

Original Article

## Potenzial der Nutzung von Routinemeldungen der Abgangsursachen für die Milchrinderzucht

J. HEISE<sup>1</sup>, KATHRIN FRIEDERIKE STOCK<sup>2</sup>, S. RENSING<sup>2</sup> und H. SIMIANER<sup>1</sup>

### Zusammenfassung

Abgangsursachen von Milchkühen in Deutschland werden schon seit Jahrzehnten routinemäßig über die Milchleistungsprüfungsorganisationen erhoben. Einige Abgangsursachen haben einen direkten Bezug zu Gesundheitsmerkmalen, welche in den vergangenen Jahren stark an Bedeutung gewonnen haben. Ziel dieser Studie war es, das Potenzial der züchterischen Nutzung von Daten über Abgangsursachen bei schwarz- und rotbunten Holsteins in Deutschland zu untersuchen. Hierfür standen Daten aus der Zuchtwertschätzung für Nutzungsdauer (Stand: April 2017) zur Verfügung. Für die erste Laktation wurden verschiedene Überlebensmerkmale definiert als Abgang bzw. kein Abgang aufgrund einer bestimmten Abgangsursache in der ersten Laktation, kodiert als 0 bzw. 1. Die Varianzkomponentenschätzung erfolgte univariat an einem Datensatz mit 2.893.212 Tieren. Die geschätzten Heritabilitäten lagen zwischen 0,58% (Abgang wg. schlechter Melkbarkeit) und 1,88% (Abgang wegen Euterkrankheiten). Die Zuchtwertkorrelationen aus der anschließenden Zuchtwertschätzung an einem Datensatz mit 11.263.102 Tieren zu anderen routinemäßig geschätzten Zuchtwerten sowie Zuchtwerten für direkte Gesundheitsmerkmale ergaben durchweg plausible Muster. Die Ergebnisse dieser Studie zeigen daher, dass in den Abgangsursachen sinnvolle, potenziell züchterisch nutzbare Informationen enthalten sind. Es sollten deshalb weitere Untersuchungen folgen, um zum Beispiel die Eignung der Abgangsursachen als Hilfsmerkmale für die Zuchtwertschätzung für direkte Gesundheitsmerkmale weiter zu untersuchen.

**Schlüsselwörter:** Milchrinderzucht, Abgangsursachen, unfreiwillige Merzung, Gesundheitsmerkmale

### Summary

#### Potential use of routinely reported disposal reasons in dairy cattle breeding

Since decades, reasons for disposal of German dairy cows have been routinely recorded by the milk recording organizations. Some disposal reasons are a direct reference to health traits, which have gained in importance over the recent years. The aim of our study was the analysis of the potential usefulness of data regarding disposal reasons of

<sup>1</sup> Universität Göttingen, Abteilung für Tierzucht und Haustiergenetik, Albrecht-Thaer-Weg 3, 37075 Göttingen, E-Mail: johannes.heise@uni-goettingen.de

<sup>2</sup> Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. (vit), Heinrich-Schröder-Weg 1, 27283 Verden (Aller)

German black-and-white and red-and-white Holsteins for dairy improvement. Data from the routine genetic evaluation system for longevity were used (genetic evaluation April 2017). For the first lactation, different survival traits were defined: disposal because of/survival against a certain disposal reason (0/1). Genetic parameters were estimated univariately on a data set comprising 2,893,212 cow records. Estimated heritabilities were in the range from 0.58% (poor milkability) to 1.88% (udder diseases). Breeding values were then estimated using data of 11,263,102 cows. Correlations to estimated breeding values for routinely evaluated traits as well as for direct health traits showed plausible patterns. Our results therefore demonstrate that disposal reasons contain meaningful and potentially usable information with regard to dairy cattle breeding. Further analyses should be conducted to further assess disposal reason traits as potential indicator traits for direct health traits.

**Keywords:** Dairy cattle breeding, disposal reasons, involuntary culling, health traits

## 1 Einleitung

In Deutschland werden Abgangsursachen von Milchrindern seit Jahrzehnten routinemäßig und standardisiert im Rahmen der Milchleistungsprüfung erfasst (ADR, 2017). Derzeit spielen Auswertungen der Abgangsursachen jedoch in erster Linie in der Managementberatung für Milchviehbetriebe eine Rolle. In der Milchrinderzucht werden sie zumindest nicht in allen Ländern genutzt. Einige Punkte, die von Kritikern der züchterischen Nutzung ins Feld geführt werden, sind:

- Der Schlüssel für die Erfassung der Abgangsursachen sei nur sehr grob, da er z.B. die Angabe von Kalbeschwierigkeiten als Abgangsursache nicht zulässt.
- Bei der Entscheidung für die Merzung einer Kuh spiele häufig mehr als ein Grund eine Rolle, der Landwirt könne aber nur eine Abgangsursache angeben.
- Die Angabe der Abgangsursache sei subjektiv.
- Die Erfassungsgenauigkeit sei oftmals ungenügend, da der Anteil von Abgängen aufgrund „sonstiger Ursachen“ selbst in Anbetracht der Unvollständigkeit des Schlüssels sehr hoch sei ( $\geq 30\%$  aller Abgänge in den ersten fünf Laktationen; z.B. HEISE et al., 2016).

Trotz dieser berechtigten Kritikpunkte sind in den Daten zu Abgangsursachen plausible Informationen enthalten: so werden z.B. Stoffwechselerkrankungen als Ursache für Abgänge hauptsächlich am Anfang der zweiten und späteren Laktationen genannt, Unfruchtbarkeit hauptsächlich für Merzungen gegen Ende einer jeden Laktation (HEISE et al., 2016). Einige Abgangsursachen haben einen unmittelbaren Bezug zur Tiergesundheit (z.B. „Eutererkrankungen“, „Stoffwechselerkrankungen“), was die Nutzung dieser Informationen für züchterische Zwecke potenziell sehr interessant macht. Derzeit wird viel Aufwand betrieben, um von möglichst vielen Tieren detaillierte und akkurate Gesundheitsdaten zu erfassen, anhand derer eine Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale durchgeführt werden kann. Oft ist eine solche Datenerfassung nur auf einem relativ kleinen Teil der Betriebe realisierbar. Selbst groß angelegte Projekte wie „KuhVision“ können nicht die akkurate und detaillierte Erfassung von Gesundheitsdaten in der vollen Breite der Population gewährleisten (REENTS et al., 2016). Hingegen sind über 85% der Milchkühe in Deutschland an die Milchleistungsprüfung angeschlossen (DLQ, 2016; DESTATIS, 2017), und für diese Kühe werden im Falle einer Merzung auch Abgangsursachen erhoben. Darüber hinaus ist der historische Zeithorizont der differenzierten Datenerfassung für direkte Gesundheitsmerkmale naturgemäß bei weitem nicht

so tief wie für die Erfassung der Abgangsursachen. Dass die züchterische Nutzung von Abgangsursachen potentiell möglich ist, haben u.a. AHLMAN et al. (2011) an schwedischen Milchrindern gezeigt. Die Autoren haben Überleben gegenüber speziellen Abgangsursachen („Unfruchtbarkeit“ und „Eutererkrankungen“) als Merkmale definiert und Heritabilitäten zwischen 3 und 6% für diese Merkmale geschätzt.

Ziel der vorliegenden Studie war daher, erste Analysen zur züchterischen Nutzung von Abgangsursachen in Deutschland durchzuführen. Hierzu wurden verschiedene Merkmale auf der Basis gemeldeter Abgangsursachen für die erste Laktation definiert, Varianzkomponenten und anschließend Zuchtwerte geschätzt und Letztere unter Bezugnahme auf zusätzliche Informationsquellen auf ihre inhaltliche Plausibilität geprüft.

## 2 Material und Methoden

Für die vorliegenden Analysen wurden Daten verwendet, die von den Milchleistungsprüfungsorganisationen routinemäßig für die Zuchtwertschätzung für Nutzungsdauer bereitgestellt werden (Stand: Zuchtwertschätzung April 2017). Die verwendeten Daten umfassten Ein- und Austrittsdaten der Kühe für jede Herde, in denen sie gemeldet waren, sowie die jeweiligen Abgangsursachen. Abgänge beinhalteten sowohl auf dem Betrieb verendete Tiere als auch solche, die den Betrieb lebend, in den meisten Fällen zur Schlachtung, verlassen haben. Außerdem lagen Informationen zu den Kalbungen der Kühe vor. Die anschließende Plausibilitätsprüfung umfasste folgende Punkte:

- Beide Eltern mussten bekannt sein.
- Das Geburtsdatum musste bekannt, valide und nach 1994 sein.
- Das Erstkalbealter musste zwischen 20 und 40 Monaten liegen.
- Die Datumsangaben der angegebenen Kalbungen mussten valide sein und die Zwischenkalbezeiten, sofern vorhanden, mussten zwischen 300 und 600 Tagen liegen, anderenfalls wurde der Datensatz zum Zeitpunkt der letzten gültigen Kalbung zensiert.

Nach dieser Plausibilitätsprüfung standen Daten von 11.263.102 Kühen für die Analysen zur Verfügung.

### *Merkmalsdefinition*

Abgangsursachen werden in Deutschland gemäß Empfehlung der Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V. (ADR, 2017) routinemäßig erfasst. Aus Tabelle 1 sind die Abgangsursachen und die verwendeten Abkürzungen ersichtlich. Daten von Tieren, die in der ersten Laktation unter Angabe der Abgangsursache *Verkauf zu Zucht- und Nutzzwecken* abgegangen waren, wurden nicht berücksichtigt. Ebenfalls nicht berücksichtigt wurde die Abgangsursache *hohes Alter*, da ihre Frequenz in der ersten Laktation nahezu 0 war (HEISE et al., 2016). Für jede Abgangsursache wurden Merkmalsbeobachtungen für Kühe wie folgt kodiert: „0“, wenn die Kuh in der ersten Laktation unter Angabe der jeweiligen Abgangsursache abgegangen war und „1“, wenn für die Kuh entweder eine zweite Kalbung bekannt war oder sie in der ersten Laktation unter Angabe einer anderen Abgangsursache als der jeweils betrachteten abgegangen war. Die Begrenzung der Beobachtungen auf die erste Laktation erfolgte aufgrund der Tatsache, dass für spätere Laktationen nur noch Kühe Beobachtungen aufweisen, welche die erste Laktation überlebt haben.

Tab. 1. Abgangsursachen und verwendete Abkürzungen.  
*Disposal reasons and abbreviations in this study.*

Abgangsursache <i>Disposal reason</i>	Abkürzung <i>Abbreviation</i>
Verkauf zu Zucht- und Nutzzwecken	-1
Hohes Alter	-1
Geringe Leistung	LEISTG
Unfruchtbarkeit	UNFRU
Euterkrankheiten	EUTERK
Schlechte Melkbarkeit	MELKB
Erkrankungen der Gliedmaßen und Klauen	FUNDM
Stoffwechselkrankheiten	METAB
Sonstige Krankheiten	soKRA
Sonstige Ursachen	soURS

<sup>1</sup>Nicht verwendet

<sup>1</sup>*Not used*

### Varianzkomponentenschätzung

Für die Varianzkomponentenschätzung wurden aus dem Gesamtdatenbestand nur Daten von Holstein-Kühen (Farbrichtungen schwarzbunt und rotbunt) aus den ost-deutschen Bundesländern verwendet, deren erste Kalbung in den Jahren von 2000 bis 2014 stattgefunden hatte und die während der ersten Laktation nicht den Betrieb gewechselt hatten. Daten aus Herden, für die nicht mindestens fünf Beobachtungen in jedem Jahr von 2000 bis 2014 vorlagen, wurden von den Analysen ausgeschlossen. Außerdem wurden nur Daten von Kühen berücksichtigt, deren Väter mit mindestens fünf Töchtern im Datenbestand vertreten waren. Insgesamt gingen in die weiteren Analysen Datensätze von 2.893.212 Kühen ein. Für die Schätzung der Verwandtschaft zwischen den Vätern wurden alle bekannten Pedigreeinformationen bis zur vierten Vorfahren-generation verwendet.

Die Varianzkomponentenschätzung wurde mit folgendem Modell durchgeführt:

$$y = Xb + Zs + e$$

Dabei ist  $y$  der Vektor mit Beobachtungen (0 oder 1),  $X$  die Inzidenzmatrix, welche die Beobachtungen mit den Effektstufen des fixen Effektes Herde der ersten Kalbung  $\times$  Jahr verknüpft und  $b$  ist der Vektor der fixen Effekte. Die Matrix  $Z$  ist die Inzidenzmatrix der zufälligen Vätereffekte und  $s$  der dazugehörige Vektor der zufälligen Vätereffekte. Für  $s$  wurde  $s \sim N(0, A\sigma_s^2)$  angenommen, wobei  $\sigma_s^2$  die Varianz der Vätereffekte und  $A$  die Pedigree-basierte Verwandtschaftsmatrix der Väter ist. Der Vektor  $e$  enthält die zufälligen Resteffekte. Für  $e$  wurde  $e \sim N(0, I\sigma_{e,s}^2)$  angenommen, wobei  $\sigma_{e,s}^2$  die Varianz der Resteffekte ist, welche die Varianzen der mütterlichen genetischen Effekte sowie des Mendelian Samplings beinhaltet. Der Schätzer für die genetische Varianz,  $\sigma_a^2$ , ist  $4\sigma_s^2$

und der Schätzer für die dazugehörige Varianz der Resteffekte,  $\sigma_e^2$ , ist  $\sigma_{e_s}^2 - 3\sigma_s^2$ . Die Varianzkomponentenschätzung erfolgte mit der Software VCE (Version 6; GROENEVELD et al., 2010). Die geschätzten Heritabilitäten wurden anhand der Merkmalsfrequenzen anschließend auf die zugrundeliegende Skala transformiert (DEMPSTER und LERNER, 1950).

### Zuchtwertschätzung

Die geschätzten Varianzkomponenten dienten als Grundlage für die nachfolgende Zuchtwertschätzung für die einzelnen Abgangsursachen. Es wurde der eingangs erwähnte Gesamtdatenbestand ( $N = 11.263.102$ ) verwendet. Hierfür kam das folgende Modell zur Anwendung:

$$y = Xb + Za + e$$

Dabei ist  $y$  der Vektor mit Beobachtungen (0 oder 1),  $X$  die Inzidenzmatrix, welche die Beobachtungen mit den Effektstufen für die fixen Effekte Region (Bundesland für Tiere in Deutschland bzw. Land für Tiere aus Luxemburg und Österreich) und Herde der ersten Kalbung  $\times$  Jahr  $\times$  Saison verknüpft und  $b$  ist der Vektor der fixen Effekte. Die Matrix  $Z$  ist die Inzidenzmatrix der zufälligen Tiereffekte und  $a$  der dazugehörige Vektor der zufälligen Tiereffekte. Für  $a$  wurde  $a \sim N(0, A\sigma_a^2)$  angenommen, wobei  $\sigma_a^2$  die genetische Varianz und  $A$  die Pedigree-basierte Verwandtschaftsmatrix der Tiere ist. Der Vektor  $e$  enthält die zufälligen Resteffekte. Für  $e$  wurde  $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$  angenommen, wobei  $\sigma_e^2$  die Varianz der Resteffekte ist. Die Zuchtwertschätzung erfolgte mit einer Software, die eine Implementierung des preconditioned-conjugate-gradients-(PCG)-Algorithmus von STRANDÉN und LIDAUER (1999) ist. Die Approximation der Sicherheiten der geschätzten Zuchtwerte erfolgte mit Hilfe des Algorithmus von LIU et al. (2004).

### Weitergehende Analysen, Zuchtwertkorrelationen und Regressionen

Für die auf der Zuchtwertschätzung aufbauenden Analysen wurden deutsche schwarz- und rotbunte Holstein KB-Bullen der Geburtsjahre 1996 bis 2012 ausgewählt. Um Anhaltspunkte für die inhaltliche Plausibilität der geschätzten Zuchtwerte für verschiedene Abgangsursachen zu erhalten, wurden sie zunächst mit Ergebnissen der Routinezuchtwertschätzungen (VIT, 2017) verglichen. Es wurden folgende Zuchtwerte berücksichtigt (Stand: Zuchtwertschätzung April 2017): Relativzuchtwert Milch (RZM), Relativzuchtwert Fruchtbarkeit (RZR), Relativzuchtwert für somatische Zellzahl (RZS), Relativzuchtwert für Melkbarkeit (RZD), Fundament-Note: Zuchtwert für die Fundament-Note, Relativzuchtwert für Abkalbung maternal (RZKm), Relativzuchtwert für Nutzungsdauer (RZN). Um Artefakte aufgrund paralleler genetischer Trends zu vermeiden, wurden Korrelationen zu Zuchtwerten aus der Routinezuchtwertschätzung zunächst innerhalb Geburtsjahr geschätzt und diese dann über alle Geburtsjahre gemittelt. Da eine Grundüberlegung war, mit Hilfe der Abgangsursachen ggf. die Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale zu stärken, wurden auch Zuchtwerte für direkte Gesundheitsmerkmale (projektinterne, inoffizielle Zuchtwerte aus der Deutschen Innovationspartnerschaft GKUHplus; Stock et al., 2015) in die Analysen einbezogen. Hierzu wurden für die Gesundheitsmerkmale linksseitige Labmagenverlagerung, Ketose, MilCHFieber, Limax, Klauenrehe, Weiße-Linien-Defekt, Klauengeschwür, Phlegmone und Dermatitis Digitalis Zuchtwertkorrelationen zu den jeweiligen Abgangsursachen geschätzt. Aufgrund der kleinen Stichprobenumfänge konnte dies jedoch nicht unter Berücksichtigung des Geburtsjahres geschehen. Da mit dem RZS neben EUTERK ein weiterer potenzieller, bereits routinemäßig geschätzter Hilfszuchtwert für Mastitis verfügbar ist, wurden für die frühe

Tab. 2. Phänotypische Frequenzen für das Überleben gegen die jeweilige Abgangsursache und geschätzte Heritabilitäten. Heritabilitäten sind auf der beobachteten Skala sowie transformiert nach DEMPSTER und LERNER (DL, 1950) dargestellt.  
*Phenotypic frequencies for survival against different disposal reasons and estimated heritabilities. Heritabilities are presented on the observed scale as well as on the transformed scale as supposed by DEMPSTER and LERNER (DL, 1950).*

Abgangsursache <i>Disposal reason</i>	Frequenz <i>Frequency</i> (%)	Heritabilität <i>Heritability</i> (%)	Heritabilität (DL) <i>Heritability (DL)</i> (%)
LEISTG	96,99	1,80	11,28
UNFRU	95,22	0,93	4,29
EUTERK	95,23	1,88	8,67
MELKB	98,83	0,58	7,10
FUNDM	95,94	1,72	8,81
METAB	98,46	1,35	13,64
soKRA	96,90	0,62	3,78
soURS	95,94	0,82	4,20

Mastitis (Tag -10 bis 50 ab der Kalbung) und späte Mastitis (nach Tag 50 nach der Kalbung) in der ersten Laktation aus der Zuchtwertschätzung für direkte Gesundheitsmerkmale jeweils Regressionen mit RZS und EUTERK als erklärenden Variablen geschätzt.

Für folgende Fragestellungen wurden weitere Datenselektionen vorgenommen:

- Darstellung der Sicherheiten der Zuchtwerte: N Töchter  $\geq 10$
- Darstellung der genetischen Trends: N Töchter  $\geq 10$
- Zuchtwertkorrelationen zu routinemäßig geschätzten Merkmalen: Sicherheit des Zuchtwertes für EUTERK  $\geq 0,8$
- Zuchtwertkorrelationen und -regressionen zu und auf Gesundheitsmerkmale: Sicherheit des jeweils analysierten Gesundheitszuchtwertes  $\geq 0,6$  und Sicherheit der jeweils analysierten Zuchtwerte aus der Routinezuchtwertschätzung bzw. der Abgangsursachenzuchtwertschätzung  $\geq 0,8$

### 3 Ergebnisse

#### Varianzkomponentenschätzung

Die Frequenzen der Abgangsmerkmale sind zusammen mit den geschätzten Heritabilitäten (beobachtete Skala) und den entsprechenden transformierten Heritabilitätsschätzwerten (zugrundeliegende Skala) in Tabelle 2 aufgeführt. Die Frequenzen lagen zwischen 95,2% (UNFRU, EUTERK) und 98,8% (MELKB). Die geschätzten Heritabilitäten variierten zwischen 0,6% (MELKB, soKRA) und 1,9% (EUTERK) auf der beobachteten Skala und zwischen 3,8% (soKRA) und 13,6% (METAB) auf der unterliegenden Skala.

## Zuchtwertschätzung

**Sicherheiten der Zuchtwerte.** Abbildung 1 zeigt für deutsche Holstein KB-Bullen der Geburtsjahre 1996 bis 2012 mit mehr als 10 Töchtern (MW = 317) in der Zuchtwertschätzung für Abgangsursachen (N = 15.133) Boxplot-Diagramme der approximierten Sicherheiten für die einzelnen Abgangsursachenmerkmale. Für die Merkmale LEISTG, EUTERK, FUNDM und METAB ergaben sich mit Medianwerten von 0,46 (METAB) bis 0,50 (EUTERK) die höchsten Sicherheiten. Für die anderen Merkmale lagen die Medianwerte zwischen 0,38 (MELKB) und 0,42 (UNFRU).

**Genetische Trends.** Abbildung 2 zeigt für deutsche Holstein KB-Bullen mit mindestens 10 Töchtern in der Zuchtwertschätzung für Abgangsursachen (N = 15.133) genetische Trends, skaliert entsprechend genetischer Standardabweichungen nach Geburtsjahr für den Zeitraum von 1996 bis 2012 (Mittelwert 0 für Geburtsjahr 2005). Für die Merkmale LEISTG, UNFRU, EUTERK, FUNDM und soURS ergab sich jeweils ein deutlich positiver genetischer Trend von 0,47 (FUNDM) bis 1,36 (UNFRU) genetischen Standardabweichungen. Für die Merkmale MELKB, METAB und soKRA waren weniger deutliche bis keine genetischen Trends feststellbar.

## Zuchtwertkorrelationen und -regressionen

Die Korrelationen zwischen den geschätzten Zuchtwerten für die einzelnen Abgangsursachenmerkmale sind in Abbildung 3 dargestellt. Die Abgangsursache soURS zeigte vergleichsweise hohe Korrelationen von 0,18 (MELKB) bis 0,49 (soKRA) zu allen anderen Merkmalen. Deutlich positive Korrelationen ließen sich zwischen den Abgangs-

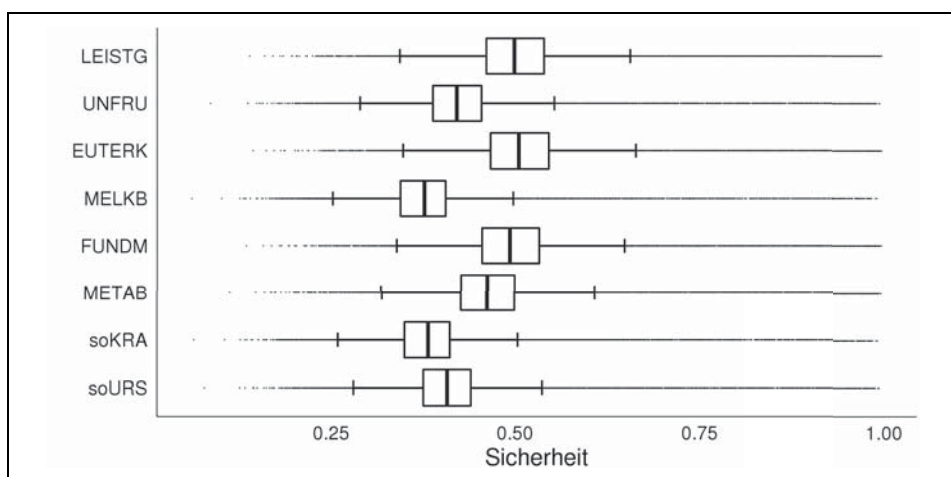


Abb. 1. Sicherheiten der geschätzten Zuchtwerte deutscher schwarz- und rotbunter Holstein KB-Bullen der Geburtsjahre 1996 bis 2012 (nur Bullen mit mehr als 10 Töchtern; N = 15.133) für die verschiedenen Abgangsursachenmerkmale  
*Reliabilities of estimated breeding values of German black-and-white and red-and-white Holstein AI bulls, born from 1996 to 2012 (only bulls with more than 10 daughters; N = 15.133) for the different disposal reason traits*

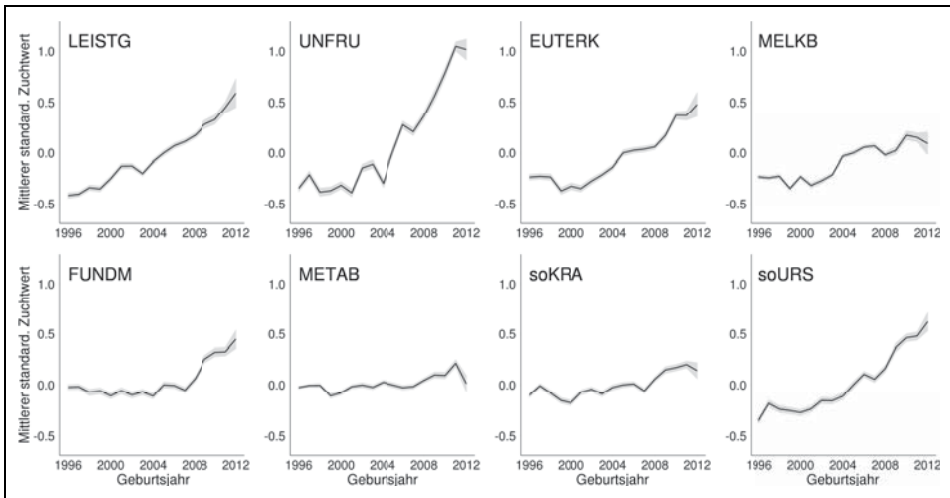


Abb. 2. Genetische Trends für deutsche schwarz- und rotbunte Holstein KB-Bullen (nur Bullen mit mindestens 10 Töchtern;  $N = 15.133$ ), dargestellt als Mittelwerte der geschätzten Zuchtwerte nach Geburtsjahr und Abgangsursache, standardisiert jeweils für die genetische Streuung und auf den Mittelwert der Bullen mit dem Geburtsjahr 2005. Graue Bänder markieren das 95% Konfidenzintervall

*Genetic trends for German black-and-white and red-and-white Holstein AI bulls (only bulls with at least 10 daughters;  $N = 15.133$ ), presented as mean estimated breeding values by year of birth and disposal reason, standardized by the respective genetic standard deviation and the mean of bulls born in 2005. Gray ribbons denote 95% confidence intervals*

ursachen FUNDM, METAB, soKRA und soURS mit einer Spannweite von 0,39 zwischen FUNDM und METAB bis 0,49 zwischen soKRA und soURS feststellen. MELKB zeigte nur zu LEISTG (0,20), soURS (0,18) und EUTERK (0,29) leicht positive Korrelationen.

Abbildung 4 zeigt Zuchtwertkorrelationen der Abgangsursachenmerkmale zu Merkmalen bzw. Merkmalskomplexen aus der Routinezuchtwertschätzung. Der RZN zeigte zu allen Abgangsursachenmerkmalen bis auf MELKB und LEISTG moderate Zuchtwertkorrelationen von 0,51 zu METAB bis 0,69 zu soURS. Die jeweils höchsten Zuchtwertkorrelationen ergaben sich für LEISTG zum RZM (0,43), für UNFRU zum RZR (0,54), für EUTERK zum RZS (0,54), für MELKB zum RZD (0,26), für FUNDM zum RZR (0,24) und zu Fund.-Note (0,25), sowie für METAB (0,21), soKRA (0,27) und soURS (0,31) jeweils zum RZR.

Beim Vergleich des Zuchtwertes für METAB zu Zuchtwerten für metabolische Erkrankungen (linksseitige Labmagenverlagerung, Ketose, Milchfieber) war nur die Beziehung zwischen METAB und linksseitiger Labmagenverlagerung signifikant (Ergebnisse für Ketose und Milchfieber nicht gezeigt). Die Korrelation zwischen linksseitiger Labmagenverlagerung und METAB war 0,66 ( $N = 92$ ).

Bei der Analyse der Beziehungen zwischen FUNDM und verschiedenen Klauenerkrankungen (Klauengeschwüre, Phlegmone, Dermatitis digitalis, Limax, Klauenrehe, Weiße-Linie-Defekt) zeigten sich signifikante Beziehungen nur zu Klauengeschwüren und Phlegmonen. Die Korrelation zwischen FUNDM und Klauengeschwüren war 0,54 ( $N = 178$ ), die zwischen FUNDM und Phlegmonen 0,58 ( $N = 144$ ).



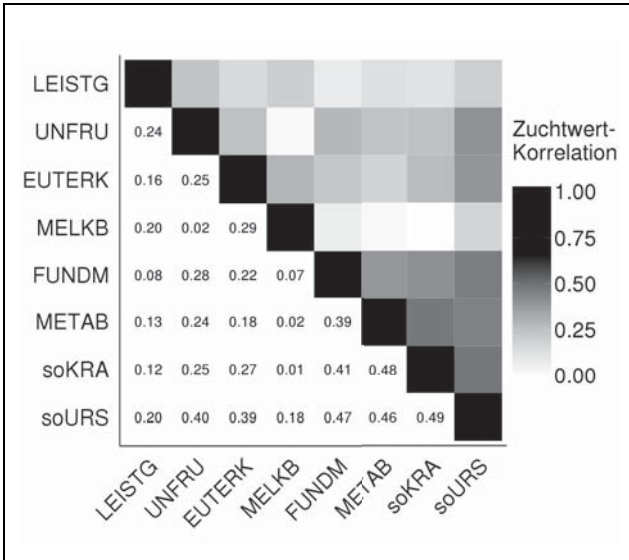


Abb. 3. Zuchtwertkorrelationen zwischen den verschiedenen Abgangsursachenmerkmalen für deutsche schwarz- und rotbunte Holstein KB-Bullen der Geburtsjahre 1996 bis 2012 (nur Bullen mit Sicherheit des Zuchtwertes EUTERK  $\geq 0,8$ ; N = 712)  
*Correlations of estimated breeding values between the disposal reason traits for German black-and-white and red-and-white Holstein AI bulls, born from 1996 to 2012 (only bulls with reliability  $\geq 0,8$  of the estimated breeding value for EUTERK; N = 712)*

Die Regression des Zuchtwertes für frühe Mastitis in der ersten Laktation auf die Zuchtwerte für EUTERK und RZS (N = 111) ergab folgendes Bild: waren nur EUTERK oder RZS als erklärende Variablen in der Regression, zeigte sich für jede der beiden Variablen ein signifikanter Zusammenhang zu dem Mastitiszuchtwert ( $p \leq 0,001$ ). Wurden beide Zuchtwerte gleichzeitig als erklärende Variablen in das Modell aufgenommen, war der Einfluss des RZS nicht mehr signifikant. Das Bestimmtheitsmaß war in diesem Fall  $R^2 = 0,39$ .

Die entsprechende Regression auf den Zuchtwert für späte Mastitis (> 50 Tage ab Kalbung) in der ersten Laktation (N = 132) ergab ein etwas anderes Bild: auch hier war der Zusammenhang zu EUTERK und RZS jeweils signifikant ( $p \leq 0,001$ ). Wurden beide Variablen zugleich als erklärende Variablen in das Modell aufgenommen, blieb die Signifikanz bestehen ( $p \leq 0,01$ ;  $R^2 = 0,30$ ).

## 4 Diskussion

### Datengrundlage

Für die Schätzung der Varianzkomponenten wurden nur Daten aus den ostdeutschen Bundesländern verwendet. Dies geschah im Wesentlichen aufgrund der im Vergleich zu Westdeutschland im Schnitt größeren Herden, wodurch sich eine günstigere Datenstruktur für die Schätzung der Varianzkomponenten ergab. Mit 2.893.212 Datensätzen für die Varianzkomponentenschätzung und 11.263.102 Datensätzen für die anschließende Zuchtwertschätzung standen sehr umfangreiche Datenbestände zur Verfügung, aus denen sich umfassende Aussagen zum Potential der züchterischen Nutzung von Abgangsursachen ableiten ließen.

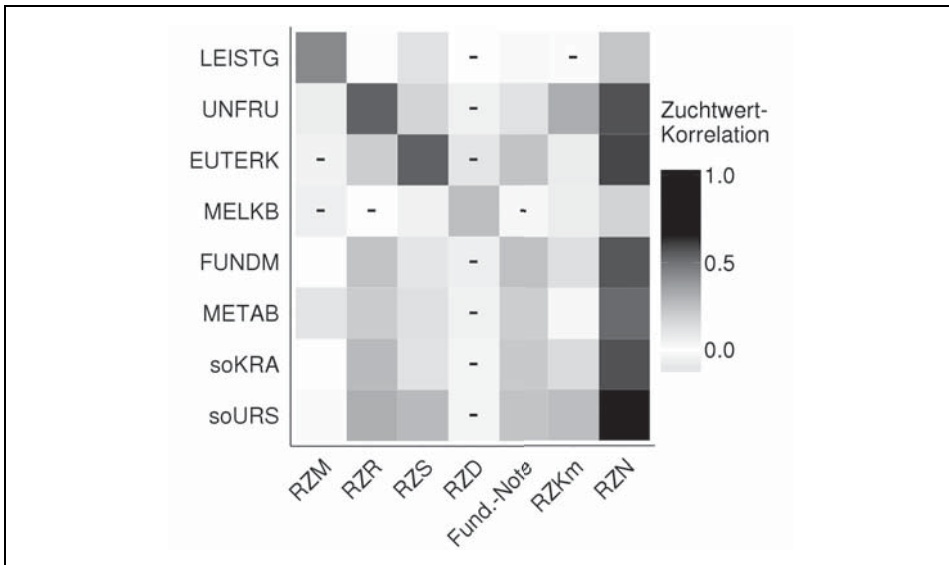


Abb. 4. Zuchtwertkorrelationen zwischen den Abgangsursachenmerkmalen und verschiedenen routinemäßig geschätzten Merkmalen (RZM: Relativzuchtwert Milch; RZR: Relativzuchtwert Fruchtbarkeit; RZS: Relativzuchtwert für Zellzahl; RZD: Relativzuchtwert für Melkbarkeit; Fund.-Note: Fundament-Note; RZKm: Relativzuchtwert für Abkalbung (maternal); RZN: Relativzuchtwert für Nutzungsdauer) für deutsche schwarz- und rotbunte Holstein KB-Bullen der Geburtsjahre 1996 bis 2012 (nur Bullen, deren Sicherheit des Zuchtwertes EUTERK  $\geq 0,8$ ; N = 712). Negative Korrelationen sind mit „-“ gekennzeichnet. Für alle Zuchtwerte gilt: größere Werte sind besser aus Sicht des Züchters. Die genauen Zahlenwerte lassen sich aus Tabelle 3 ablesen.

*Correlation of estimated breeding values for disposal reason traits and different routinely estimated traits (RZM: relative breeding value milk performance; RZR: relative breeding value for fertility; RZS: relative breeding value for somatic cell count; RZD: relative breeding value for milkability; Fund.-Note: breeding value for fundament score; RZKm: relative breeding value for calving (maternal); RZN: relative breeding value for longevity) for German black-and-white and red-and-white Holstein AI bulls, born between 1996 and 2012 (only bulls where reliability of the estimated breeding value EUTERK  $\geq 0,8$ ; N = 712). Negative correlations are denoted by ‘-’. All breeding values were scaled such that higher values are better from the breeder’s point of view. Exact values can be seen from Table 3.*

## Frequenzen

Die Gesamtfrequenz für alle betrachteten Abgangsursachenmerkmale der ersten Laktation war 0,27 im Datensatz für die Varianzkomponentenschätzung, d.h. von allen Tieren, die eine erste Kalbung gehabt hatten und deren Datensätze nicht in der ersten Laktation zensiert waren, hatte ein Anteil von 73% eine zweite Kalbung. Für die betrachteten Merkmale der ersten Laktation waren die Frequenzen für MLP-Abgänge aufgrund von EUTERK und UNFRU am höchsten. Diese Beobachtung deckt sich mit Ergebnissen früherer Studien aus anderen Ländern (PINEDO et al., 2010; AHLMAN et al., 2011). Hierbei ist zu beachten, dass der deutsche Erfassungsschlüssel für Abgangsursachen in Teilen von den in anderen Ländern verwendeten Schlüsseln abweicht.

Tab. 3. Zuchtwertkorrelationen, welche in Abbildung 4 graphisch dargestellt sind.  
*Correlations of estimated breeding values, which are graphically presented in Figure 4.*

Abgangsursache <i>Disposal reason</i>	RZM	RZR	RZS	RZD	Fund.-Note	RZKm	RZN
LEISTG	0,43	0,01	0,12	-0,00	0,02	-0,02	0,23
UNFRU	0,07	0,54	0,17	-0,05	0,12	0,32	0,58
EUTERK	-0,05	0,20	0,54	-0,10	0,23	0,08	0,60
MELKB	-0,06	0,00	0,05	0,26	-0,03	0,07	0,18
FUNDM	0,01	0,24	0,10	-0,06	0,25	0,13	0,56
METAB	0,11	0,21	0,12	-0,05	0,20	0,02	0,51
soKRA	0,01	0,27	0,12	-0,03	0,22	0,15	0,57
soURS	0,01	0,31	0,28	-0,03	0,24	0,26	0,69

### *Statistisches Modell*

Bei den abhängigen Variablen in den statistischen Modellen für die Varianzkomponenten- und Zuchtwertschätzung handelte es sich um binäre Variable. Theoretisch sind lineare Modelle für binäre abhängige Variable nicht geeignet (GIANOLA, 1982), jedoch zeigen sie in vielen Fällen eine Vorhersagekraft, welche gelegentlich sogar, abhängig von der Fragestellung, über der von Schwellenwertmodellen liegen kann (BOETTCHER et al., 1999; HOLTSMARK et al., 2009). Gerade bei Mehrmerkmalsmodellen werden Schwellenwertmodelle sehr rechenaufwändig (BOETTCHER et al., 1999) und sind daher aus praktischen Gründen oft nicht mehr verwendbar. Da unsere Studie den Auftakt zu weiteren Analysen, insbesondere der Schätzung genetischer Korrelationen in komplexen Mehrmerkmalsmodellen, darstellen soll, wurde ein lineares Modell verwendet.

### *Heritabilitäten und Zuchtwertkorrelationen allgemein*

Heritabilitäten auf der beobachteten Skala sind züchterisch nutzbar, sie sind jedoch in Bezug auf die biologischen Zusammenhänge nicht direkt vergleichbar, da sie von der Frequenz der Merkmale abhängen. Heritabilitäten auf der unterliegenden Skala sind direkt vergleichbar, da sie von der Frequenz der Merkmale nicht mehr abhängen (DEMPSTER und LERNER, 1950). Um beide Aspekte aufzuzeigen, wurden hier beide Heritabilitäten dargestellt. Vorsicht bei der Interpretation ist jedoch geboten, wenn die phänotypische Frequenz  $\geq 0,95$  bzw.  $\leq 0,05$  wird, wie es für alle betrachteten Abgangsursachenmerkmale der Fall war: hier kann es ggf. zu zunehmender Überschätzung der Heritabilität auf der unterliegenden Skala mit der Methode von Dempster und Lerner kommen (Strock et al., 2005).

Korrelationen zwischen geschätzten Zuchtwerten können als Hinweis für genetische Korrelationen dienen, werden jedoch von den Sicherheiten der verwendeten geschätzten Zuchtwerte beeinflusst. Die tatsächlichen genetischen Korrelationen könnten in vielen Fällen höher sein als die zugehörigen Korrelationen geschätzter Zuchtwerte (CALO et al., 1973).

### *Geschätzte Heritabilitäten der Abgangsursachenmerkmale*

Die geschätzte Heritabilität für LEISTG war im Vergleich zu den meisten anderen Abgangsursachenmerkmalen relativ hoch: 1,80% auf der beobachteten, 11,28% auf der unterliegenden Skala. Dies entsprach insofern den Erwartungen, als für die Milchleistung in der ersten Laktation in der nationalen Zuchtwertschätzung eine Heritabilität von 0,53 angenommen wird (VIT, 2017). Dass das entsprechende Abgangsursachenmerkmal nicht die volle Heritabilität für Milchleistung aufwies, lässt sich u.a. dadurch erklären, dass eine Kuh, die eine schlechte Milchleistung hat, oftmals auch weitere Probleme aufweist, welche der Landwirt gegebenenfalls als ursächlich für die Merzung angibt.

Für UNFRU wurde eine Heritabilität von nur 0,93% geschätzt, auf der unterliegenden Skala von 4,29%. Dies liegt z.B. im Bereich dessen, was aus anderen Studien für Fruchtbarkeitsmerkmale berichtet wird (JAMROZIK et al., 2005).

Für EUTERK war die geschätzte Heritabilität auf der beobachteten Skala die höchste in dieser Studie. Daher ist EUTERK die Abgangsursache mit dem höchsten Anteil züchterisch nutzbarer Information. Auf der approximierten unterliegenden Skala war die Heritabilität mit 8,67% nur die vierthöchste. Diese Größenordnung liegt im Bereich dessen was in anderen Studien als Heritabilität für Mastitismerkmale geschätzt wurde (PRITCHARD et al., 2013; PFEIFFER et al., 2015).

Die Heritabilität für FUNDM wurde auf 1,72% geschätzt, bzw. auf 8,8% auf der unterliegenden Skala. ØDEGÅRD et al. (2013) schätzten für verschiedene Klauenerkrankungen bei Norwegischem Rotvieh mit Hilfe eines Schwellenwertmodelles Heritabilitäten zwischen 4% (Lahmheit) und 23% (Korkenzieherklaue). JOHANSSON et al. (2011) kamen für Holsteins in den nordischen Ländern Dänemark, Finnland und Schweden mit linearen Modellen auf Heritabilitäten von 1% (Weiße-Linie-Defekt) bis 4% (z.B. Sohlengeschwüre). Das bedeutet, dass die in der vorliegenden Studie aus Abgangsdaten geschätzten Heritabilität für FUNDM die gleiche Größenordnung aufweist wie Heritabilitätsschätzer für die assoziierten Fundamentmerkmale aus der Literatur.

Für die Abgangsursache METAB wurde in der vorliegenden Studie die höchste Heritabilität auf der unterliegenden Skala geschätzt (13,64%). Auf der beobachteten Skala waren es 1,35%. Aufgrund der sehr geringen Frequenz für diese Abgangsursache in der ersten Laktation muss die Heritabilität auf der unterliegenden Skala vorsichtig interpretiert werden. Direkt vergleichbare Werte sind aus der Literatur nicht verfügbar. Die Untersuchungen der Zuchtwertkorrelationen haben aber gezeigt, dass von verschiedenen im GKUHplus-Projekt berücksichtigten metabolischen Erkrankungen die Korrelation zu linksseitigen Labmagenverlagerungen am höchsten war. In der Literatur lassen sich Heritabilitätsschätzwerte in der Größenordnung von 4 (KOECK et al., 2013) bis 18% (ZWALD et al., 2004) für dieses Merkmal finden.

### *Sicherheiten, genetische Trends und Zuchtwertkorrelationen zu anderen Merkmalen*

Die Sicherheiten geschätzter Zuchtwerte für Holstein KB-Bullen lagen im für niedrig heritable funktionale Merkmale üblichen Bereich. Insbesondere für die Merkmale EUTERK, FUNDM und METAB sind sie ausreichend für die Rechtfertigung der züchterischen Nutzung dieser Merkmale. Die genetischen Trends sind für die Merkmale am höchsten, die eine direkte Beziehung zu in der Vergangenheit züchterisch bearbeiteten Merkmalen aufweisen (LEISTG – Milchleistung, UNFRU – verschiedene Fruchtbarkeitsmerkmale, EUTERK – Zellzahl). Für die anderen betrachteten Merkmale fallen sie deutlich geringer aus. Schwer interpretierbar sind sowohl die Heritabilitäten als auch die genetischen Trends für soKRA und soURS, da diese Merkmale aus einem Gemisch von im Erfassungsschlüssel erwähnten und nicht erwähnten Abgangsursachen bestehen dürften.

Insgesamt zeigte sich, dass Abgangsursachenmerkmale mit klarem inhaltlichen Bezug zu verschiedenen Merkmalen aus der Routinezuchtwertschätzung bzw. zu verschiedenen direkten Gesundheitsmerkmalen, zu diesen jeweils auch die höchsten Zuchtwertkorrelationen aufwiesen, z.B. LEISTG zum RZM, UNFRU zum RZR und EUTERK zum RZS. Dies bestätigt die eingangs beschriebene Hypothese, dass sinnvoll züchterisch nutzbare Information in den Daten der Abgangsursachen enthalten ist und sich weitere Untersuchungen in diese Richtung als vielversprechend erweisen. So bestätigen z.B. unsere Analysen, dass aufgrund der hohen Zuchtwertkorrelationen zu den jeweiligen Gesundheitsmerkmalen Abgangsursachen als Hilfsmerkmale eingesetzt werden könnten, um genauere Gesundheitszuchtwerte für eine weitaus größere Zahl von Tieren zu schätzen als dies heute aufgrund direkter Gesundheitsdaten möglich ist.

Ein entscheidender Vorteil der über die Milchleistungsprüfung routinemäßig erhobenen Abgangsursachen ist ihre weit zurückreichende Verfügbarkeit. So könnten z.B. für Bullen in der aktuellen genomischen Lernstichprobe Zuchtwerte mit im Vergleich zu direkten Gesundheitsmerkmalen hoher Sicherheit geschätzt werden. Eine genomische Zuchtwertschätzung für Abgangsursachen wäre damit schneller und mit höherer Genauigkeit umsetzbar als für Gesundheitsmerkmale, für die erst eine ausreichende Datengrundlage geschaffen werden muss.

## Fazit

Die vorliegenden Analysen haben gezeigt, dass die über die Milchleistungsprüfung routinemäßig erfassten Abgangsursachen für die züchterische Nutzung ein erhebliches Potenzial haben. Weitere Analysen der genetischen Zusammenhänge, insbesondere zu direkten Gesundheitsmerkmalen, sollten daher durchgeführt werden um z.B. die Eignung einzelner Abgangsursachenmerkmale als Hilfsmerkmale für die Zuchtwertschätzung von Gesundheitsmerkmalen eingehender zu überprüfen.

## Literatur

- ADR (Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V.), (2017): ADR-Empfehlung 3.1: Leistungsprüfung für funktionale Merkmale bei Bullen und Kühen (Gesundheit, Reproduktion, Nutzungsdauer, Exterieur, Melkbarkeit). <http://www.adr-web.de/services/files/richtlinien-empfehlungen/ADR-Empfehlung%203.1.1.pdf> (22. Oktober 2017).
- AHLMAN, T., B. BERGLUND, L. RYDHMER and und E. STRANDBERG, (2011): Culling reasons in organic and conventional dairy herds and genotype by environment interaction for longevity. *J. Dairy Sci.* **94**, 1568–1575.
- BOETTCHER, P.J., L.K. JAIRATH und J.C.M. DEKKERS, (1999): Comparison of Methods for Genetic Evaluation of Sires for Survival of Their Daughters in the First Three Lactations. *J. Dairy Sci.* **82**, 1034–1044.
- CALO, L.L., R.E. MCDOWELL, L.D. VANVLECK and und P.D. MILLER, (1973): Genetic Aspects of Beef Production among Holstein-Friesians Pedigree Selected for Milk Production. *J. Anim. Sci.* **37**, 676–682.
- DEMPSTER, E.R. and und I.M. LERNER, (1950): Heritability of Threshold Characters. *Genetics* **35**, 212–236.
- DESTATIS, (2017): Gehaltene Tiere: Deutschland. [https://www-genesis.destatis.de/genesis/online;jsessionid=5F7D872E2E7C2D2961DFD564A34C57FB.tomcat\\_GO\\_1\\_3?operation=previous&levelindex=2&levelid=1509439605525&step=2](https://www-genesis.destatis.de/genesis/online;jsessionid=5F7D872E2E7C2D2961DFD564A34C57FB.tomcat_GO_1_3?operation=previous&levelindex=2&levelid=1509439605525&step=2) (31. Oktober 2017).

- DLQ (Deutscher Verband für Leistungs- und Qualitätsprüfungen e.V.), (2016): Auch 2016 hatte die Milchkontrolle fast 3,7 Millionen Teilnehmerinnen. <http://www.dlq-web.de/news/auch-2016-hatte-die-milchkontrolle-fast-37-million.html> (31. Oktober 2017).
- GANOLA, D., (1982): Theory and Analysis of Threshold Characters. *J. Anim. Sci.* **54**, 1079–1096.
- GROENEVELD, E., M. KOVAC and und N. MIELENZ, (2010): VCE User's Guide and Reference Manual Version 6.0. Institute of Farm Animal Genetics, Friedrich Loeffler Institute (FLI), D-31535 Neustadt, Germany.
- HEISE, J., Z. LIU, K.F. STOCK, S. RENSING, F. REINHARDT und H. SIMIANER, (2016): The genetic structure of longevity in dairy cows. *J. Dairy Sci.* **99**, 1253–1265.
- HOLTSMARK, M., B. HERINGSTAD und J. ØDEGÅRD, (2009): Predictive abilities of different statistical models for analysis of survival data in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* **92**, 5730–5738.
- JAMROZIK, J., J. FATEHI, G.J. KISTEMAKER und L.R. SCHAEFFER, (2005): Estimates of Genetic Parameters for Canadian Holstein Female Reproduction Traits. *J. Dairy Sci.* **88**, 2199–2208.
- JOHANSSON, K., J.-Å. ERIKSSON, U.S. NIELSEN, J. PÖSÖ and und G.P. AAMAND, (2011): Genetic evaluation of claw health in Denmark, Finland and Sweden. *Interbull Bull.* **0**.
- KOECK, A., F. MIGLIOR, J. JAMROZIK, D.F. KELTON und F.S. SCHENKEL, (2013): Genetic associations of ketosis and displaced abomasum with milk production traits in early first lactation of Canadian Holsteins. *J. Dairy Sci.* **96**, 4688–4696.
- LIU, Z., F. REINHARDT, A. BÜNGER and und R. REENTS, (2004): Derivation and Calculation of Approximate Reliabilities and Daughter Yield-Deviations of a Random Regression Test-Day Model for Genetic Evaluation of Dairy Cattle. *J. Dairy Sci.* **87**, 1896–1907.
- ØDEGÅRD, C., M. SVENDSEN und B. HERINGSTAD, (2013): Genetic analyses of claw health in Norwegian Red cows. *J. Dairy Sci.* **96**, 7274–7283.
- PFEIFFER, C., C. FUERST, V. DUCROCQ and und B. FUERST-WALTL, (2015): Short communication: Genetic relationships between functional longevity and direct health traits in Austrian Fleckvieh cattle. *J. Dairy Sci.* **98**, 7380–7383.
- PINEDO, P.J., A. DE VRIES and und D.W. WEBB, (2010): Dynamics of culling risk with disposal codes reported by Dairy Herd Improvement dairy herds. *J. Dairy Sci.* **93**, 2250–2261.
- PRITCHARD, T., M. COFFEY, R. MRODE und E. WALL, (2013): Understanding the genetics of survival in dairy cows. *J. Dairy Sci.* **96**, 3296–3309.
- REENTS, R., Z. LIU, D. SEGELKE, K.F. STOCK, E. PASMÁN, S. RENSING and und F. REINHARDT, (2016): Setting up a female genomic reference population for German Holsteins. Seite TS1.4 in Abstracts and Presentations of the 40th ICAR Biennial Session, Puerto Varas, Chile.
- STOCK, K.F., H. HAMANN and und O. DISTL, (2005): Estimation of genetic parameters for the prevalence of osseous fragments in limb joints of Hanoverian Warmblood horses. *J. Anim. Breed. Genet.* **122**, 271–280.
- STOCK, K.F., S. JANSEN, R. SCHAFBERG und F. REINHARDT, (2015): Ansätze für eine neue Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale. Seiten 80–89 in DGfZ Schriftenreihe Heft 66: 7. Rinder-Workshop, Uelzen, Deutschland.
- STRANDÉN, I. und M. LIDAUER, (1999): Solving Large Mixed Linear Models Using Preconditioned Conjugate Gradient Iteration. *J. Dairy Sci.* **82**, 2779–2787.
- VIT, (2017): Beschreibung der Zuchtwertschätzung für Milchleistungsmerkmale, Zellzahl, Exterieurmerkmale, Nutzungsdauer und Zuchtleistungsmerkmale. [http://www.vit.de/fileadmin/user\\_upload/vit-fuers-rind/zuchtwertschaetzung/milchrinder-zws-online/Zws\\_Bes\\_deu.pdf](http://www.vit.de/fileadmin/user_upload/vit-fuers-rind/zuchtwertschaetzung/milchrinder-zws-online/Zws_Bes_deu.pdf) (31. Oktober 2017)
- ZWALD, N.R., K.A. WEIGEL, Y.M. CHANG, R.D. WELPER and und J.S. CLAY, (2004): Genetic Selection for Health Traits Using Producer-Recorded Data. I. Incidence Rates, Heritability Estimates, and Sire Breeding Values. *J. Dairy Sci.* **87**, 4287–4294.