in diesem Zusammenhang interessant, da der verwendete Datensatz aus derselben Population erstellt wurde. Dennoch unterscheiden sich die geschätzten Werte gänzlich ($r_a > 0,88$). In der Arbeit von Pfeiffer et al. (2016) wurden allerdings nur Pseudophänotypen von Kühen verwendet, die zwischen 2004 und 2010 geboren wurden. Somit gingen in ihre Studie mehr zensierte funktionale Nutzungsdauerdaten mit ein. Zudem konnten Fürst-Waltl et al. (2013) unterschiedlich hohe genetische Korrelationen (-0,16 bzw. -0,19) zwischen Milchleistung und funktionaler Nutzungsdauer in extensiven bzw. intensiven Produktionssystemen feststellen. Dennoch lässt sich durch diesen Umstand nicht die Genotyp-Umwelt-Interaktion von 0,72 zwischen KonH und KonN erklären. Auch die niedrigen genetischen Korrelationen zwischen BIO und den konventionellen Produktionssystemen sind unklar. Zwar ist die Abgangsrate in biologisch geführten Betrieben geringer (Deger et al., 2015; Rozzi et al., 2007), jedoch lassen sich die Genotyp-Umwelt-Interaktionen zwischen diesen Produktionssystemen nicht durch eine um zwei Monaten verlängerte funktionale Nutzungsdauer bei biologisch gehaltenen Fleckviehkühen (Deger et al., 2015) erklären. Generell unterscheiden sich die Abgangsursachen nur wenig zwischen biologischen und konventionellen Produktionssystemen. In den meisten

Untersuchungen führen Fruchtbarkeitsprobleme bzw. Unfruchtbarkeit die Statistik an (Ahlman et al., 2011; Deger et al., 2015; Rozzi et al., 2007; ZuchtData, 2015).

Für das Merkmal **Zellzahl** wurden hohe r_a im Bereich von 0,95 bis 1,00 festgestellt. Nur zwischen den konventionellen Produktionssystemen war r_a signifikant. Da dieser Wert hoch (0,97) ist, kann ebenfalls angenommen werden, dass sich in dem Merkmal Zellzahl kaum Unterschiede zwischen den einzelnen Produktionssystemen finden. Die Resultate dieser Arbeit decken sich mit den Ergebnissen von Pfeiffer et al. (2016), Sundberg et al. (2010) als auch Schwarzenbacher & Fürst (2013) die zwischen biologischen und konventionellen Produktionssystemen ebenfalls hohe Werte (0,94 – 1,00) ermittelten. Deutlich niedrigere genetische Korrelationen (0,52 – 0,75) schätzten hingegen Simianer et al. (2007) bei deutschen Holsteinkühen. Die Autoren führten diese niedrigen Korrelationen auf vermehrte Zellzahlprobleme aufgrund von härteren Umweltbedingungen in Biobetrieben zurück. Zwischen extensiven und intensiveren Produktionssystemen wird ebenfalls von hohen genetischen Korrelationen berichtet (Castillo-Juarez et al., 2002; Fahey et al., 2007; Raffrenato et al., 2003; Van der Laak et al., 2016; Windig et al., 2006).

Die r_a für das Merkmal **Melkbarkeit** lagen über 0,98. Bis auf BIO-KonH (0,99) waren alle Produktionssysteme nicht signifikant von 1 verschieden. Dies bedeutet, dass die untersuchten Produktionssysteme bezüglich der Melkbarkeit kaum bis keine Unterschiede aufweisen und daher die gleichen Stiere zur Besamung eingesetzt werden können. Vergleichbare Studien liefern die gleichen Resultate, Schwarzenbacher & Fürst (2013) als auch Van der Laak et al. (2016) konnten zwischen verschiedenen Produktionssystemen genetische Korrelationen von 0,99 bis 1,00 in den Merkmalen Melkbarkeit bzw. Melkgeschwindigkeit und Temperament während des Melkens schätzen.

Für das Merkmal **Eutergesundheitswert** wurde die geringste genetische Korrelation zwischen KonH-KonN (0,93) ermittelt. Die genetischen Korrelationen zwischen BIO-KonN und besonders BIO-KonH waren nicht signifikant und deutlich höher (0,97 – 1,00). Da das Merkmal Zellzahl in den Eutergesundheitswert einfließt, sind die genetischen Korrelationen beider Merkmale beinahe ident. Zusätzlich ist auch noch Mastitis ein Teil dieses Wertes. Für dieses Merkmal berichteten Pfeiffer et al. (2016) von genetischen Korrelationen in der Höhe von 0,95 – 1,00.

Etwas niedrigere r_a (0,85 – 0,93) als in anderen Merkmalen wurden für das Merkmal **Fruchtbarkeitswert** geschätzt. Dennoch konnte keine Signifikanz zwischen den Produktionssystemen ermittelt werden. Die Höhe der genetischen Korrelationen deutet auf eine leichte Genotyp-Umwelt-Interaktion hin, vermutlich jedoch ohne Auswirkung auf die Rangierung der besten Stiere. Im Gegensatz zu dieser Arbeit stellten Simianer et al. (2007) eine Genotyp-Umwelt-Interaktion für das Merkmal Rastzeit (0,78-0,83) zwischen biologischen und konventionellen Produktionssystemen fest.

Sundberg et al. (2010) ermittelten ebenfalls signifikante Genotyp-Umwelt-Interaktionen für einige Fruchtbarkeitsmerkmale. Niedrige Werte (0,64) schätzten auch Boettcher et al. (2003) für das Merkmal Zwischenkalbezeit zwischen Produktionssystemen mit und ohne Weidegang. Jedoch wurden in den restlichen berücksichtigten Studien (Castillo-Juarez et al., 2000; Kearney et al., 2004b; Pfeiffer et al., 2016; Schwarzenbacher & Fürst 2013; Windig et al., 2006) genetische Korrelationen von beinahe 1,00 in verschiedenen Fruchtbarkeitsmerkmalen festgestellt. Pryce et al. (1999) zeigten, dass die Fruchtbarkeit der Tiere stärker von der Milchleistung als von der Fütterung beeinflusst wird. Auch in dieser Arbeit wurde die niedrigste r_a zwischen den Produktionssystemen mit dem größten Unterschied im Herdenjahreseffekt (KonH – KonN 2.106kg) geschätzt. Allerdings können Leistungsunterschiede nicht alleine für Genotyp-Umwelt-Interaktionen verantwortlich gemacht werden (Sundberg et al., 2010).

Die hohen genetischen Korrelationen der Fitnessmerkmale zwischen den einzelnen Produktionssystemen können auch dadurch erklärt werden, dass in allen Produktionssystemen Stiere mit relativ hohem Fitnesswert eingesetzt werden. Andererseits könnte die Erklärung auch ein Informationsdefizit der biologisch geführten Betriebe oder deren Zufriedenheit mit dem österreichischen Gesamtzuchtwertes sein (Fürst, 2013). Zwar zeigte es sich in einer Befragung von Steininger et al. (2013), dass sich die individuellen Zuchtziele einzelner Züchter/Innen kaum unterschieden, besonders Fitnessmerkmale wie Fruchtbarkeit, Nutzungsdauer und Eutergesundheit stehen unabhängig von Betriebsintensität und Wirtschaftsweise im Mittelpunkt. Biologisch wirtschaftende Züchter/Innen werten den Fitnesskomplex dennoch signifikant höher als ihr Kollegium in der konventionellen Landwirtschaft (Nauta 2009; Steininger 2015, unveröffentlicht zit. nach Pfeiffer et al., 2016). Auch auf Low-Input Betrieben sind Züchter/Innen funktionale Merkmale im Zuchtziel, besonders in Bezug auf Eutergesundheit, Charakter und Kalbeverhalten, wichtiger als auf High-Input Betrieben (Nauta, 2009).

Zusammengefasst sind die meisten genetischen Korrelationen, mit Ausnahme der Merkmale funktionale Nutzungsdauer und Fruchtbarkeitswert, hoch. Auch wenn in einigen Merkmalen signifikant von 1 verschiedene Werte geschätzt wurden, so sind diese Genotyp-Umwelt-Interaktionen aufgrund der Höhe der Korrelationen zu vernachlässigen. Die niedrigen Werte in der funktionalen Nutzungsdauer und dem Fruchtbarkeitswert könnten möglicherweise aufgrund ihrer niedrigen Heritabilität (siehe Kapitel 5.1) zustande gekommen sein. Das Feststellen von Genotyp-Umwelt-Interaktionen ist laut Calus et al. (2004) bei nieder-heritablen Merkmalen schwieriger als bei Merkmalen mit einer hohen Heritabilität. Dennoch zeigen beide Merkmale deutliche Genotyp-Umwelt-Interaktionen. Im Fall der funktionalen Nutzungsdauer sind diese Werte nicht wirklich erklärbar, jedoch verfügen die genetischen Korrelationen über hohe Standardfehler. Eine

Wiederholung der Berechnung mit gezielt selektierten Rohdaten bezüglich unzensurierter Daten könnten Aufschluss über die inkonsistenten Ergebnisse geben. Dagegen sind die genetischen Korrelationen des Fruchtbarkeitswertes nicht signifikant verschieden. Aufgrund dieser Studie und bereits anderen österreichischen Studien kann derzeit kein eigenes Zuchtprogramm für biologisch wirtschaftende Betriebe empfohlen werden.

6 Zusammenfassung

Diese Masterarbeit befasste sich mit den Unterschieden zwischen verschiedenen Milchproduktionssystemen bezüglich Heritabilitäten und genetischen Korrelationen zwischen Produktions- und Fitnessmerkmalen und den Genotyp-Umwelt-Interaktionen zwischen diesen Produktionssystemen. Als Produktionssysteme wurden einerseits eine biologische Gruppe und andererseits zwei konventionelle Gruppen definiert. Diese beiden konventionellen Gruppen wurden aufgrund ihrer Produktionsintensität anhand des Herdenjahreseffektes in eine konventionell hohe (intensiv, KonH) und konventionell niedere (extensiv, KonN) Gruppe eingeteilt.

Für diese Arbeit gingen Pseudophänotypen (de-regressierte Zuchtwerte und Yield Deviations) von 130.737 Fleckviehkühen in die Berechnungen ein. Die statistischen Analysen liegen einem approximativen multivariaten Zweischrittansatz zugrunde. Im ersten Schritt erfolgte die Berechnung der Pseudophänotypen. Im zweiten Schritt wurden univariate bzw. multivariate lineare Tiermodelle, zur Schätzung genetischer Parameter angewandt. Die Genotyp-Umwelt-Interaktionen wurden in dieser Arbeit über die genetischen Korrelationen zwischen den verschiedenen Produktionssystemen in einzelnen Merkmalen geschätzt. Es wurden insgesamt neun Merkmale berücksichtigt (Milch-, Fett-, und Eiweiß-kg, Persistenz, funktionale Nutzungsdauer, Zellzahl, Melkbarkeit, Eutergesundheitswert und Fruchtbarkeitswert).

Die Heritabilitäten der definierten Produktionssysteme unterschieden sich besonders in den Produktionsmerkmalen nur geringfügig voneinander. Die höchsten Werte konnten dennoch in den meisten Fällen im konventionell hohen Produktionssystem geschätzt werden. Zumindest in den Produktionsmerkmalen sind diese Ergebnisse in Übereinstimmung mit früheren Studien (u.a. Gerber et al., 2006; Sundberg et al., 2010), nicht jedoch in den Fitnessmerkmalen (u.a. Nauta et al., 2006; Sundberg et al., 2010; Van der Laak et al., 2016). In den Fitnessmerkmalen konnte eine stärkere Ähnlichkeit zwischen dem biologischen und dem konventionell niederen Produktionssystem festgestellt werden als zwischen dem biologischen und dem konventionell hohen Produktionssystem. Anders war dies in den Produktionsmerkmalen der Fall, hier unterschied sich das biologische

Produktionssystem weniger vom konventionell hohen Produktionssystem als vom konventionell niederen Produktionssystem.

Größere Unterschiede zwischen den Produktionssystemen konnten in den genetischen Korrelationen zwischen Produktions- und Fitnessmerkmalen ermittelt werden. Besonders auffällig war das konventionell niedere Produktionssystem, welches in beinahe allen Merkmalskombinationen die am stärksten unerwünschte genetische Korrelation aufwies. Zwar konnten dies auch Castillo-Juarez et al. (2000; 2002) und Kolmodin et al. (2002) feststellen, allerdings besagen die Ergebnisse von Fürst-Waltl et al. (2013) und Windig et al. (2006) genau das Gegenteil. Generell korrelierten die meisten Fitnessmerkmale erwartungsgemäß negativ mit den Produktionsmerkmalen. In den meisten Fällen waren die Werte des biologischen Produktionssystems näher an den Werten des konventionell hohen Produktionssystems. Dies ist insofern überraschend, da die biologische Landwirtschaft eher als extensiv angesehen wird (Boelling et al., 2003; Nauta et al., 2006; Simianer et al., 2007).

Die genetischen Korrelationen zwischen den einzelnen Produktionssystemen waren hoch ($\geq 0,93$). Dies war auch in der Mehrzahl der berücksichtigten Literatur der Fall (siehe Kapitel 3.5.2). Nur in den Merkmalen funktionale Nutzungsdauer und Fruchtbarkeitswert konnten etwas niedrigere Werte festgestellt werden. Allerdings wurden im Merkmal Nutzungsdauer hohe Standardfehler und im Fruchtbarkeitswert keine signifikanten genetischen Korrelationen ermittelt. Zudem wurden in früheren Studien in diesen Merkmalen (siehe Tabelle 8 und Tabelle 10) fast ausschließlich hohe genetische Korrelationen zwischen verschiedenen Produktionssystemen geschätzt. Aufgrund der Ergebnisse dieser Studie und anderen Studien kann derzeit kein eigenes Zuchtprogramm für biologisch wirtschaftende Betriebe empfohlen werden.

Literaturverzeichnis

- Ahlman, T., 2010. Organic Dairy Production. Herd Characteristics and Genotype by Environment Interactions. Swedish University of Agricultural Sciences Uppsala.
- Ahlman, T., Berglund, B., Rydhmer, L., Strandberg, E., 2011. Culling reasons in organic and conventional dairy herds and genotype by environment interaction for longevity. *J. Dairy Sci.* 94, 1568–1575. doi:10.3168/jds.2010-3483
- Barth, K., Rahmann, G., 2005. Milcherzeugung im ökologischen Landbau, in: Brade, W., Flachowsky, G. (Eds.), *Rinderzucht Und Milcherzeugung - Empfehlungen Für Die Praxis (2. Auflage)*. Sonderhefte Der Landbauforschung Völkenrode 289. Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL), pp. 136–144.
- Beerda, B., Ouweltjes, W., Sebek, L.B.J., Windig, J.J., Veerkamp, R.F., 2007. Effects of genotype by environment interactions on milk yield, energy balance, and protein balance. *J. Dairy Sci.* 90, 219–228. doi:10.3168/jds.S0022-0302(07)72623-1
- Berry, D.P., Buckley, F., Dillon, P., Evans, R.D., Rath, M., Veerkamp, R.F., 2003. Estimation of genotype×environment interactions, in a grass-based system, for milk yield, body condition score, and body weight using random regression models. *Livest. Prod. Sci.* 83, 191–203. doi:http://dx.doi.org/10.1016/S0301-6226(03)00098-8
- BIO AUSTRIA, 2016. Produktionsrichtlinien. Linz.
- BIO AUSTRIA, 2015. Welche Bio-Richtlinien gibt es? <http://www.bio-austria.at/welche-bio-richtlinien-gibt-es/> (accessed 3.1.16).
- Blank, B., Schaub, D., Paulsen, H.M., Rahmann, G., 2013. Vergleich von Leistungs- und Fütterungsparametern in ökologischen und konventionellen Milchviehbetrieben in Deutschland. *Landbauforsch. Appl. Agric. For. Res.* 63, 21–28.
- BMLFUW, 2015. Grüner Bericht 2015. Bericht über die Situation der österreichischen Land- und Forstwirtschaft, 56. Ausgab. ed. Bundesministerium für Land- und Forstwirtschaft, Umwelt und Wasserwirtschaft, Wien.
- Boelling, D., Groen, A.F., Sørensen, P., Madsen, P., Jensen, J., 2003. Genetic improvement of livestock for organic farming systems. *Livest. Prod. Sci.* 80, 79–88. doi:10.1016/S0301-6226(02)00323-8
- Boettcher, P.J., Fatehi, J., Schutz, M.M., 2003. Genotype×Environment Interactions in Conventional versus Pasture-Based Dairies in Canada. *J. Dairy Sci.* 86, 383–389. doi:10.3168/jds.S0022-0302(03)73617-0
- Calus, M.P.L., Bijma, P., Veerkamp, R.F., 2004. Effects of data structure on the estimation of covariance functions to describe genotype by environment interactions in a reaction norm model. *Genet. Sel. Evol.* 36, 489–507. doi:10.1051/gse:2004013
- Calus, M.P.L., Groen, A.F., de Jong, G., 2002. Genotype x environment interaction for protein yield in Dutch dairy cattle as quantified by different models. *J. Dairy Sci.* 85, 3115–23. doi:10.3168/jds.S0022-0302(02)74399-3
- Cardoso, F.F., Alencar, M.M., Tempelman, R.J., 2009. Genotype By Environment Interaction And Prediction Of Genetic Merit. East.

- Castillo-Juarez, H., Oltenacu, P.A., Blake, R.W., McCulloch, C.E., Cienfuegos-Rivas, E.G., 2000. Effect of herd environment on the genetic and phenotypic relationships among milk yield, conception rate, and somatic cell score in Holstein cattle. *J. Dairy Sci.* 83, 807–14. doi:10.3168/jds.S0022-0302(00)74943-5
- Castillo-Juarez, H., Oltenacu, P.A., Cienfuegos-Rivas, E.G., 2002. Genetic and phenotypic relationships among milk production and composition traits in primiparous Holstein cows in two different herd environments. *Livest. Prod. Sci.* 78, 223–231. doi:10.1016/S0301-6226(02)00098-2
- Cerón-Muñoz, M.F., Tonhati, H., Costa, C.N., Rojas-Sarmiento, D., Echeverri Echeverri, D.M., 2004. Factors that cause genotype by environment interaction and use of a multiple-trait herd-cluster model for milk yield of Holstein cattle from Brazil and Colombia. *J. Dairy Sci.* 87, 2687–2692. doi:10.3168/jds.S0022-0302(04)73395-0
- Cromie, A.R., Kelleher, D.L., Gordon, F.J., Rath, M., 1998. Genotype by Environment Interaction for Milk Production Traits in Holstein Friesian Dairy Cattle in Ireland. *INTERBULL Bull.* 17, 100–105.
- Deger, L., Martin, R., Ulmer, H., Duda, J., Sauter-louis, C., Zerbe, H., 2015. Herdengesundheit und -fruchtbarkeit in bayerischen Bio-Milchviehbetrieben, in: Häring, A.M., Hörnig, B., Hoffmann-Bahnsen, R., Luley, H., Luthard, V., Pape, J., Trei, G. (Eds.), *Beiträge Zur 13. Wissenschaftstagung Ökologischer Landbau. Am Mut Hängt Der Erfolg: Rückblicke Und Ausblicke Auf Die Ökologische Landbewirtschaftung.* Verlag Dr. Köster, Berlin, pp. 455–458.
- Dillon, P., Berry, D.P., Evans, R.D., Buckley, F., Horan, B., 2006. Consequences of genetic selection for increased milk production in European seasonal pasture based systems of milk production. *Livest. Sci.* 99, 141–158. doi:10.1016/j.livprodsci.2005.06.011
- Dominik, S., Kinghorn, B.P., 2008. Neglecting genotype × environment interaction results in biased predictions from selection index calculations. *Livest. Sci.* 114, 233–240. doi:10.1016/j.livsci.2007.05.004
- Ducrocq, V., Boichard, D., Barbat, A., Larroque, H., 2001. Implementation of an approximate multitrait BLUP evaluation to combine production traits and functional traits into a total merit index., in: *Proceedings of the 52nd Annual Meeting of the European Association for Animal Production 26-29 August 2001.* Budapest.
- Egger-Danner, C., 2013. Leistungsgrenzen beim Rind in Abhängigkeit von Züchtung und Management, in: *19. Österreichische Wintertagung 2013 Für Grünland- Und Viehwirtschaft.* Aigen/Ennstal, pp. 11–12.
- Eßl, A., 1987. *Statistische Methoden in der Tierproduktion.* Österreichischer Agrarverlag, Wien.
- EU, 2008. VO (EG) 889/2008 mit Durchführungsvorschriften zur VO (EG) 834/2007 hinsichtlich der ökologischen/biologischen Produktion, Kennzeichnung und Kontrolle idF VO (EG) 1254/2008. *Amtsblatt der Eur. Union.*
- EU, 2007. VO (EG) 834/2007 über die ökologische/biologische Produktion und die Kennzeichnung von ökologischen/biologischen Erzeugnissen. *Verordnungen L 189,* 1–23.
- Fahey, A.G., Schutz, M.M., Lofgren, D.L., Schinckel, A.P., Stewart, T.S., 2007. Genotype by Environment Interaction for Production Traits While Accounting for Heteroscedasticity. *J. Dairy Sci.* 90, 3889–3899. doi:10.3168/jds.2006-699
- Falconer, D.S., 1984. *Einführung in die quantitative Genetik.* Ulmer Verlag, Stuttgart.
- Falconer, D.S., Mackay, T.F.C., 1996. *Introduction to Quantitative Genetics,* 4th ed. Longman Group, Harlow.

- Fürst, C., 2013. Brauchen wir unterschiedliche Zuchtziele und Zuchtprogramme?, in: ZAR-Seminar 2013 - Die Beste Kuh Für's Gras. Anforderungen an Die Zucht Bei Unterschiedlichen Betriebsintensitäten. Salzburg, pp. 63–71.
- Fürst, C., Dodenhoff, J., Egger-Danner, C., Emmerling, R., Hamann, H., Krogmeier, D., Schwarzenbacher, H., 2015. Zuchtwertschätzung beim Rind - Grundlagen, Methoden und Interpretationen <http://www.zar.at/download/ZWS/ZWS.pdf>.
- Fürst, C., Fürst-Waltl, B., 2006. Züchterische Aspekte zu Kalbeverlauf, Totgeburtenrate und Nutzungsdauer in der Milchviehzucht. *Zuchtungskunde* 78, 365–383.
- Fürst, C., Gredler, B., 2009. Genetic Evaluation for Fertility Traits in Austria and Germany. *INTERBULL Bull.* 40, 3–9.
- Fürst, C., Pfeiffer, C., Fürst-Waltl, B., 2016. Fit, vital und leistungsstark - die neuen Zuchtziele für Fleckvieh und Braunvieh, in: ZAR-Seminar 2016 - Neue Zuchtziele in Der Rinderzucht. Fit, Vital Und Leistungsstark in Die Zukunft. pp. 41–48.
- Fürst-Waltl, B., Fürst, C., 2013. Genetische Hintergründe von Merkmalsbeziehungen unter verschiedenen Umweltbedingungen, in: ZAR-Seminar 2013 - Die Beste Kuh Für's Gras. Anforderungen an Die Zucht Bei Unterschiedlichen Betriebsintensitäten. Salzburg, pp. 47–54.
- Fürst-Waltl, B., Schwarzenbacher, H., Fürst, C., 2013. Genetic Relationships under Different Management Systems and their Consequences for Dairy Cattle Breeding. *Agric. conspec. sci.* 78, 183–186.
- Gäde, S., Stamer, E., Junge, W., Kalm, E., 2006. Estimates of genetic parameters for milkability from automatic milking. *Livest. Sci.* 104, 135–146. doi:10.1016/j.livsci.2006.04.003
- Gaillard, C., 1996. Phänoyp – Genotyp (quantitative Genetik), in: Kräußlich, H., Brem, G. (Eds.), *Tierzucht Und Allgemeine Landwirtschaftslehre Für Tiermediziner*. Ferdinand Enke Verlag, Stuttgart, pp. 174–186.
- Gerber, A., Krogmeier, D., Emmerling, R., Götz, K.U., 2007. Erstlaktationsleistungen und Laktationskurven von Fleckviehkühen in Abhängigkeit von der genetischen Milchleistungsveranlagung des Vaters und der Betriebsintensität. *Zuchtungskunde* 79, 263–274.
- Gerber, A., Krogmeier, D., Emmerling, R., Götz, K.U., 2006. Untersuchung zur Leistung von Besamungstieren unterschiedlicher genetischer Veranlagung für Milchleistung in Betrieben verschiedener Intensität. LfL, Freising-Weihenstephan.
- Gilmour, A.R., Gogel, B.J., Cullis, B.R., Thompson, R., 2009. *ASReml User Guide Release 3.0*.
- Goff, J.P., Horst, R.L., 1997. Physiological changes at parturition and their relationship to metabolic disorders. *J. Dairy Sci.* 80, 1260–1268. doi:10.3168/jds.S0022-0302(97)76055-7
- Groeneveld, E., Kovac, M., Mielenz, N., 2010. *VCE User's Guide and Reference Manual Version 6.0*.
- Haile-Mariam, M., Carrick, M.J., Goddard, M.E., 2008. Genotype by environment interaction for fertility, survival, and milk production traits in Australian dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 91, 4840–4853. doi:10.3168/jds.2008-1084
- Hansen, M., Lund, M.S., Sørensen, M.K., Christensen, L.G., 2002. Genetic parameters of dairy character, protein yield, clinical mastitis, and other diseases in the Danish Holstein cattle. *J. Dairy Sci.* 85, 445–52. doi:10.3168/jds.S0022-0302(02)74093-9
- Holzer, G., 2014. *Agrarrecht, 3., völlig. ed.* NMV Neuer Wissenschaftlicher Verlag, Wien, Graz.

- Huquet, B., Leclerc, H., Ducrocq, V., 2012. Modelling and estimation of genotype by environment interactions for production traits in French dairy cattle. *Genet. Sel. Evol.* 44, 14. doi:10.1186/1297-9686-44-35
- Ingvartsen, K.L., Dewhurst, R.J., Friggens, N.C., 2003. On the relationship between lactational performance and health: Is it yield or metabolic imbalance that cause production diseases in dairy cattle? A position paper. *Livest. Prod. Sci.* 83, 277–308. doi:10.1016/S0301-6226(03)00110-6
- Jairath, L., Dekkers, J.C.M., Schaeffer, L.R., Liu, Z., Burnside, E.B., Kolstad, B., 1998. Genetic Evaluation for Herd Life in Canada. *J. Dairy Sci.* 81, 550–562. doi:10.3168/jds.S0022-0302(98)75607-3
- Jakobsen, J.H., Madsen, P., Jensen, J., Pedersen, J., Christensen, L.G., Sorensen, D. a, 2002. Genetic parameters for milk production and persistency for Danish Holsteins estimated in random regression models using REML. *J. Dairy Sci.* 85, 1607–1616. doi:10.3168/jds.S0022-0302(02)74231-8
- Kadarmideen, H.N., Thompson, R., Coffey, M., Kossaibati, M.A., 2003. Genetic parameters and evaluations from single- and multiple-trait analysis of dairy cow fertility and milk production. *Livest. Prod. Sci.* 81, 183–195. doi:10.1016/S0301-6226(02)00274-9
- Kadarmideen, H.N., Thompson, R., Simm, G., Eh, M., 2000. Linear and threshold model genetic parameters for disease, fertility and milk production in dairy cattle. *Anim. Sci.* 71, 411–419.
- Kearney, J.F., Schutz, M.M., Boettcher, P.J., Weigel, K.A., 2004a. Genotype x environment interaction for grazing versus confinement. I. Production traits. *J. Dairy Sci.* 87, 501–509. doi:10.3168/jds.S0022-0302(04)73189-6
- Kearney, J.F., Schutz, M.M., Boettcher, P.J., 2004b. Genotype x environment interaction for grazing vs. confinement. II. Health and reproduction traits. *J. Dairy Sci.* 87, 510–516. doi:10.3168/jds.S0022-0302(04)73190-2
- Koeck, A., Egger-Danner, C., Fürst, C., Obritzhauser, W., Fürst-Waltl, B., 2010. Genetic analysis of reproductive disorders and their relationship to fertility and milk yield in Austrian Fleckvieh dual-purpose cows. *J. Dairy Sci.* 93, 2185–94. doi:10.3168/jds.2009-2570
- Kolmodin, R., Strandberg, E., Madsen, P., Jensen, J., Jorjani, H., 2002. Genotype by Environment Interaction in Nordic Dairy Cattle Studied Using Reaction Norms. *Acta Agric. Scand. Sect. A – Anim. Sci.* 52, 11–24. doi:10.1080/09064700252806380
- König, S., Dietl, G., Raeder, I., Swalve, H.H., 2005. Genetic Relationships for Dairy Performance Between Large-Scale and Small-Scale Farm Conditions. *J. Dairy Sci.* 88, 4087–4096. doi:10.3168/jds.S0022-0302(05)73093-9
- Krogmeier, D., 2016. Eines für Alle – oder brauchen wir verschiedene Zuchtziele? Anforderungen extensiver Produktionssysteme an die Tierzuchtung, in: ZAR-Seminar 2016 - Neue Zuchtziele in Der Rinderzucht. *Fit, Vital Und Leistungsstark in Die Zukunft.* Salzburg, pp. 9–18.
- Lassen, J., Sørensen, M.K., Madsen, P., Ducrocq, V., 2007. An approximate multitrait model for genetic evaluation in dairy cattle with a robust estimation of genetic trends. *Genet. Sel. Evol.* 39, 353–367.
- Lidauer, M., Matilainen, K., Mäntysaari, E., Pitkänen, T., Taskinen, M., Strandén, I., 2013. MiX99. General program for solving large mixed model equations with preconditioned conjugate gradient method. Release VII/2013 beta.

- Liu, Z., Jaitner, J., Reinhardt, F., Pasma, E., Rensing, S., Reents, R., 2008. Genetic evaluation of fertility traits of dairy cattle using a multiple-trait animal model. *J. Dairy Sci.* 91, 4333–43. doi:10.3168/jds.2008-1029
- Logar, B., Malovrh, Š., Kovač, M., 2007. Multiple trait analysis of genotype by environment interaction for milk yield traits in Slovenian cattle. *POLJOPRIVREDA* 13, 83–88.
- Luttinen, A., Juga, J., 1997. Genetic Relationships between Milk Yield, Somatic Cell Count, Mastitis, Milkability and Leakage in Finnish Dairy Cattle Population. *INTERBULL Bull.* 15, 78–83. doi:1997-029
- Mészáros, G., Sölkner, J., Ducrocq, V., 2013. The Survival Kit: Software to analyze survival data including possibly correlated random effects. *Comput. Methods Programs Biomed.* 110, 503–510. doi:10.1016/j.cmpb.2013.01.010
- Mrode, R.A., 2005. *Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values*, 2nd Edition. CAB International, Wallingford.
- Muir, B.L., Fatehi, J., Schaeffer, L.R., 2004. Genetic relationships between persistency and reproductive performance in first-lactation Canadian holsteins. *J. Dairy Sci.* 87, 3029–37. doi:10.3168/jds.S0022-0302(04)73435-9
- Mulder, H.A., 2007. *Methods to Optimize Livestock Breeding Programs with Genotype by Environment Interaction and Genetic Heterogeneity of Environmental Variance*. Wageningen University.
- Mulder, H.A., Groen, A.F., De Jong, G., Bijma, P., 2004. Genotype×Environment Interaction for Yield and Somatic Cell Score with Automatic and Conventional Milking Systems. *J. Dairy Sci.* 87, 1487–1495. doi:10.3168/jds.S0022-0302(04)73300-7
- Mulder, H.A., Veerkamp, R.F., Ducro, B.J., Van Arendonk, J. a M., Bijma, P., 2006. Optimization of dairy cattle breeding programs for different environments with genotype by environment interaction. *J. Dairy Sci.* 89, 1740–1752. doi:10.3168/jds.S0022-0302(06)72242-1
- Nauta, W.J., Veerkamp, R.F., Brascamp, E.W., Bovenhuis, H., 2006. Genotype by environment interaction for milk production traits between organic and conventional dairy cattle production in The Netherlands. *J. Dairy Sci.* 89, 2729–2737. doi:10.3168/jds.S0022-0302(06)72349-9
- Nauta, W.W.J., 2009. *Selective Breeding in Organic Dairy Production*.
- Oltenacu, P. a, Broom, D., 2010. The impact of genetic selection for increased milk yield on the welfare of dairy cows. *Anim. Welf.* 19, 39–49.
- Pfeiffer, C., 2015. *Optimization of the total merit index of Austrian dairy cattle Validation and adaptation of an approximate multitrait two-step procedure*. Universität für Bodenkultur Wien.
- Pfeiffer, C., Fürst, C., Schwarzenbacher, H., Fürst-Waltl, B., 2016. Genotype by environment interaction in organic and conventional production systems and their consequences for breeding objectives in Austrian Fleckvieh cattle. *Livest. Sci.* 185, 50–55. doi:10.1016/j.livsci.2016.01.011
- Postler, G., 2006. Ökologischer Gesamtzuchtwert in der Milchviehhaltung, in: *Österreichische Fachtagung Für Biologische Landwirtschaft*. Irdning, pp. 47–49.
- Pritchard, T., Coffey, M., Mrode, R., Wall, E., 2013. Genetic parameters for production, health, fertility and longevity traits in dairy cows. *Animal* 7, 34–46. doi:10.1017/S1751731112001401

- Pryce, J.E., Nielsen, B.L., Veerkamp, R.F., Simm, G., 1999. Genotype and feeding system effects and interactions for health and fertility traits in dairy cattle. *Livest. Prod. Sci.* 57, 193–201. doi:10.1016/S0301-6226(98)00180-8
- Pryce, J.E., Veerkamp, R.F., 2001. The incorporation of fertility indices in genetic improvement programmes. *Br. Soc. Anim. Sci.* 29–30.
- Pryce, J.E., Veerkamp, R.F., Thompson, R., Hill, W.G., Simm, G., 1997. Genetic aspects of common health disorders and measures of fertility in Holstein Friesian dairy cattle. *Anim. Sci.* 65, 353–360. doi:10.1017/S1357729800008559
- Raffrenato, E., Blake, R.W., Oltenacu, P. a, Carnevali, J., Licitra, G., 2003. Genotype by environment interaction for yield and somatic cell score with alternative environmental definitions. *J. Dairy Sci.* 86, 2470–2479. doi:10.3168/jds.S0022-0302(03)73841-7
- Reksen, O., Tverdal, A., Ropstad, E., 1999. A Comparative Study of Reproductive Performance. *J. Dairy Sci.* 2605–2610.
- Rosati, A., Aumaitre, A., 2004. Organic dairy farming in Europe. *Livest. Prod. Sci.* 90, 41–51. doi:10.1016/j.livprodsci.2004.07.005
- Rozzi, P., Miglior, F., Hand, K.J., 2007. A total merit selection index for Ontario organic dairy farmers. *J. Dairy Sci.* 90, 1584–1593. doi:10.3168/jds.S0022-0302(07)71644-2
- Samoré, A.B., Rizzi, R., Rossoni, A., Bagnato, A., 2010. Genetic parameters for functional longevity, type traits, somatic cell scores, milk flow and production in the Italian Brown Swiss. *Ital. J. Anim. Sci.* 9, 145–152. doi:10.4081/ijas.2010.e28
- SAS, 2002. User's Guide.
- Schaeffer, L.R., 2001. Multiple trait international bull comparisons. *Livest. Prod. Sci.* 69, 145–153. doi:10.1016/S0301-6226(00)00255-4
- Schwarzenbacher, H., 2002. Erfordern unterschiedliche Leistungsgrenzen auch unterschiedliche Zuchttiere?, in: ZAR-Seminar 2002 - Leistungszucht Und Leistungsgrenzen Beim Rind. Salzburg, pp. 36–41.
- Schwarzenbacher, H., Fürst, C., 2013. Züchten wir die richtigen Kühe für extensive Betriebe?, in: ZAR-Seminar 2013 - Die Beste Kuh Für's Gras. Anforderungen an Die Zucht Bei Unterschiedlichen Betriebsintensitäten. Salzburg, pp. 55–62.
- Sewalem, A., Kistemaker, G.J., Miglior, F., 2010. Relationship between female fertility and production traits in Canadian Holsteins. *J. Dairy Sci.* 93, 4427–4434. doi:10.3168/jds.2009-2915
- Sewalem, A., Miglior, F., Kistemaker, G.J., 2011. Genetic parameters of milking temperament and milking speed in Canadian Holsteins. *J. Dairy Sci.* 94, 512–6. doi:10.3168/jds.2010-3479
- Simianer, H., Augsten, F., Bapst, B., Franke, E., Maschka, R., Reinhardt, F., Schmidtko, J., Stricker, C., 2007. Ökologische Milchviehzucht: Entwicklung und Bewertung züchterischer Ansätze unter Berücksichtigung der Genotyp x Umwelt-Interaktion und Schaffung eines Informationssystems für nachhaltige Zuchtstrategien. Göttingen.
- Steininger, F., Fürst-Waltl, B., Egger-Danner, C., 2013. Welche Anforderungen stellen die Züchter an die Kühe?, in: ZAR-Seminar 2013 - Die Beste Kuh Für's Gras. Anforderungen an Die Zucht Bei Unterschiedlichen Betriebsintensitäten. Salzburg, pp. 3–12.
- Steinwidder, A., 2013. Low-Input-Systeme im Grünland - Stärken und Schwächen Low-Input Grünlandssysteme in Österreich, in: 19. Österreichische Wintertagung 2013 Für Grünland- Und Viehwirtschaft. Aigen/Ennstal, pp. 23–24.

- Steinwider, A., Krogmeier, D., 2014. Ökologischer Gesamtzuchtwert - Umsetzungsaktivitäten zur Unterstützung biologisch wirtschaftender Milchviehbetriebe in Österreich, in: Fachtagung Für Biologische Landwirtschaft 2014. Irdning, pp. 113–118.
- Steinwider, A., Starz, W., 2006. Sind unsere Kühe für die Weide noch geeignet?, in: Tagungsband 13. Freiland-Tagung. pp. 37–43.
- Steinwider, A., Starz, W., Podstatzky, L., Kirner, L., Pötsch, E.M., Pfister, R., Gallenböck, M., 2010. Low-Input Vollweidehaltung von Milchkühen im Berggebiet Österreichs - Ergebnisse von Pilotbetrieben bei der Betriebsumstellung. *Zuchtungskunde* 82, 241–252.
- Sundberg, T., Berglund, B., Rydhmer, L., Strandberg, E., 2009. Fertility, somatic cell count and milk production in Swedish organic and conventional dairy herds. *Livest. Sci.* 126, 176–182. doi:10.1016/j.livsci.2009.06.022
- Sundberg, T., Rydhmer, L., Fikse, W.F., Berglund, B., Strandberg, E., 2010. Genotype by environment interaction of Swedish dairy cows in organic and conventional production systems. *Acta Agric. Scand. Sect. A - Anim. Sci.* 60, 65–73. doi:10.1080/09064702.2010.496003
- Swalve, H.H., 1999. Grenzen in der Zucht auf Milchleistung? - Aus Sicht der Züchtung. *Züchtungskunde* 71, 428–436.
- Van Arendonk, J. a M., Nieuwhof, G.J., Vos, H., Korver, S., 1991. Genetic aspects of feed intake and efficiency in lactating dairy heifers. *Livest. Prod. Sci.* 29, 263–275.
- Van der Laak, M., van Pelt, M., de Jong, G., Mulder, H.A., 2016. Genotype by environment interaction for production, somatic cell score, workability, and conformation traits in Dutch Holstein-Friesian cows between farms with or without grazing. *J. Dairy Sci* 99, 1–8. doi:10.3168/jds.2015-10555
- Veerkamp, R.F., 1998. Selection for economic efficiency of dairy cattle using information on live weight and feed intake: a review. *J. Dairy Sci.* 81, 1109–19. doi:10.3168/jds.S0022-0302(98)75673-5
- Veerkamp, R.F., Beerda, B., Van Der Lende, T., 2003. Effects of genetic selection for milk yield on energy balance, levels of hormones, and metabolites in lactating cattle, and possible links to reduced fertility. *Livest. Prod. Sci.* 83, 257–275. doi:10.1016/S0301-6226(03)00108-8
- Veerkamp, R.F., Koenen, E.P.C., De Jong, G., 2001. Genetic Correlations Among Body Condition Score, Yield, and Fertility in First-Parity Cows Estimated by Random Regression Models. *J. Dairy Sci.* 84, 2327–2335. doi:10.3168/jds.S0022-0302(01)74681-4
- Weigel, K.A., Kriegel, T., Pohlman, A.L., 1999. Genetic Analysis of Dairy Cattle Production Traits in a Management Intensive Rotational Grazing Environment. *J. Dairy Sci.* 82, 191–195. doi:10.3168/jds.S0022-0302(99)75223-9
- Willam, A., Simianer, H., 2011. Tierzucht. Grundwissen Bachelor. Ulmer Verlag, Stuttgart.
- Windig, J.J., Calus, M.P.L., Beerda, B., Veerkamp, R.F., 2006. Genetic Correlations Between Milk Production and Health and Fertility Depending on Herd Environment. *J. Dairy Sci.* 89, 1765–1775. doi:10.3168/jds.S0022-0302(06)72245-7
- Windig, J.J., Calus, M.P.L., Veerkamp, R.F., 2007. High milk yields and the risk of mastitis in different herd environments, in: Hogeveen, H. (Ed.), *Mastitis in Dairy Production. Current Knowledge and Future Solutions*. Wageningen Academic Publishers, Wageningen, pp. 254–259.

- Yamazaki, T., Hagiya, K., Takeda, H., Sasaki, O., Yamaguchi, S., Sogabe, M., Saito, Y., Nakagawa, S., Togashi, K., Suzuki, K., Nagamine, Y., 2013. Genetic correlations between milk production traits and somatic cell scores on test day within and across first and second lactations in Holstein cows. *Livest. Sci.* 152, 120–126. doi:10.1016/j.livsci.2012.12.015
- Yin, T., Bapst, B., Borstel, U.U. V, Simianer, H., König, S., 2012. Genetic parameters for gaussian and categorical traits in organic and low input dairy cattle herds based on random regression methodology. *Livest. Sci.* 147, 159–169. doi:10.1016/j.livsci.2012.04.017
- ZuchtData, 2015. ZuchtData Jahresbericht 2015. Wien.