

Aus dem Veterinärwissenschaftlichen Department der Tierärztlichen Fakultät
der Ludwig-Maximilians-Universität München

Angefertigt unter der Leitung von
PD Dr. Armin M. Scholz

**Einfluss der Wechselkreuzung von Deutschen Holsteins und
Deutschem Fleckvieh auf Milchleistung und Milchqualität in
einem automatischen Melksystem**

Inaugural-Dissertation zur Erlangung der tiermedizinischen Doktorwürde der Tierärztlichen
Fakultät
der Ludwig-Maximilians-Universität München

von
Jens Brähmig
aus
Homburg jetzt Duisburg

München 2011

Gedruckt mit der Genehmigung der Tierärztlichen Fakultät
der Ludwig-Maximilians-Universität München

Dekan: Univ.-Prof. Dr. Braun

Berichterstatter: Priv.-Doz. Dr. Scholz

Korreferent: Univ.-Prof. Dr. Mansfeld

Tag der Promotion: 30. Juli 2011

Meiner Familie

A. INHALTSVERZEICHNIS

A.	INHALTSVERZEICHNIS	I
B.	ABBILDUNGSVERZEICHNIS	V
C.	TABELLENVERZEICHNIS	VII
D.	ABKÜRZUNGSVERZEICHNIS	X
I.	EINLEITUNG	1
II.	LITERATUR	4
1.	Kreuzungszucht	4
1.1.	Allgemeine genetische Grundlagen	4
1.2.	Kreuzungseffekte	5
1.3.	Gebrauchskreuzungsverfahren	7
1.4.	Übersicht zu Kreuzungsversuchen beim Milchrind	11
1.5.	Rassenvergleich	15
2.	Milchleistung und Milchqualität	18
2.1.	Milchmengenleistung	19
2.2.	Melkbarkeit, Milchfluss, Melkdauer	24
2.3.	Milchfett	26
2.4.	Milcheiweiß	30
2.5.	Leitfähigkeit	34
2.6.	Zellgehalt	36
2.7.	Harnstoffgehalt	40
3.	Fruchtbarkeit	42
3.1.	Zwischenkalbezeit	45
3.2.	Rastzeit	47
3.3.	Verzögerungszeit	49
3.4.	Güstzeit	50
3.5.	Trächtigkeitsindex	51
3.6.	Erstkalbealter	52
III.	MATERIAL UND METHODEN	55

1.	Allgemeines	55
1.1.	Versuchsbetrieb	55
1.2.	Versuchszeitraum	55
1.3.	Versuchstiere	55
1.3.1.	Kreuzungsverfahren	55
1.3.2.	Zusammensetzung der Versuchstiergruppen	56
1.4.	Haltung	58
1.5.	Milchentzug	60
1.5.1.	Melkroboter	60
1.6.	Herdenmanagement	62
1.6.1.	Tiermedizinische Betreuung	63
1.6.2.	Stallarbeit	63
1.6.3.	Reproduktion und Brunstbeobachtung	63
1.6.4.	Trockenstellen	64
1.6.5.	Fütterung	64
2.	Statistische Methoden	65
2.1.	Allgemeines	65
2.2.	Modelle	67
2.2.1.	AMS-Daten	67
2.2.2.	LKV-Daten	68
2.2.2.1.	Laktationsdaten	68
2.2.2.2.	Prüftagesdaten	69
2.2.3.	Fruchtbarkeitsdaten	70
IV.	ERGEBNISSE	72
1.	AMS-Daten	72
1.1.	Tagesmilchmenge	72
1.2.	Milchmenge pro Gemelk	73
1.3.	Anzahl an Gemelken	74
1.4.	Zeitabstand zwischen den Gemelken	75
1.5.	Melkdauer	76
1.6.	Milchfluss	77
1.7.	Leitfähigkeit	78
2.	LKV-Daten	80

2.1.	LKV-Laktationsdaten	80
2.1.1.	Milchleistung	80
2.1.2.	Milchleistung korrigiert	81
2.1.3.	Fettgehalt in Prozent	82
2.1.4.	Eiweißgehalt in Prozent	83
2.1.5.	Fettmenge in kg.....	83
2.1.6.	Eiweißmenge in kg	84
2.1.7.	Harnstoff	85
2.1.8.	Zellzahl und SCS	86
2.2.	LKV-Prüftagesleistungen	87
2.2.1.	Tagesmilchmenge	87
2.2.2.	Fettgehalt in Prozent	88
2.2.3.	Eiweißgehalt in Prozent	89
2.2.4.	Harnstoff	90
2.2.5.	SCS und Zellzahl	91
3.	Fruchtbarkeit	93
3.1.	Zwischenkalbezeit.....	93
3.2.	Güstzeit	94
3.3.	Rastzeit.....	96
3.4.	Verzögerungszeit	98
3.5.	Trächtigkeitsindex.....	99
3.6.	Erstkalbealter	99
V.	DISKUSSION	101
1.	AMS-Daten	101
1.1.	Tagesmilchmenge	101
1.2.	Milchmenge pro Gemelk und Besuchshäufigkeit.....	102
1.3.	Milchfluss	103
1.4.	Melkdauer	104
1.5.	Leitfähigkeit.....	105
2.	LKV-Daten	106
2.1.	LKV-Laktationsdaten	106
2.1.1.	Milchleistung	106
2.1.2.	Fettgehalt in Prozent	108

2.1.3.	Eiweißgehalt in Prozent	110
2.1.4.	Fettmenge in kg.....	111
2.1.5.	Eiweißmenge in kg	112
2.1.6.	Harnstoff	113
2.1.7.	SCS Zellzahl	113
2.2.	LKV-Prüftagesleistungen	115
2.2.1.	Tagesmilchmenge	115
2.2.2.	Fettgehalt in Prozent	116
2.2.3.	Eiweißgehalt in Prozent	116
2.2.4.	Harnstoff	117
2.2.5.	Zellzahl und SCS	117
3.	Fruchtbarkeit	118
3.1.	Rastzeit.....	119
3.2.	Verzögerungszeit	119
3.3.	Güstzeit	121
3.4.	Zwischenkalbezeit.....	122
3.5.	Trächtigkeitsindex.....	123
3.6.	Erstkalbealter	124
VI.	ZUSAMMENFASSUNG	126
VII.	SUMMARY	129
VIII.	LITERATURVERZEICHNIS	131
IX.	ANHANG	143
X.	DANKSAGUNG	148

B. ABBILDUNGSVERZEICHNIS

Abb. 1:	Kreuzungsschema einer 2-Rassen-Rotationskreuzung mit zu erwartender individueller und maternaler Heterosis (übernommen aus Dolf (2006))	9
Abb. 2:	Schematische Darstellung der Zwischenkalbezeit und ihre Komponenten	46
Abb. 3:	Übersichtsskizze des Laufstalls der Versuchsherde des Lehr- und Versuchsgutes Oberschleißheim zwischen Januar 2004 und Oktober 2007	59
Abb. 4:	Tagesmilchmenge in kg aus AMS-Daten	72
Abb. 5:	Milchmenge pro Gemelk in kg aus AMS-Daten	73
Abb. 6:	Gemelksmenge in kg Milch und Anzahl Gemelke pro Tag aus AMS-Daten	75
Abb. 7:	Zeitabstand zwischen den Gemelken in Stunden aus AMS-Daten	76
Abb. 8:	Melkdauer für die Euterviertel links vorne (LV), rechts vorne (RV), rechts hinten (RH) und links hinten (LH) in Sekunden aus AMS-Daten	77
Abb. 10:	Höchster Milchfluss (HMF) und durchschnittliches Minutenhauptgemelk (DMHG) in kg pro Minute aus AMS-Daten	78
Abb. 11:	Leitfähigkeitswerte der Milch für die Euterviertel links vorne (LV), rechts vorne (RV), rechts hinten (RH) und links hinten (LH) in mS/cm aus AMS-Daten	79
Abb. 12:	305-Tage-Milchleistung aus LKV-Laktationsdaten	80
Abb. 13:	305-Tage-Milchmenge auf Fett und Eiweiß korrigiert aus LKV-Laktationsdaten	81
Abb. 14:	Fettgehalt in Prozent aus LKV-Laktationsdaten	82
Abb. 15:	Eiweißgehalt in Prozent aus LKV-Laktationsdaten	83
Abb. 16:	Fettmenge in kg aus LKV-Laktationsdaten	84
Abb. 17:	Eiweißmenge in kg aus LKV-Laktationsdaten	85
Abb. 18:	Harnstoffgehalt in mg/l Milch aus LKV-Laktationsdaten	86
Abb. 19:	Zellzahl in 1000/ml Milch und somatic cell score (SCS)/ml Milch aus LKV-Laktationsdaten	87
Abb. 20:	Tagesmilchmenge in kg aus LKV-Prüftagesdaten	88
Abb. 21:	Fettgehalt in Prozent aus LKV-Prüftagesdaten	89
Abb. 22:	Eiweißgehalt in Prozent aus LKV-Prüftagesdaten	90
Abb. 23:	Harnstoffgehalt in mg/l Milch aus LKV-Prüftagesdaten	91

Abb. 24: Zellzahl in 1000/ml Milch und somatic cell score (SCS)/ml Milch aus LKV-Prüftagesdaten	92
Abb. 25: Zwischenkalbezeit in Tagen	94
Abb. 26: Gützeit in Tagen.....	95
Abb. 27: Rastzeit in Tagen	96
Abb. 28: Zwischenkalbezeit (ZKZ), Gützeit (GZ) und Rastzeit (RZ) in Tagen	97
Abb. 29: Aufteilung der Zwischenkalbezeit (ZKZ) in Tragezeit (TZ), Verzögerungszeit (VZ) und Rastzeit (RZ) in Tagen; ZKZ und RZ mit Standardabweichung	98
Abb. 30: Trächtigkeitsindex	99
Abb. 31: Erstkalbealter in Monaten.....	100

C. TABELLENVERZEICHNIS

Tab. 1:	mittlere Heterosiseffekte für ausgesuchte Merkmale beim Rind aus Dolf (2006)	7
Tab. 2:	Anzahl der MLP-Kühe ausgewählter Rassen in Bayern (LKV-Bayern, 2005 - 2008) und der BRD (ADR, 2005 - 2008)	18
Tab. 3:	305-Tage-Milchleistung ausgewählter Rassen von MLP-Kühen in Bayern (LKV-Bayern, 2005 - 2008) und der BRD (ADR, 2005 - 2008).....	22
Tab. 4:	Durchschnittlich höchster Milchfluss und durchschnittliches Minutengemelk ausgesuchter Rassen von MLP-Kühen in Bayern (LKV-Bayern, 2005 - 2008)	26
Tab. 5:	Durchschnittliche Hauptgemelksdauer und durchschnittliche Hauptgemelksmenge ausgesuchter Rassen von MLP-Kühen in Bayern (LKV-Bayern, 2005 - 2008)	26
Tab. 6:	305-Tage-Fettleistung ausgewählter Rassen in Bayern (LKV-Bayern, 2005 - 2008) und der BRD (ADR, 2005 - 2008)	28
Tab. 7:	305-Tage-Eiweißleistung ausgewählter Rassen in Bayern (LKV-Bayern, 2005 - 2008) und der BRD (ADR, 2005 - 2008)	33
Tab. 8:	Bereichstabelle Zellzahlen und linearer somatic cell score (SCS)	37
Tab. 9:	Zellgehalte und linearer somatic cell score (SCS) der Milch ausgewählter Rassen in Bayern (LKV-Bayern, 2005 - 2008) und der BRD (ADR, 2005 - 2008)	38
Tab. 10:	Anzahl der Abgänge von MLP-Milchkühen insgesamt und wegen Unfruchtbarkeit von ausgewählten Rassen in Bayern (LKV-Bayern, 2005 - 2008) und der BRD (ADR, 2005 - 2008)	43
Tab. 11:	Zwischenkalbezeiten der 305-Tageleistung von MLP-Kühen ausgewählten Rassen in Bayern (LKV-Bayern, 2005 - 2008) und in der BRD (ADR, 2005 - 2008)	46
Tab. 12:	Erstkalbealter der 305-Tageleistung von MLP Kühen ausgewählter Rassen in Bayern (LKV-Bayern, 2005 - 2008) und in der BRD (ADR, 2005 - 2008)	53
Tab. 13:	Zusammensetzung der Tiergruppen für die Datenerhebung im AMS und die Fruchtbarkeitsdaten.....	57
Tab. 14:	Zusammensetzung der Versuchstiergruppen nach Genotyp und Laktationen der LKV-Prüftagesleistungen.....	57
Tab. 15:	Zusammensetzung der Versuchstiergruppen nach Genotyp und Laktationen mit mindestens 250 Tagen LKV-Laktationsleistung.....	58
Tab. 16:	Prozessschritte eines Tierbesuchs im AMS Lely „Astronaut 2“	61
Tab. 17:	Zusammensetzung der Futtermittel in % Frischmasse an der Gesamtration der Versuchstiere im Versuchszeitraum	64
Tab. 18:	Klassen mit Klassengrenzen.....	67

Tab. 19: Tagesmilchmenge in kg.....	143
Tab. 20: Milchmenge pro Gemelk in kg.....	143
Tab. 21: Gemelke pro Tag	143
Tab. 22: Zwischenmelkzeit in Stunden.....	143
Tab. 23: Melkdauer in Sekunden links vorne	143
Tab. 24: Melkdauer in Sekunden rechts vorne	143
Tab. 25: Melkdauer in Sekunden links hinten	143
Tab. 26: Melkdauer in Sekunden rechts hinten	143
Tab. 27: Durchschnittliches Minutengemelk in kg pro Minute.....	144
Tab. 28: Höchster Milchfluss in kg pro Minute.....	144
Tab. 29: Leitfähigkeit in mS/cm links vorne	144
Tab. 30: Leitfähigkeit in mS/cm rechts vorne	144
Tab. 31: Leitfähigkeit in mS/cm links hinten	144
Tab. 32: Leitfähigkeit in mS/cm rechts hinten.....	144
Tab. 33: Milch-Laktationsleistung.....	144
Tab. 34: Milch-Laktationsleistung korrigiert.....	144
Tab. 35: Fettgehalt in % aus Laktationsdaten.....	145
Tab. 36: Eiweißgehalt in % aus Laktationsdaten.....	145
Tab. 37: Harnstoff in mg/l aus Laktationsdaten.....	145
Tab. 38: SCS pro ml Milch aus Laktationsdaten.....	145
Tab. 39: Zellzahl pro ml Milch aus Laktationsdaten.....	145
Tab. 40: Tagesmilchmenge in kg aus Prüftagesdaten.....	145
Tab. 41: Fettgehalt in % aus Prüftagesdaten.....	145
Tab. 42: Eiweißgehalt in % aus Prüftagesdaten.....	146
Tab. 43: Harnstoffgehalt in mg pro Liter aus Prüftagesdaten.....	146
Tab. 44: SCS pro ml Milch aus Prüftagesdaten.....	146
Tab. 45: Zellzahl pro ml Milch aus Prüftagesdaten.....	146
Tab. 46: Rastzeit in Tagen	146
Tab. 47: Güstzeit in Tagen.....	146
Tab. 48: Zwischenkalbezeit in Tagen	146
Tab. 49: Erstkalbealter in Monaten.....	146
Tab. 50: Erstkalbealter in Tagen.....	146
Tab. 51: Verzögerungszeit in Tagen, errechnet aus Güstzeit minus Rastzeit	147
Tab. 52: Tragezeit in Tagen, errechnet aus Zwischenkalbezeit minus Güstzeit.....	147

Tab. 53: Trächtigkeitsindex 147

D. ABKÜRZUNGSVERZEICHNIS

A	Ampere
Abb.	Abbildung
ADNR	annualisierte und diskontierte Nettorendite
AMS	automatisches Melksystem
ATP	Adenosintriphosphat
bzw.	Beziehungsweise
cm	Zentimeter
c	spezifische Leitfähigkeit
d	Tage
DH	Deutsche Holsteins
DH_FV-DH	Deutsch-Holstein - Milchkreuzung
DH-FV	Deutsch-Holstein-Fleckvieh - Kreuzung
DMHG	durchschnittliches Minutenhauptgemelk
ECM	energy corrected milk
edn.	Edition
entspr.	entspricht
et al.	und andere
FV	Deutsches Fleckvieh
FV-DH	Fleckvieh-Deutsch-Holstein - Kreuzung
FV-DH_FV	Fleckvieh - Milchkreuzung
ggf.	gegebenenfalls
GZ	Güstzeit
h	Stunden
HMF	höchster Milchfluss
KB	künstliche Besamung
kg	Kilogramm
l	Liter
LF	Leitfähigkeit
LH	links hinten
LKV	Landeskuratorium der Erzeugerringe für tierische Veredelung in Bayern e.V.
LSM	least square means
LV	links vorne
LVG	Lehr- und Versuchsgut
m	Meter
m ³	Quadratmeter
mg	Milligramm
MilchGüV	Milchgüteverordnung
min	Minuten

MJ	Megajoule
MLP	Milchleistungsprüfung
mmol	Millimol
mS	Millisiemens
µm	Mikrometer
NEL	Netto-Energie-Laktation
NPN	Nicht-Protein-Stickstoff-Verbindungen
o.g.	oben genannte
p.p.	post partum
PW	Produktionswert
RH	rechts hinten
RindZLpV	Verordnung über die Leistungsprüfungen und die Zuchtwertfeststellung bei Rindern
RV	rechts vorne
RZ	Rastzeit
s	Sekunden
S.	Seite
SCC	somatic cell count
SCS	somatic cell score
SQL	structured query language
T	Tausend
Tab.	Tabelle
TI	Trächtigkeitsindex
TMR	Totale Mischration (oder Total Mixed Ration)
TZ	Tragezeit
USDA	United States Department of Agriculture
V	Volt
v.a.	vor allem
Vol.	Volume
VZ	Verzögerungszeit
VZ _G	geringstmögliche Verzögerungszeit
VZ _V	Verlustzeit in der Verzögerungszeit
z.B.	zum Beispiel
ZKZ	Zwischenkalbezeit
ZTZ	Zwischentragezeit
°C	Grad Celsius
Ø	Durchschnitt
%	Prozent

I. EINLEITUNG

Das Ziel von züchterischer Arbeit in der Landwirtschaft ist die kontrollierte Fortpflanzung von Individuen, wobei erwünschte Eigenschaften verstärkt und unerwünschte unterdrückt werden. Durch Selektion und gerichtete Verpaarung soll das Leistungsvermögen von Nachkommen verbessert und damit auch das betriebswirtschaftliche Ergebnis in der landwirtschaftlichen Produktion gesteigert werden (Zelfel & Müller, 2007). Seit der zielgerichteten und flächenhaften Nutzung von kryokonserviertem Bullensperma in Verbindung mit künstlicher Besamung wurden bei den Milchrindern enorme züchterische Leistungsfortschritte etabliert. Dabei war der Fokus der Zuchtselektion fast ausschließlich auf das wirtschaftliche Hauptmerkmal Milchleistung ausgerichtet. Unter dem Einfluss von ökonomischen Zwängen im internationalen Wettbewerb und dem immensen Leistungsvorsprung der Holstein-Rasse in puncto Milchleistung wurde, sowohl bei anderen Milch- als auch bei Zweinutzungsrassen, eine intensive Selektion bzw. Veredelungskreuzung im Hinblick auf dieses Merkmal vorgenommen. Zudem konnte das vorhandene genetische Potential Dank effizientem Management und optimierter Fütterung immer besser ausgeschöpft werden, was eine enorme Steigerung der Milchmenge pro Tier zur Folge hatte. Eine Kuh in Deutschland erreichte 1950 eine durchschnittliche Jahresleistung von 3.785 kg Milch mit 3,52 % Fett (BMELF, 1956). Im Jahr 2008 hatte sich die durchschnittliche Milchjahresleistung einer Kuh mit 7.879 kg Milch und 4,13 % Fett bereits mehr als verdoppelt (ADR, 2009). In diesem Zusammenhang wurde jedoch zunehmend über Leistungsminderungen bei den funktionalen Merkmalen der Tiere wie Reproduktionsleistung, Gesundheit, Stoffwechsel und der Nutzungsdauer berichtet. Gründe für diese Korrelation wurden und werden in der Literatur ausgiebig diskutiert, konnten aber bisher nicht eindeutig identifiziert werden. Unbestreitbar nehmen aber die unerwünschten Nebenwirkungen mit steigender Leistung zu, womit eine fallende Rentabilität in der Milchproduktion einhergeht.

Neben anderen Auswegen aus dieser Problematik wird die Kreuzungszucht als ein möglicher Lösungsansatz gesehen. In der Schweine- und Geflügelzucht ist dieses Verfahren längst etabliert, um positive Eigenschaften von verschiedenen Rassen in einem Kreuzungsprodukt zu vereinen. Bei diesen Tierarten werden Kombinations- und Stellungseffekte sowie die auftretenden Heterosiseffekte genutzt. In der

Milchviehzucht ist bis heute die Reinzucht die Methode der Wahl. Die Gründe dafür liegen einerseits in der niedrigen Reproduktionsleistung der Rinder, andererseits in deren langem Generationsintervall. Dadurch sind sie gleichzeitig Zucht- und Produktionstiere mit einem relativ hohen wirtschaftlichen Wert (Swalve et al., 2008). Neben geeigneten Zuchtverfahren müssen auch Rassen gefunden werden, die sowohl die gewünschten Kombinations-Eigenschaften zeigen als auch ein ähnliches Leistungspotential aufweisen. Zudem muss eine ausreichende genetische Distanz zwischen den Reinzucht-Populationen bestehen, um erwünschte Heterosiseffekte nutzen zu können.

In der Vergangenheit wurden bereits einige Kreuzungsversuche durchgeführt, die auf eine Überlegenheit von Kreuzungstieren gegenüber den Elternrassen in den gewünschten Merkmalen hinwiesen. Retrospektive Auswertungen von Rinderdatenbanken, die eine ausreichende Anzahl an Leistungsdaten von Kreuzungstieren beinhalteten, zeigten vielversprechende Tendenzen. So wurden beispielsweise für produktive Merkmale Heterosiseffekte in Größenordnungen von 5 % - 8 % genannt und für reproduktive Merkmale bis zu 12,8 %, was pro Kuh ein erwirtschaftetes Mehreinkommen von 11,4 % pro Jahr gegenüber den Reinzuchten bedeutet (Touchberry, 1992). Zumeist beschreibt die Literatur dabei die Leistungen der ersten Kreuzungsgeneration (F_1), die oft, nicht zuletzt wegen der auftretenden Heterosis, außerordentliche Leistungsvorzüge gegenüber den Elternrassen aufwies. Einige Arbeiten berichten über systematische Kreuzungen von Milchviehrassen (Holsteins x Jerseys), die sich unter extensiven Freilandbedingungen in Neuseeland bewährt und praktische Bedeutung erlangt haben. Andere Kreuzungsversuche zur Leistungsaufwertung von einheimischen Rinderarten (*Bos indicus* x *Bos taurus*) in wärmeren Klimazonen zeigten ebenfalls gute Ergebnisse für die F_1 -Generation. Folgegenerationen konnten mitunter die an sie gestellten Erwartungen, auch unter Berücksichtigung verschiedener Kreuzungsmethoden, nicht erfüllen.

Systematische Untersuchungen von gezielten Kreuzungen mit klaren Kreuzungsschemata sind, unter den intensiven Bedingungen im gemäßigten Klima, über die F_1 -Generation hinaus so gut wie nicht zu finden. Auch derzeit laufende Kreuzungsversuche mit Holsteins x Jerseys an der University von Minnesota von Heins et al. (2011) berichten ausnahmslos über Leistungen der F_1 -Generation.

Die vorliegende Arbeit untersucht die Leistungen der Kreuzungsherde des Lehr- und Versuchsgutes Oberschleißheim der Ludwig-Maximilians-Universität München in einem automatischen Melksystem. Als Kreuzungsschema wurde die Wechselkreuzung als einfachste Form der Rotationskreuzung gewählt. Die Kreuzungsherde wird seit 1999 systematisch aufgebaut. Als Leistungsreferenz für die Kreuzungstiere sind reine Deutsche Holsteins und reines Deutsches Fleckvieh Bestandteil der Herde, die sowohl der Erzeugung der F₁-Generation als auch der Remontierung der eigenen Rasse dienen. Die F₁-Kreuzungsprodukte aus Deutschen Holsteins x Deutschem Fleckvieh und Deutschem Fleckvieh x Deutschen Holsteins sind wiederum Grundlage zur Erzeugung der durch Rückkreuzung entstandenen ersten Wechselkreuzungs-Generation (R₁). Erste Ergebnisse der F₁-Generation wurden bereits in einer Arbeit von Schichtl (2007) veröffentlicht. In der vorliegenden Arbeit werden produktive sowie einzelne reproduktive und gesundheitliche Merkmale der jeweiligen Generationen gegenübergestellt. Ziel dieser Arbeit ist der Leistungsvergleich der verschiedenen Kreuzungsstufen, wobei weitgehend gleichbleibende Umweltbedingungen gewährleistet wurden.

II. LITERATUR

1. Kreuzungszucht

Werden Individuen aus verschiedenen Linien, Rassen oder Populationen systematisch gepaart, so handelt es sich um Methoden der Kreuzungszucht. Dem gegenüber steht die Reinzucht, wobei Tiere innerhalb einer Population gepaart werden. Bei landwirtschaftlichen Nutztieren etwa ist eine Population eine Paarungsgemeinschaft derjenigen Tiergruppe, die unter demselben (Rein-) Zuchtprogramm steht (Baumung, 2005).

1.1. Allgemeine genetische Grundlagen

Im diploiden Chromosomensatz von Säugetieren werden Gene von zwei Allelen repräsentiert. Sie liegen am gleichen (Gen-)Ort auf einem der beiden Chromatiden desselben Chromosoms und stammen jeweils von einem Elternteil. Tragen beide Allele die gleiche Information, so spricht man von einem homozygoten Individuum; sind sie verschieden, ist es heterozygot.

Die Ausprägung eines Merkmals kann von jedem einzelnen Allel beeinflusst werden. Man unterscheidet dabei zwischen verschiedenen Geneffekten. Die aufsummierte, individuelle Wirkung jedes einzelnen Allels die unabhängig von anderen Allelen die Ausprägung eines Merkmals beeinflusst, bezeichnet man als additive Genwirkung. Von nicht-additiven Effekten spricht man, wenn die Ausprägung eines Merkmals von der Wechselwirkung zwischen Allelen beeinflusst wird. Liegen die Allele dabei auf dem gleichen Genort, wie beim Dominanzeffekt, beruhen diese Wechselwirkungen auf intralokalen Interaktionseffekten. Liegen die sich beeinflussenden Allele hingegen an verschiedenen Genorten, wie bei den epistatischen Effekten, spricht man von interlokalen Interaktionseffekten (Falconer & Mackay, 1996).

Die oben beschriebenen Genwirkungen gelten sowohl bei Reinzuchten als auch bei Kreuzungen. Bei der Schätzung von Kreuzungseffekten wird jedoch vorausgesetzt, dass die Populationsunterschiede auf additiven Effekten beruhen, und die nicht-additiven Effekte ausschließlich durch die Geninteraktionen zwischen den Ausgangspopulationen bedingt sind (Zumbach, 1998).

1.2. Kreuzungseffekte

Durch züchterische Arbeit wird versucht, unter kontrollierter Fortpflanzung von Individuen durch Selektion und gerichteter Verpaarung das Leistungsvermögen der Nachkommen zu verbessern (Zelfel & Müller, 2007). Durch Kreuzungszucht wird versucht, unterschiedliche, als positiv bewertete spezielle Eigenschaften von verschiedenen Rassen bzw. Linien im Kreuzungsprodukt zu kombinieren. Man spricht deshalb von Kombinationseffekten, wobei additiv genetische Unterschiede zwischen den beteiligten Populationen genutzt werden. Je nachdem, welche der Rassen als Vater- oder Mutterrasse eingesetzt wird, kann ein unterschiedlicher Effekt erzielt werden, der als Stellungen- bzw. Positionseffekt bezeichnet wird (Baumung, 2005).

Ein weiterer genetischer Effekt, der bei Reinzucht nicht möglich ist, wird als Heterosis bezeichnet. Heterosis ist definiert als die Überschreitung des Mittelwertes der Leistung homozygoter Eltern bei den Kreuzungsnachkommen unter gleichen Umweltverhältnissen (Hentschel & Wagner, 2004). Es können drei verschiedene Heterosiseffekte unterschieden werden. Die *individuelle Heterosis* ist der Vorteil des Kreuzungstieres gegenüber dem Durchschnitt der Reinzuchteltern. Von *maternaler Heterosis* spricht man, wenn sich die Heterosis auf Grund des Einsatzes einer gekreuzten Mutter ergibt, welche durch die reziproke Rückkreuzung erkannt werden kann. Pränatale maternale Effekte beeinflussen die Entwicklung des Embryos im Uterus (Größe des Uterus, Versorgungsqualität), postnatale Effekte beeinflussen das Kalb etwa durch Säugeleistung der Mutter oder Konzentration der Antikörper der Kolostralmilch (Lengerken, 2006). Die *paternale Heterosis* ist auf den Vater des Kreuzungstieres zurückzuführen und spielt z.B. für den Befruchtungsvorgang eine Rolle (Fürst-Waltl, 2005). Maternale, bzw. paternale Heterosiseffekte stellen sich bei einem Individuum nur ein, wenn seine Mutter, bzw. sein Vater, selber ein Kreuzungstier ist (Dolf, 2006).

Heterosis beruht auf nicht additiver Genwirkung aufgrund günstiger Allelkombinationen - eine differenzierte Betrachtung ist bei Zumbach (1998) zu finden. Das Aufbrechen dieser günstigen Allelkombinationen mit der daraus resultierenden Leistungsminderung wird als Rekombinationsverlust bezeichnet (Baumung, 2005).

Die Heterosis lässt sich wie folgt berechnen (Stufflebeam, 1989; Buchanan & Northcutt, 1999; Fürst-Waltl, 2005):

$$\% \text{ Heterosis} = \frac{\text{Kreuzungsdurchschnitt} - \text{Reinzuchtdurchschnitt}}{\text{Reinzuchtdurchschnitt}} \times 100$$

Sie entspricht der durch Homozygotie in den Inzuchtlinien verursachten Leistungsminderung (Inzuchtdepression). Deshalb wird Heterosis auch als Komplement oder Gegenteil der Inzuchtdepression bezeichnet (Falconer & Mackay, 1996). Grundsätzlich ist die Heterosis dann maximal, wenn ein Allel fix, also homozygot, in der einen Population und das alternative Allel ebenfalls fix in der anderen Elternpopulation vorkommt. In Reinzuchtpopulationen findet man durch Selektion und Gendrift vielfach einen höheren Grad der Homozygotie. Die Heterosis, die im Kreuzungsprodukt erwartet werden kann, ist abhängig von den verschiedenen Allelen bzw. Allelfrequenzen der beiden Elternpopulationen. Bei Elterntieren mit verschiedenen Allelen bzw. verschiedenen Allelfrequenzen zeigen die Nachkommen größere Heterozygotie und damit auch größere Heterosis als bei Elterntieren, die ähnliche Allelfrequenzen aufweisen. Deshalb steigt generell die Heterosis mit wachsender genetischer Distanz und wachsender Inzuchtrate der Elternpopulationen an (Sorensen et al., 2008). Kreuzungen zwischen verschiedenen Teilen einer Population (z.B. Jerseys x Holsteins oder Brown Swiss x Holsteins) zeigen unterschiedliche Heterosisausprägungen, da die Genhäufigkeit in jedem Teil der Population unterschiedlich hoch ist (Caraviello, 2004).

Der Heterosiseffekt wird schon seit vielen Jahren in der Pflanzenzucht mit hoch ingezüchteten Elternlinien in verschiedensten Kreuzungssystemen genutzt. Aber auch in den Kreuzungsprogrammen der Tierzucht hat er, hauptsächlich bei der Schweine- und Geflügelzucht, einige Bedeutung erlangt (Falconer & Mackay, 1996). Der Heterosiseffekt ist auch ein wesentlicher Grund für die Anwendung von Kreuzungszuchtmethoden bei Fleischrindern (Fürst-Waltl, 2005). Kreuzungsprogramme haben allerdings beim Rind aufgrund deren niedriger Reproduktionsleistung einerseits und deren langen Generationsintervallen andererseits nicht die Bedeutung erlangt wie in der Schweine- und Geflügelzucht (Swalve et al., 2008). Angaben zu Heterosiseffekten sind jedoch immer mit Vorsicht zu genießen, da Heterosiseffekte einerseits stark von den beteiligten Rassen abhängig sind, andererseits aber auch von der Stellung der einzelnen Rassen innerhalb eines Kreuzungs-

zungsschemas. Tabelle 1 zeigt mittlere Heterosiseffekte für ausgesuchte Merkmale beim Rind. Diese eignen sich allerdings nicht zur Vorhersage von Leistungen bei bestimmten Kreuzungen (Dolf, 2006). Als typische Heterosis werden bei Swan und Kinghorn (1992) für die Milchproduktion Werte zwischen 0 % - 10 % und für die Fruchtbarkeit Werte zwischen 5 % - 25 % genannt. Sorensen et al. (2008) geben für die Milchproduktion Werte zwischen 1,5 % - 8,4 % an.

Allgemein gilt, dass die Heterosis sich gegensätzlich zur Heritabilität (Erblichkeit) verhält, sich also bei Merkmalen mit niedriger Heritabilität bzw. schwacher additiv genetischer Beeinflussung die höchsten Heterosiseffekte erzielen lassen (Fürst-Waltl, 2005). Eine ungünstigere Umwelt trägt ebenfalls zu höheren Heterosiseffekten bei (Ruvuna et al., 1986; Madalena et al., 1990b).

Tabelle 1: *mittlere Heterosiseffekte für ausgesuchte Merkmale beim Rind aus Dolf (2006)*

Merkmal	Heterosis in %	
	individuell	maternal
Milchleistung, 1. Laktation	6	
Milchleistung, 2. Laktation	4	
Fett %, 1. Laktation	1	
Fett %, 2. Laktation	1	
Absetzgewicht	6	
Gewicht, 1-jährig	5	8
Gewicht, 2,5-jährig	4	

1.3. Gebrauchskreuzungsverfahren

In der Rinderzucht sind in der zweiten Hälfte des vorigen Jahrhunderts hauptsächlich Kreuzungsprogramme zum Einsatz gekommen, die Populationsdifferenzen durch die Verpaarung unterschiedlicher Rassen bzw. Subpopulationen und damit additiv genetische Effekte genutzt haben. Ziel war es, über die sogenannte Veredelungskreuzung bestimmte Leistungs- und/oder Exterieurmerkmale zu verbessern bzw. zu verändern, ohne einen bestimmten Fremdgenanteil zu überschreiten (Lederer, 2005).

Seit einigen Jahren werden Gebrauchskreuzungsprogramme für Milchrinder untersucht und teilweise schon erfolgreich eingesetzt, die durch vorrangige Nutzung des Heterosiseffektes die Milchleistung und die funktionalen Merkmale der Tiere verbessern sollen. Diese Programme sind natürlich kein Selbstzweck. Sie sollen Nutz- und Gebrauchstiere hervorbringen, die mit dem höchsten gesamtwirtschaft-

lichen Wirkungsgrad tierische Produkte erzeugen. Das verfolgte Ziel wird daher maßgeblich vom gesamtwirtschaftlichen Nutzen in der Produktion bestimmt und ist abhängig von den vorherrschenden Produktionsbedingungen. Es kann daher nicht generell das eine, richtige Gebrauchskreuzungsprogramm geben, sondern nur das für die jeweilige Produktionssituation passende. Die Herausforderung bei diesen Programmen für Milchrinder gegenüber denen bei Schwein und Geflügel ist, dass das Einzeltier gleichzeitig Zucht- und Produktionstier ist und damit einen hohen Wert besitzt. Desweiteren sind beim Rind die Generationsintervalle vergleichsweise lang und die Reproduktionsraten sehr gering (Swalve et al., 2008). Die Kreuzungsprogramme müssen deshalb nach Hill (1971; Kräußlich, 1999; Swalve, 2004) folgende Anforderungen erfüllen:

- *Stabilität*, durch konstante genetische Zusammensetzung in der Produktionsstufe,
- *Remontierung* aus der eigenen Nachzucht in allen Produktionsstufen,
- *Heterosis* durch systematische Kreuzung effektiv nutzen,
- *Selektion* auf additiv genetischer Basis zur weiteren Verbesserung der Reinzuchtlinien.

Diskontinuierliche Kreuzungsverfahren, die keine Weiterzucht mit den Kreuzungsprodukten vorsehen und gegenwärtig in der Schweine-, Geflügel- und auch der Fleischrinderzucht angewandt werden, erfüllen diese Forderungen momentan noch nicht und stoßen durch die niedrigen Reproduktionsraten bei Milchrindern an ihre Grenzen (Swalve, 2007; Sorensen et al., 2008). Interessant wäre dieser Ansatz beim routinemäßigen Einsatz von gesextem Sperma, da nur so in der Produktionsstufe neben der Remontierung der eigenen Herde die Erzeugung der F₁-Generation überhaupt erst möglich wäre.

Im kontinuierlichen Kreuzungsverfahren der Rotationskreuzung hält Kräußlich (1999) die Bedingungen für voll erfüllt. Swalve (2004) sieht die konstante genetische Zusammensetzung und damit eine möglichst hohe Ausgeglichenheit der Kreuzungsprodukte in der Produktionsstufe zwar nur durch diskontinuierliche Kreuzung erfüllt, kommt aber auch zu dem Schluss, dass die Rotationskreuzung der beste Kompromiss zur Erfüllung der o.g. Forderungen ist.

Der Vorteil der Rotationskreuzung besteht darin, dass die weiblichen Kreuzungsprodukte regelmäßig zur weiteren Zucht genutzt werden können. Es müssen also keine weiblichen Tiere zugekauft werden. Der genetische Zuchtfortschritt wird

über die reinrassigen Vatertiere aus den beteiligten Ausgangszuchtpopulationen erreicht, die abwechselnd in aufeinander folgenden Generationen eingesetzt werden. Je nach Anzahl der beteiligten Rassen spricht man von 2-, 3- oder 4-Rassen-Rotationskreuzung.

Die Heterosiseffekte sind in der ersten Kreuzungsgeneration (F_1 -Generation) bzw. bis zum wiederholten Einsatz derselben Rasse am höchsten und liegen bei 100 %. Voraussetzung für die Maximierung der möglichen Heterosis für die Kreuzungsprodukte ist die genetische Distanz zwischen den gewählten Ausgangsrassen. Mit den zyklischen Schwankungen der Genanteile der Ausgangsrassen verändert sich auch die Höhe der zu erwartenden Heterosiseffekte. Die 2. Generation zeigt nur 50 % der möglichen Heterosiseffekte, dafür aber 100 % maternale Effekte (siehe Abbildung 1). Ab der 7. Generation bleiben die Heterosiseffekte jedoch konstant (Fürst-Waltl, 2005).

In der 2-Rassenrotationskreuzung, auch Wechselkreuzung oder Criss-Cross-Kreuzung genannt, wird eine Kreuzungskuh zeitlebens mit den Bullen ihrer Muttersvater-Rasse angepaart. Ab der 7. Generation stellt sich dann ein konstanter Genanteil von 67 % der beteiligten Vatterrasse ein, bei der mit 67 % der möglichen individuellen und maternalen Heterosis der F_1 -Generation gerechnet werden kann (Dolf, 2006).

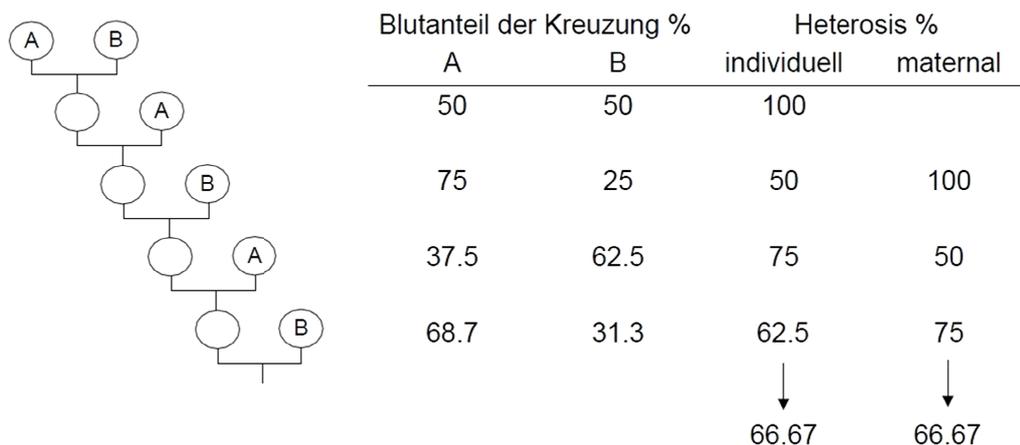


Abbildung 1: Kreuzungsschema einer 2-Rassen-Rotationskreuzung mit zu erwartender individueller und maternaler Heterosis (übernommen aus Dolf (2006))

Die Kreuzungskuh der 3-Rassen-Gebrauchskreuzung wird zeitlebens an einen Bullen angepaart, der nicht ihrer Vater- oder Muttersvater-Rasse angehört. Hier

stellt sich ab der 7. Generation ein konstanter Genanteil von 57 % der Vatterrasse, 29 % der Muttersvater-Rasse und 14 % der dritten Rasse ein.

Der mögliche individuelle und maternale Heterosiseffekt liegt bei 86 % der möglichen Heterosis der F_1 -Generation und damit deutlich höher als bei der 2-Rassen-Gebrauchskreuzung (Freyer et al., 2008). Bei Hinzunahme einer vierten Rasse würde sich der Heterosiseffekt nur noch um rund 7 % auf 93 % steigern lassen (Sorensen et al., 2008).

Generell lässt sich für eine Rotationskreuzung sagen, dass mit zunehmender Anzahl beteiligter Rassen der prozentuale Anteil der dauerhaft nutzbaren Heterosiseffekte, gemessen an dem der F_1 -Generation, steigt. Jedoch steigt auch der zuchtorganisatorische Aufwand mit der Anzahl der beteiligten Rassen, vor allem, wenn Kreuzungsverfahren auf breiter Basis zu einer laufenden Nutzung von Heterosiseffekten umgesetzt werden sollen (Lederer, 2005).

Eine weitere Schwierigkeit ist, Ausgangsrassen mit gleichem Leistungsniveau zu finden, da die Verluste aufgrund der additiv genetischen Unterschiede größer wären als der Vorteil aus den nutzbaren Heterosiseffekten. Nach McAllister et al. (1994) sollte ein Anpaarungspartner wenigstens 90 % der Leistung der besten beteiligten Rasse aufweisen. Durch die enorme Milchleistung der Holsteiner Rasse ist diese in nahezu allen Kreuzungsversuchen als eine der Ausgangsrassen vertreten. Dadurch ist es jedoch schwer, gleich mehrere Ausgangskreuzungsrassen auf diesem Leistungsniveau zu finden. Der Genanteil der Kreuzungsprodukte ändert sich zyklisch in jeder Generation, wodurch die Phänotypen von Generation zu Generation starken Schwankungen unterlegen sein können. Es ist daher von Vorteil, phänotypisch ähnliche Rassen auszuwählen, um Kreuzungstiere mit homogenem Erscheinungsbild zu erzeugen und so deren Vermarktung zu erleichtern (Dolf, 2006).

Um die Kreuzungseffekte nutzen zu können, empfehlen Ahlborn-Breier und Hohenboken (1991) eine Reinzucht, die weiterhin den genetischen Fortschritt innerhalb der Rassen vorantreibt und für die kommerzielle Milchproduktion über ein systematisches Rotationskreuzungsschema die additiven und nicht-additiven Geneffekte nutzbar macht. Aufgrund ihrer Ergebnisse empfehlen sie die 2-Rassen-Rotationskreuzung mit Augenmerk auf der Fettmengenproduktion. Kräußlich (1999) sieht die 2-Rassen-Gebrauchskreuzung als beste Alternative für die Heterosisnutzung in der Praxis. Auch Swalve (2004) bevorzugt als Kompromiss

die 2-Rassen-Gebrauchskreuzung. Unter der Prämisse, dass die meisten Milchviehhalter ihre eigene Remonte erstellen möchten, kommt er aber zu dem Schluss, dass die Wahl des besten Kreuzungssystems für dauerhafte Rotationszuchtstrategien noch offen ist (Swalve, 2007). Andere Autoren sehen in der 3-Rassen-Gebrauchskreuzung die optimale Zuchtstrategie für Milchherden, um das volle Leistungspotential der systematischen Rotationskreuzung zu nutzen (Lederer, 2005; Heins et al., 2008; Sorensen et al., 2008). Alle Autoren sind sich jedoch einig, dass Gebrauchskreuzungsverfahren nicht ohne eine konsequente, funktionierende Reinzucht möglich sind, die letztendlich die Zuchterfolge auf Basis von additiv genetischen Effekten an die produzierenden Betriebe weitergeben muss. Richtig eingesetzt, kann Heterosis den traditionellen Milchvieh-Zuchtprogrammen einen zusätzlichen Gewinn ermöglichen (Sorensen et al., 2008).

Die Bildung einer synthetischen Rasse ist von den Gebrauchskreuzungsverfahren zu unterscheiden. Hierzu werden zwei oder mehr Rassen gekreuzt und mit den männlichen und weiblichen Kreuzungsprodukten weitergezüchtet. Ziel ist es, eine neue Rasse mit den gewünschten Eigenschaften zu entwickeln. In der Literatur gibt es einige solcher Versuche, von denen die Ergebnisse für die F_1 -Generation ohne weiteres für Aussagen bezüglich der Heterosis in Wechselkreuzungen genutzt werden können (siehe Abschnitt II.1.4). Im weiteren Verlauf solcher Versuche werden jedoch die F_1 -Nachkommen untereinander (inter se) angepaart, sodass keine Vergleiche mehr zu Wechselkreuzungsversuchen möglich sind.

1.4. Übersicht zu Kreuzungsversuchen beim Milchrind

Bereits 1906 wurden erste wissenschaftliche Kreuzungsversuche mit mehr als 400 Milchkühen der Rassen Rotes Dänisches Milchvieh und Jersey in Dänemark durchgeführt. Das waren somit die frühesten genetischen Versuche mit Milchrindern überhaupt (Sorensen et al., 2008). In der ersten Hälfte des 20. Jahrhunderts folgten eine Reihe weiterer Kreuzungsversuche, unter anderem eine 1939 vom United States Department of Agriculture (USDA) begonnene Studie mit 2- und 3-Rassenkreuzungen (Fohrman et al., 1954). Als Basis wurden Kühe der Rassen Holsteins, Rotes Dänisches Milchvieh, Jersey und Guernsey benutzt und mit Holstein-, Rote Dänische Milchvieh- und Jersey-Bullen drei Kreuzungsgenerationen erzeugt. Der Leistungsdurchschnitt der Kreuzungsgruppen lag für Milch 30 % und für Fett 35 % über dem der Basisrassen. Fohrman et al. (1954) schlossen:

„...there is sufficient evidence presented here to indicate that female progeny of crossbred cows when sired by production proved bulls will develop into very satisfactory dairy animals.”

Von 1949-69 wurde an der Universität in Illinois eine Langzeitkreuzungsstudie mit Holsteins und Guernseys durchgeführt (Touchberry, 1992). Untersucht wurden die Heterosiseffekte für Milchleistung, Milchinhaltsstoffe, Langlebigkeit, Fruchtbarkeit und Zunahmen, um die Gesamtleistung von Kreuzungstieren einschätzen zu können. Die Heterosis für die produktiven Merkmale betrug zwischen 5 % und 8 %, die für die reproduktiven Merkmale bis zu 12,8 %. Auf der Basis des pro Kuh erwirtschafteten Jahreseinkommens übertrafen die Kreuzungen die Reinzuchten um 11,4 %. Im sogenannten S-49 Projekt, das vier Testherden umfasste und herausfinden sollte, ob durch Kreuzungen Tiere mit erhöhter Produktivität und Anpassungsfähigkeit geschaffen werden können, fand McDowell (1982) Heterosis für viele Milchleistungsmerkmale und bestätigte damit vorangegangene Studien. Ein ausführlicher Überblick über diese Studien ist bei Touchberry (1992) zu finden.

Ein kanadischer Kreuzungsversuch untersuchte den Einfluss der Lebensleistung und der „annualisierten und diskontierten Nettorendite“ (ADNR) der Milchkuh mit den Ausgangsrassen Holsteins und Ayrshires in zehn verschiedenen Kreuzungsgruppen. Die geschätzte Heterosis für die Lebensleistungsmerkmale Milch (16,5 %), Fett (20 %) und Eiweiß (17,2 %) sowie ADNR (20,6 %) waren deutlich höher als die für Erstlaktationsleistung gefundenen Werte. Damit waren die Kreuzungskühe den reinrassigen Holsteinkühen wirtschaftlich deutlich überlegen, was im Wesentlichen aber auf deren Leistung in Fruchtbarkeit und Langlebigkeit zurückzuführen war (McAllister et al., 1994).

Die Ergebnisse der aufgeführten geplanten Kreuzungsversuche zur Heterosis für Merkmale der Milchleistung lagen in Größenordnungen von bis zu 20 %. Üblicherweise sind jedoch derartige Studien mit einer Fülle von Problemen behaftet (Stichprobengröße, Einsatz bestimmter Vatertiere), sodass die Ergebnisse aus Praxisdaten glaubhafter erscheinen (Swalve, 2004).

In Neuseeland werden Kreuzungskühe schon seit längerem produktiv eingesetzt. Hauptsächlich werden die Rassen Holsteins, Jerseys und Ayrshires in Rotation gekreuzt. Am meisten verbreitet sind Kreuzungen aus Holsteins und Jerseys, die 2007/08 nach den reinen Holsteins mit 32,8 % den größten Teil der neuseeländi-

schen Milchviehpopulation ausmachten (LIC, 2008). Erste neuseeländische Kreuzungsversuche mit den Rassen Jerseys und Holsteins berichteten von deren Überlegenheit in der Fettproduktion gegenüber reinen Holsteins (Ahlborn-Breier & Hohenboken, 1991). Eine weitere Studie untersuchte die Rentabilität von alternativen Zuchtssystemen unter neuseeländischen Bedingungen mit drei Ansätzen (Reinzucht, 2- und 3-Rassen-Rotationskreuzung) für die Rassen Holsteins, Jerseys und Ayrshires und fand positive Heterosiseffekte für nahezu alle bedeutsamen Merkmale (Lopez-Villalobos et al., 2000a, b, c). Lopez-Villalobos und Garrick (2002) errechneten auf Basis einer 25-Jahre-Planung Vorteile in einer Größenordnung von 17 % - 27 % hinsichtlich des Nettoeinkommens je Hektar für die Rotationskreuzungen gegenüber den entsprechenden Reinzuchten. Montgomerie (2005) nutzte für einen Leistungsvergleich von Milchkühen den Produktionswert (PW). Der PW ist ein Index, der das Vermögen von Milchkühen vergleicht, Futter in Betriebserlös zu überführen. Auch er kam dabei zu dem Ergebnis, dass bei Holstein x Jersey - Kreuzungen der PW in jedem Jahr zwischen 1985 - 2002 höher lag als bei allen übrigen Rassen.

Jüngere Untersuchungen zeigten, dass Holstein x Jersey - Kreuzungen in Neuseeland Heterosis bedingt größere Fett- und Proteinleistungen haben als reine Holsteins (Bryant et al., 2007). Die neuseeländischen Ergebnisse können jedoch nicht auf hiesige Verhältnisse übertragen werden, da die Milchproduktion in Neuseeland völlig anders betrieben wird als in Mitteleuropa oder den USA. Die mittlere Milchleistung aller geprüften neuseeländischen Milchkühe lag bei nur ca. 3.600 Litern in 2007/08, wies aber hohe Inhaltsstoffe auf (175 kg Fett, 132 kg Protein pro Kuh) und wurde bei streng saisonaler Weideproduktion ohne Kraftfutter und Mineraldünger auf nur 2,83 Hektar pro Tier erreicht (LIC, 2008). Die hohe Besatzdichte und die streng saisonalen Abkalbungen unterstrichen den Bedarf für Langlebigkeit und Fruchtbarkeit der neuseeländischen Milchproduzenten und erklärten, warum Kreuzungszucht und die Ausnutzung der Heterosiseffekte praktische Bedeutung in Neuseeland erreicht haben.

In den USA gibt es keine mit Neuseeland vergleichbare systematische Milchrinderkreuzungszucht. Van Raden und Sanders (2003) fanden jedoch in den Datenbanken des USDA neben den Zuchtwertschätzungen für Reinzuchttiere auch etwa 0,6 % Kreuzungstiere. Aus Teildaten schätzten sie die Kreuzungseffekte und fanden Heterosis von 3,4 % für die Milch-, 4,4 % für die Fett-, und 4,1 % für die Ei-

weißmenge. Die Heterosis für die Zellzahl war nicht signifikant. Für die Lebensleistung wurde lediglich eine Heterosis von 1,2 % gefunden (Swalve, 2007). Somit lagen die US-amerikanischen Daten weit unter den in Neuseeland erarbeiteten Werten.

Heins et al. (2006 a, b, c) werteten Daten von Kreuzungsversuchen mit den Rassen Holsteins, Normande, Montbéliarde und Skandinavischem Rotvieh von sieben großen Milchviehbetrieben in Kalifornien aus. Holsteinnachkommen wurden jeweils mit importiertem Bullensperma der oben genannten Rassen belegt. Zur Kontrolle wurden reine Holsteinnachkommen herangezogen. Die Auswertung ergab, dass die reinen Holsteins allen anderen Testgruppen in puncto Milchleistung überlegen waren, wenn auch bei Skandinavischem Rotvieh nicht in signifikantem Maß. Signifikant überlegen waren die Kreuzungstiere den reinen Holsteins jedoch in Reproduktions- und Überlebensmerkmalen, sodass diese Vorzüglichkeit die Produktionsverluste gegenüber den Holsteins kompensieren könnte.

Dechow et al. (2007) führten eine retrospektive Studie mit Daten zu 19 Herden durch. Betrachtet wurden die Rassen Holsteins und Brown Swiss, sowie deren F₁- und Rückkreuzungen, welche allerdings nur teilweise in Rotationskreuzung erzeugt worden waren. Dabei zeigte die F₁-Generation durchgehend positive Heterosiseffekte für alle untersuchten Merkmale. Die Folgegeneration erbrachte nicht die erwünschten Leistungen und blieb hinter den Erwartungen zurück. Dechow et al. (2007) führten dies auf Rekombinationsverluste zurück.

In fast allen oben genannten Versuchen wurden wenige oder gar keine Daten der F₁-Folgegenerationen für die Rotationskreuzung erhoben und ausgewertet. In wärmeren Klimazonen Asiens, Afrikas und Südamerikas wurden in diversen Milchrinder-Kreuzungsprojekten (McDowell, 1985, 1996; Syrstad, 1989, 1996; Madalena et al., 1990b; Freitas et al., 1998; Demeke et al., 2000; Ahmed et al., 2007; Barbosa et al., 2008) die klimaangepassten einheimischen Rassen (*Bos indicus*) an leistungsüberlegene europäische Rassen (*Bos taurus*) angepaart. Anders als in einer Vielzahl der Versuche in Europa, USA und Neuseeland sind einige wenige dieser Kreuzungsprogramme auch über die F₁-Generation hinaus verfolgt worden. Syrstad (1989) bemerkte, dass auffallend wenig Projekte die F₁-Folgegeneration in ihren Versuchsaufbau integriert haben. Untersucht wurden sowohl Rückkreuzungen und inter se Kreuzungen als auch Rotationskreuzungen. Alle Studien kamen zu vergleichbaren Ergebnissen: unter den natürlich vorherr-

schenden spezifischen und lokalen Produktionsbedingungen (Temperatur, niedrige Futterqualität, variables Futterangebot, allgemeiner Krankheitsdruck) war für die F₁-Generation eine Leistungssteigerung nachzuweisen, während weiterführende Generationen zu keiner nachhaltigen Leistungsverbesserung beitrugen (Ahmed et al., 2007).

In Deutschland wurden und werden ebenfalls verschiedene Studien und Kreuzungsversuche durchgeführt, die bei Freyer et al. (2008) im Detail beschrieben sind. Auch hierzulande kamen die Autoren zu dem Ergebnis, dass durch Kreuzung die Milchleistung der überlegenen Holsteins zumindest von der F₁-Generation erreicht aber nicht übertroffen werden kann. Der Vorteil der Kreuzungen liegt vielmehr in der Kombination von Leistungsmerkmalen wie Fruchtbarkeit, Fitness, Inhaltsstoffen der Milch oder Fleischleistung, die durch Nutzung der verschiedenen Kreuzungseffekte wirtschaftsrelevant werden.

Die vorliegende Arbeit untersucht die F₁- und R₁-Generation einer Wechselkreuzung von Kühen der Rassen Deutsche Holsteins (DH) und Deutsches Fleckvieh (FV) und ist eine Fortführung eines Kreuzungsversuches einer F₁-Generation vom Lehr- und Versuchsgut Oberschleißheim der Ludwig-Maximilians-Universität München, der von Schichtl (2007) untersucht und beschrieben wurde.

1.5. Rassenvergleich

Die vorliegende Arbeit beruht auf Daten von Deutschen Holsteins und Deutschem Fleckvieh. Die Anzahl der Tiere in Bayern und der Bundesrepublik Deutschland sind der Tabelle 2 zu entnehmen. Beide Rassen sollen hier kurz vorgestellt werden:

Deutsche Holsteins der Farbrichtungen Schwarzbunt und Rotbunt

Bei der Rasse Holsteins handelt es sich um eine der weltweit bedeutendsten Milchviehrassen. Sie gilt gemeinhin als Synonym für die leistungsstarke Milchkuh. In Deutschland sind die Deutschen Holsteins die am häufigsten eingesetzte Rasse in der Milchproduktion und stellen den größten Rasseblock. Ihr Verbreitungsraum ist das gesamte Bundesgebiet, vorwiegend aber der Norden und der Westen Deutschlands. Auf rund 22.800 Zuchtbetrieben stehen über 1,6 Millionen Herdbuchkühe. Damit verfügt Deutschland über die weltweit größte Holstein-

Herdbuchpopulation. Die Zahl der Holsteinkühe in der Milchleistungsprüfung liegt bei etwa 2,2 Millionen.

Die Deutsche Holstein-Kuh ist eine rentable Hochleistungskuh mit milchbetontem Typ, die über viele Laktationen nutzbar ist und den jeweiligen Haltungsbedingungen gerecht wird. Sie produziert jährlich im Durchschnitt knapp 9.000 kg Milch mit 4,0 % Fett und 3,5 % Eiweiß. Die langlebige Holsteinkuh verfügt über einen funktionalen Körperbau mit korrekten Beinen und Klauen sowie über ein großes Futteraufnahmevermögen. Ein dauerhaft fest ansitzendes, gut melkbares Euter ist Voraussetzung für viele Laktationen mit hoher Milchleistung. Neben hoher Milchleistung verfügen rentable Holsteinkühe auch über eine gute Fruchtbarkeit, wofür hohe Konzeptionsraten und Leichtkalbigkeit charakteristisch sind. Ausgewachsene Kühe sollen eine Kreuzhöhe von über 145 cm sowie ein Gewicht von 750 kg erreichen (Stockinger & Zickgraf, 2009).

Das Zuchtziel von Deutschen Holsteins ist auf eine wirtschaftliche Leistungskuh milchbetonten Typs mit hoher Milchleistung und entsprechendem Entwicklungspotenzial ausgerichtet. Angestrebt wird eine Lebensleistung von über 40.000 kg Milch bei großem Futteraufnahmevermögen, stabiler Gesundheit, guter Fruchtbarkeit mit einem genetischen Leistungspotenzial von 10.000 kg Milch mit 4,0 % Fett und 3,5 % Eiweiß. Ausgewachsene Kühe sollen eine Kreuzhöhe von 145 cm bis 156 cm, ein Gewicht von 650 kg bis 750 kg haben und über ein korrektes und widerstandsfähiges Fundament verfügen. Außerdem sollte ein gesundes und gut melkbares Euter, das in Qualität und Funktionsfähigkeit hohe Tagesleistungen über viele Laktationen ermöglicht, die Ansprüche moderner Melksysteme erfüllen (DHV, 2011).

Deutsches Fleckvieh

Fleckvieh ist ein fitnessstarkes und leistungsbereites Doppelnutzungsrind mit weltweit 41 Millionen Tieren und ist vor allem unter dem Namen „Simmental“ bekannt. Fleckvieh wird sowohl zur spezialisierten Milchproduktion als auch in der Mutterkuhhaltung mit Erfolg eingesetzt. In Europa umfasst die Rasse Fleckvieh in der Milchproduktion eine Gesamtpopulation von ca. sechs Millionen Milchkühen. In Deutschland ist das Fleckvieh als zweitstärkste Rasse vorwiegend im süd- und mitteldeutschen Raum verbreitet. Es ist sowohl in Betrieben mit Weidegang als auch in Betrieben mit ganzjähriger Stallhaltung zu finden. Die

Zuchtziele werden überwiegend in Reinzucht verfolgt. Fleckvieh eignet sich deshalb unter maximaler Nutzung der Heterosiseffekte auch optimal für Kreuzungen mit Milch- und Fleischrassen.

Die optimale Fleckviehkuh in der Milchproduktion hat eine starke Vorderhand, weist zur Laktationsspitze auch noch eine ausgeprägte Rücken- und Keulenbemuskulung auf und zeichnet sich durch ein stabiles Fundament aus. Ausgewachsene Fleckviehkühe haben eine Kreuzbeinhöhe von 140 cm - 150 cm und einen Brustumfang von 210 cm - 240 cm bei einem Gewicht von 650 kg bis 850 kg. Das Becken ist breit und leicht abfallend, das Euter fest angesetzt und hat einen ebenen Euterboden, der nach mehreren Laktationen noch über dem Sprunggelenk liegt. Je nach Management werden Herdenleistungen von 7.000 kg Milch mit 4,2 % Fett und 3,7 % Eiweiß ebenso realisiert wie Leistungsniveaus über 10.000 kg Milch, wobei die jährliche Milchleistung bis zur 5. Laktation ansteigt. Eine Spitzenstellung nimmt die Rasse in der Eutergesundheit mit einer durchschnittlichen Zellzahl von weniger als 180.000 Zellen über alle Laktationen ein. Weitere Merkmale sind ein Erstkalbealter von 24 - 28 Monaten und eine Zwischenkalbezeit von 365 Tagen. Schlachtkühe erreichen ein Schlachtgewicht von 350 kg - 450 kg, werden überwiegend in die Handelsklassen U und R eingestuft und weisen eine mittlere Verfettung und beste Marmorierung auf.

Die männlichen Kälber eignen sich hervorragend für die Rindermast und sind ein wichtiger Zusatzerlös für den spezialisierten Milchproduzenten. In der Intensivmast erreichen die Jungbullen durchschnittliche tägliche Zunahmen von über 1.300g bei einem Schlachtalter von 16 - 18 Monaten und werden bei einer Ausschachtung von 57 % - 60 % größtenteils in die Handelsklassen E und U eingestuft (Bayern-Genetik, 2011).

Das Zuchtziel des Deutschen Fleckviehs ist auf eine nachhaltige Verbesserung der Wirtschaftlichkeit in der Milchproduktion unter ausgewogener Berücksichtigung der Fleischleistungs- und vor allem der Fitnessmerkmale ausgerichtet. Es wird durch den ökonomischen Gesamtzuchtwert definiert. Die Milch-, Fleisch- und Fitnessmerkmale stehen dabei in einem ausgewogenen wirtschaftlichen Verhältnis. Angestrebt wird vor allem eine Verbesserung der Eiweißmenge und der Fitness bzw. der Gesundheit der Tiere unter Konstanthaltung der Fleischleistung sowie eine Steigerung der Lebensleistung. Ziel ist eine lange Nutzungsdauer mit einer mittleren Lebensleistung von 30.000 kg Milch. Dies wird durch eine starke

Gewichtung der Fitnessmerkmale mit über 40 % im Gesamtzuchtwert und einer konsequenten Umsetzung der Zuchtprogramme gewährleistet (ASR, 2009).

Tabelle 2: Anzahl der MLP-Kühe ausgewählter Rassen in Bayern (LKV-Bayern, 2005 - 2008) und der BRD (ADR, 2005 - 2008)

	Anzahl der MLP-Kühe in Bayern					Anzahl der MLP-Kühe in der BRD				
	2004	2005	2006	2007	Ø	2004	2005	2006	2007	Ø
Fleckvieh	638.122	628.168	612.650	618.556	624.374	753.440	741.502	727.446	733.635	739.006
Braunvieh	121.877	118.374	112.114	111.056	115.855	161.308	154.553	147.831	146.626	152.580
Deutsch Holstein	56.060	56.078	55.171	56.728	56.009	1.674.343	1.668.467	1.579.153	1.604.499	1.631.616
Jersey	304	289	296	281	293	2.237	2.241	1.923	2.065	2.117
Gesamt	833.110	819.208	796.730	804.553	813.400	2.931.410	2.914.641	2.767.844	2.807.004	2.855.225

Ø = Durchschnitt

2. Milchleistung und Milchqualität

Die von einer Kuh produzierte Milchmenge und deren Inhaltsstoffe hängen von vielen Faktoren ab. Die Grundlage des Leistungsvermögens bildet sicherlich das genetische Potential der Rasse bzw. des Einzeltieres. Andere wichtige Einflussfaktoren sind die Fütterung, die Umweltbedingungen und das Management. Aber auch Laktationsnummer, Erstkalbealter, Zwischenkalbezeit, Gesundheitszustand, Melkverfahren und Wetter haben Einfluss auf die Milchleistung. Die Leistungsfähigkeit der einzelnen Milchkuh wird sowohl an der Menge der produzierten Milch als auch an der Menge und Qualität der Inhaltsstoffe gemessen. Diese Messung wird in Form der Milchleistungsprüfung (MLP) in Bayern von dem Landeskuratorium der Erzeugerringe für tierische Veredelung in Bayern e.V. (LKV) durchgeführt. Sie ist in der Verordnung über die Leistungsprüfungen und die Zuchtwertfeststellung bei Rindern (RindZLpV) geregelt und wird durch die Empfehlungen und Richtlinien zu Milchleistungsprüfungen und Milchqualitätsprüfungen der Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter (ADR, 2011) ergänzt. Die angeschlossenen Betriebe werden elfmal jährlich beprobt und das Datenmaterial ausgewertet. Es werden verschiedene Leistungsebenen betrachtet, darunter auch:

- Jahresleistung (Leistung in einem Prüfungsjahr des LKV, d.h. vom 1. Oktober bis zum 30. September)
- Laktationsleistung (Leistung vom Tag des Abkalbens bis zum Ende des letzten Prüfungszeitraumes dieser Laktation)

- 305-Tage-Leistung (Leistung vom Tag des Abkalbens bis zum Ende des letzten Prüfzeitraumes - mindestens von 250 Tagen - längstens jedoch bis zum Ablauf des 305. Laktationstages p.p.)

Diese Kennzahlen vereinfachen den Leistungsvergleich verschiedener Leistungsgruppen (Rasse, Produktionsrichtung, Betriebe, Verbände). Um Milch mit unterschiedlichen Gehalten an Fett und Protein vergleichen zu können, wird sie auf Standardwerte umgerechnet. Als Vergleichsbasis bzw. Standard sind 4,0 % Fett und 3,4 % Eiweiß (3,28MJ NEL) festgelegt. Auf diese Weise wird die in der Milch enthaltene Energie in Form von Fett und Eiweiß in Milch umgerechnet. Man spricht dann von energiekorrigierter Milch (energy corrected milk, ECM). Dabei verschiebt sich der Wert je 0,1 % Fett um 0,038MJ und je 0,1 % Eiweiß um 0,021MJ je kg Milch (Pabst, 2005).

Die durchschnittliche Milchmengenleistung der kontrollierten Kühe ist in den letzten 60 Jahren in Deutschland von 3.785 kg Milch mit 3,52 % Fett im Jahr 1950 (BMELF, 1956) um 4.094 kg auf 7.879 kg Milch mit 4,13 % Fett im Jahr 2008 (ADR, 2009) gestiegen. Dies lag nicht zuletzt an der guten züchterischen Beeinflussbarkeit der verschiedenen Milchleistungsparameter (Platen, 1997). Um die positiven Leistungseigenschaften von Rassen innerhalb einer verhältnismäßig kurzen Zeitspanne auf eine Linie zu vereinen, kann die Kreuzungszucht ein probates Mittel darstellen. Nach Lopez-Villalobos et al. (2000c) lassen sich durch Kreuzung der Rassen Holstein-Friesian, Jersey und Ayrshire die Milchleistung, Fett- und Eiweißmenge deutlich verbessern. Laut Swan und Kinghorn (1992) liegt die Heterosis für diese Merkmale zwischen 0 % - 10 %. Bei Holstein x Fleckvieh - Kreuzungstieren liegen alle Mengeneigenschaften höher als bei reinrassigem Fleckvieh. Trotz der geringeren Konzentration der Milchinhaltsstoffe bei den Kreuzungstieren von Red-Holsteins x Fleckvieh wird diese durch eine höhere Milchleistung überproportional kompensiert, sodass sich absolut höhere Mengen gegenüber dem Fleckvieh ergeben (Buchberger et al., 1986). Gegenüber den reinrassigen Holsteins ist bei den Kreuzungstieren die Konzentration der Milchinhaltsstoffe erhöht (Schichtl, 2007).

2.1. Milchmengenleistung

Die Milchmengenleistungen kann für verschiedene Zeiträume betrachtet werden. In dieser Arbeit wird näher auf die Laktations-, Tages- und Gemelksmengenleis-

tung eingegangen. Grundsätzlich ist die Laktationsleistung natürlich die Summe der erbrachten Tagesleistungen, die sich wiederum aus der Anzahl der Einzelmelke zusammensetzt. Die primär vom genetischen Leistungspotential des Tieres abhängige Milchmengenleistung wird durch eine Reihe von Faktoren beeinflusst. Neben der Fütterung und dem Gesundheitszustand sind vor allem die Anzahl der vorausgegangenen Laktationen und das Alter des Tieres von Bedeutung. Bis zur fünften Laktation steigt die Milchleistung einer Kuh an, um danach wieder abzufallen (Kielwein, 1994). Grabowski (2000) fand in der Milchmengenleistung gesunder Tiere nur zwischen der ersten und zweiten sowie zwischen der zweiten und dritten Laktation signifikante Unterschiede. Auch der Verlauf der Laktationskurve nimmt Einfluss auf die Laktationsleistung. Sie unterliegt einer deutlichen Dynamik. Die Laktationskurve zeigt in den ersten zwei Wochen einen steilen Anstieg der Tagesmilchmenge. Nach sechs bis acht Wochen wird das Maximum erreicht. Im weiteren Verlauf der Laktation kommt es dann zu einer kontinuierlichen Abnahme der täglich sezernierten Milchmenge (Schweigert, 2008). Wünschenswert ist der möglichst flache Verlauf der Laktationskurve in diesem Bereich. Dies entspricht dem Vermögen einer Kuh, über einen längeren Zeitraum ähnliche Tagesmilchmengen zu geben. Damit wird die Milchleistung über die Laktation hinweg relativ konstant gehalten, was im allgemeinen als Persistenz bezeichnet wird (Swalve & Gengler, 1998). Generell gilt, dass sich mit steigender Leistung auch die Persistenz verbessert. Kühe in der ersten Laktation (Jungkühe) erreichen nur etwa 80 % der Leistung von Kühen in der zweiten und nur 75 % der Kühe in der dritten und weiteren Laktationen. Auch erreichen sie den Leistungsgipfel etwa drei Wochen später als die Altkühe. Nach dem Laktationspeak sollen Jungkühe ihre Leistung um nicht mehr als 0,2 % pro Tag absenken, Altkühe um nicht mehr als 0,3 % pro Tag (Rossow & Richardt, 2003).

Ebenfalls Einfluss auf die Laktationsleistung nehmen die Art und Häufigkeit des Milchentzuges. Reinecke (2002) zeigte eine Literaturübersicht über Studien zu gesteigerten Melkfrequenzen und deren Auswirkungen auf die Milchmengenleistung. Mit Ausnahme einer Studie belegten alle, dass die Erhöhung der Melkfrequenz einen Anstieg der Tagesmilchmenge zur Folge hatte.

Da der Besuch in automatischen Melksystemen (AMS) für das Tier freiwillig ist und die leistungsbezogene Kraftfutterzuteilung für gewöhnlich beim Melkvorgang abgerufen werden kann, muss in der Regel eine Zugangsbeschränkung in Form

einer Mindestwartezeit für ein erneutes Betreten erfolgen. Ausgehend von zweimaligem Melken im konventionellen Verfahren steigt im AMS die durchschnittliche Anzahl an Gemelken, was eine Leistungssteigerung zwischen 10 % und 15 % erwarten lässt (Hömberg, 2002). Halm (2003) gab in ihrer Arbeit einen Überblick über Untersuchungen, in denen die Milchmengenleistung bei Anwendung eines AMS mit der von konventionell gemolkenen Kühen verglichen wurde. Bei einem großen Teil der Praxiserhebungen trat die auf die erhöhte Melkfrequenz zurückzuführende Leistungssteigerung nicht oder nicht in erwartetem Maße ein. Schwarzer (2000) verglich die beiden Melksysteme in einer aus Holstein- und Fleckviehkühen bestehenden Milchviehherde. Die Holsteins erzielten im AMS eine Milchleistungssteigerung von 11 % gegenüber dem konventionellen Milchentzug. Das Fleckvieh leistete im AMS jedoch 10 % weniger als im konventionellen Verfahren. Scholz et al. (2001b) kamen unter ähnlichen Bedingungen für Fleckvieh zu einer 13 %-igen Leistungssteigerung, fanden jedoch für Holsteins keine signifikante Änderung. Pro Besuch im AMS gaben die Holsteins mit 10,38 kg jedoch deutlich mehr Milch als das Fleckvieh (8,38 kg). Die Besuchshäufigkeit und damit die Anzahl der Gemelke pro Tag in eben diesem AMS gab Neuhaus (2001) für die ersten beiden Laktationen bei Holsteins mit 2,22 an. Für das Fleckvieh wurden in der ersten Laktation durchschnittlich 2,59 und in der zweiten Laktation 2,47 Besuche erhoben.

Einzelne Tagesleistungen können durch Krankheit, Verletzung oder andere Einflüsse geringer sein oder ganz ausfallen. Durch verzögerte oder fehlende Konzeption können sich die Zwischenkalbezeit und damit der Laktationszeitraum aber auch verlängern. Um eine Vergleichbarkeit für unterschiedliche Laktationslängen herzustellen, wird die Laktationsleistung auf eine künstliche 305-Tagesleistung zeitkorrigiert, wobei die betrachtete Laktation mindestens 250 Melktage umfassen muss, höchstens jedoch 305 Melktage berücksichtigt werden. Die in dieser Arbeit betrachteten Rassen haben laut eigener Zuchtverbände Leistungspotentiale von 10.000 kg (Holsteins) bzw. über 7.000 kg (Fleckvieh). Die durchschnittlichen Leistungen lagen im Zeitraum von 2004 bis 2007 für die Holsteins in Bayern bei 7.841 kg und in der gesamten Bundesrepublik Deutschland (BRD) bei 8.257 kg. Für das Fleckvieh lag die Leistung im gleichen Zeitraum in Bayern bei 6.475 kg und bei 6.420 kg in der BRD. Tabelle 3 zeigt die Milchleistung von MLP-Kühen

ausgewählter Rassen in Bayern und der Bundesrepublik Deutschland im Versuchszeitraum der Jahre 2004 - 2007.

Tabelle 3: 305-Tage-Milchleistung ausgewählter Rassen von MLP-Kühen in Bayern (LKV-Bayern, 2005 - 2008) und der BRD (ADR, 2005 - 2008)

	Liter Milchleistung pro MLP-Kuh Bayern					Liter Milchleistung pro MLP-Kuh BRD				
	2004	2005	2006	2007	Ø	2004	2005	2006	2007	Ø
Fleckvieh	6.332	6.384	6.502	6.683	6.475	6.196	6.356	6.473	6.653	6.420
Braunvieh	6.693	6.740	6.792	6.874	6.775	6.583	6.722	6.749	6.839	6.723
Deutsch Holstein	7.710	7.770	7.874	8.010	7.841	7.984	8.150	8.392	8.501	8.257
Jersey	5.865	5.753	5.991	6.068	5.919	5.274	5.357	5.616	5.743	5.498
Gesamt	6.484	6.537	6.645	6.810	6.619	7.317	7.492	7.673	7.803	7.571

Ø = Durchschnitt

Züchterisch ist die Laktationsleistung gut zu beeinflussen. In der Literatur finden sich Heritabilitäten zwischen 0,29 bis 0,55 (Swalve, 1993; Coffey et al., 2001; Druet et al., 2003; Fürst, 2005; Karacaören et al., 2006; Dechow & Norman, 2007), was laut Falconer und Mackay (1996) damit eher für eine mäßige Beeinflussbarkeit der Laktationsleistung durch Heterosiseffekte spricht. Für Kreuzungen zwischen Fleckvieh x Red-Holsteins beschreibt Fürst (2005) Milchleistungen, die mehr als 1.000 kg über den Durchschnittsleistungen von reinen Fleckviehkühen liegen. Kühe mit einem Fremdgenanteil von 12,5 % und 37,5 % zeigten allerdings nur noch eine Leistung von 200 kg bis 400 kg über dem Durchschnitt der reinen Fleckviehkühe. Bei Kreuzungen von Holsteins x Jerseys in Neuseeland wurde für die Milchleistung eine Heterosis von 6,1 % gefunden (Ahlborn-Breier & Hohenboken, 1991). Ebenfalls für Neuseeland fand Montgomerie (2002) bei der Milchmenge für Kreuzungen von Holsteins x Ayrshires eine Heterosis von 1,8 %, für Holsteins x Jerseys 4,1 % und für Jerseys x Ayrshires 4,8 %. Van Raden und Sanders (2003) beschrieben ein Heterosis von 3,4 % für die Laktationsleistung bei F₁-Kreuzungen von Holsteins mit verschiedenen Milchrassen und Walsh et al. (2007) wiesen für Kreuzungen zwischen Montbéliardes x Holsteins und Normandes x Holsteins 3,0 % bzw. 2,6 % Heterosis nach. McAllister (2002) nannte ebenfalls für verschiedene Milchrassen 2,6 % - 8,0 % Heterosis. Die Heterosis für die Milchlebensleistung gab er mit 17,9 % an, was aber im Wesentlichen durch die längere Nutzungsdauer der Kreuzungstiere zu Stande kam. Schichtl (2007) fand für Kreuzungen von DH x FV eine Heterosis von 3,7 % . Die höchste Leistung in kg Milch pro Laktation zeigten aber dennoch reine Holsteins (Touchberry, 1992; VanRaden, 1992; McAllister et al., 1994; Heins et al., 2006c).

Syrstad (1989) gab einen Überblick über mehrere Kreuzungsversuche zwischen *Bos taurus* und *Bos indicus* in den Subtropen zwischen 1966 und 1984. Die Kreuzungen wurden teils als inter se oder als Rückkreuzungen durchgeführt. Allen gemeinsam war jedoch der Rückgang der Milchleistung von der F_1 - zur F_2 - bzw. R_1 -Generation. Er nannte Quellen, nach denen erste Berichte über einen Rückgang der Milchleistung von Kreuzungen der F_1 - zu F_2 -Generation bereits im Jahr 1933 von Littlewood veröffentlicht wurden. Nach Syrstad (1989) konnte eine Minderung des Heterosiseffektes (Rückgang der Heterozygotie) den Milchleistungsrückgang von der F_1 - auf die Folgegeneration nicht ausreichend erklären. Vielmehr nahm er einen Zusammenbruch der epistatischen Geneffekte (Rekombinationsverlust) als Ursache an. Auch Ahmed et al. (2007) konnten bei Kreuzungen zwischen *Bos taurus* x *Bos indicus* mit mehr als 50 % Holsteinanteil keine Verbesserung der Laktationsleistung finden. Demeke et al. (2000) gaben für Kreuzungen zwischen Holsteins x Boran für die Laktationsleistung eine Heterosis von 51 % an. Die R_1 -Generation sank aber, wenn auch nicht signifikant, in der Leistung ab. Es ließ sich anhand der schlechteren Leistungen der Nachfolgegenerationen sogar ein signifikant negativer direkter epistatischer Effekt für die Laktations- und die Tagesmilchleistung nachweisen. Demeke et al. (2000) sahen dafür eine mögliche Erklärung darin, dass bei Holsteins - neben den positiven additiven Geneffekten - durch die langjährige Selektion auf Milchleistung eine Anhäufung von sich positiv beeinflussenden epistatischen Effekten an unterschiedlichen Genorten erfolgt waren. Durch Kreuzung könnten diese positiven epistatischen Interaktionen während der freien Rekombination in der Meiose aufgebrochen und damit wirkungslos werden. Im Gegensatz dazu berichtete McDowell (1985) in seiner Arbeit bei R_1 -Kreuzungen von *Bos taurus* x *Bos indicus* über eine um 6 % verbesserte Milchleistung gegenüber der F_1 -Generation. Touchberry (1992) fand für Kreuzungen und Rückkreuzungen von Holsteins x Guernseys über mehrere Generationen hinweg eine Heterosis von 4,34 % - 12,0 % in der Milchleistung. Auch Zarnecki et al. (1993) berichteten in ihrer Arbeit für die Laktationsleistung bei F_1 - und R_1 -Kreuzungen aus polnischen Schwarz-Weiß-Kühen x Holsteins verschiedener Herkunft von überwiegend positiver Heterosis. Und das in einer Höhe, die ihrer Meinung nach auf die Existenz von Heterosis bei diesem Merkmal hindeutet.

In einer retrospektiven Studie mit Holsteins und Brown Swiss fanden auch Dechow et al. (2007) für die Tagesmilchmenge von Browns Swiss x Holsteins eine signifikant positive Heterosis von 5,01 %. Wie bei Demeke et al. (2000) sank die Leistung in der Folgegeneration, wenn auch nicht signifikant, wieder ab. Swalve et al. (2008) konnten auf einem praktischen Betrieb in der ersten Laktation eine teils signifikant höhere Milchleistung für F₁-Kreuzungen von Holsteins x Braunvieh bzw. Holsteins x Schwedischen Rotbunten als bei reinrassigen Holsteins finden. In der zweiten Laktation war die Milchleistung der Holsteins gleich oder besser als die der Kreuzungstiere. Für die R₁-Kreuzungsgeneration zeigte sich ein uneinheitliches Bild in der ersten Laktation, aber keine signifikanten Leistungsunterschiede zu Holsteins oder der F₁-Generation. In der zweiten Laktation waren nur noch Daten von (Holsteins x (Schwedischen Rotbunten x Holsteins)) verfügbar, die jedoch einen Abwärtstrend erkennen ließen.

2.2. Melkbarkeit, Milchfluss, Melkdauer

Unter Melkbarkeit versteht man die Eigenschaft einer Kuh, die Milch bei sachgemäßem Melken schnell, gleichmäßig und vollständig abzugeben (Graff, 2005) und wird von Rovai et al. (2007) als Anpassung und Leistung an das maschinelle Melken definiert. Melkbarkeitseigenschaften sind leistungsrelevante und damit sehr wichtige Charakteristika von Milchkühen. Eine Verkürzung der einzelnen Melkzeit kann die Gesamtarbeitszeit beim Melkvorgang verkürzen, welche einen erheblichen (Kosten-)Aufwand in der Milchproduktion darstellt (Cecchinato et al., 2007), bzw. eine höhere Auslastung des AMS bedeutet.

Für die Einschätzung der Melkbarkeit werden beim Melken Mengen-, Zeit- und Flussparameter des Milchentzuges erhoben. Markante Mengen-Kenngrößen sind das maschinelle Gesamtgemelk, das maschinelle Hauptgemelk und das maschinelle Nachgemelk, welche jeweils in Kilogramm (kg) Milch angegeben werden. Zeitkenngrößen, angegeben in Minuten (min), sind die Dauer des maschinellen Hauptgemelks und dessen einzelne Phasen sowie die Dauer des maschinellen Blindgemelks. Flusskenngrößen, angegeben in kg Milch pro Minute, sind der höchste Milchfluss (HMF), der den maximalen Milchfluss innerhalb des maschinellen Hauptgemelks markiert und das durchschnittliche Minutenhauptgemelk (DMHG), das die durchschnittliche Milchmenge während des maschinellen Hauptgemelks beschreibt. Zur Veranschaulichung können diese Daten in Form

von Milchflusskurven dargestellt werden, die im Wesentlichen aus Haupt-, Blind- und Nachmelk bestehen und typische Formen annehmen können.

Die Milchflussgeschwindigkeit ist abhängig von der Weite und dem Spannungszustand der Zitzenöffnung (Zitzenkanal) sowie von der Nachflussgeschwindigkeit der Milch aus den höheren, im Bereich des Drüsenkörpers gelegenen Abschnitten des Gangsystems in die Zitzenzisterne (Winter, 2008). Eine hohe Melkbarkeit hilft in arbeitswirtschaftlicher Hinsicht, den Durchsatz am Melkstand zu erhöhen. Der mit einem hohen maximalen Milchfluss korrelierte weite Strichkanal und ein schwacher Zitzenschließmuskel erleichtern allerdings den Eintritt von pathogenen Keimen (Dodenhoff et al., 1999; Blowey & Edmondson, 2000). Dadurch haben schnell melkende Kühe möglicherweise eine größere Anfälligkeit für Mastitis (Zwald et al., 2005). Rupp und Boichard (1999) fanden zwar heraus, dass gute Melkbarkeit positiv mit einer erhöhten Zellzahl korreliert, konnten dies jedoch nicht mit einem vermehrten Auftreten von Mastitiden in Verbindung bringen.

Scholz et al. (2001b) fanden für Deutsche Holsteins ein deutlich höheres durchschnittliches Minutengemelk (2,06 kg/min) und einen höheren maximalen Milchfluss (4,47 kg/min) als für Fleckvieh (1,54 kg/min bzw. 3,57 kg/min). Trotz signifikant höherer Tagesgemelke lag die durchschnittliche Melkdauer bei den Deutschen Holsteins mit 4,4 Minuten deutlich unter der des Fleckviehs (5 Minuten). Diese Angaben wurden von Schichtl (2007) bestätigt. Anzumerken bleibt, dass die Melkdauer der Vorderviertel beider Rassen keinen signifikanten Unterschied aufwies. Die verlängerte Melkdauer des Fleckviehs ergab sich aus der nennenswert längeren Melkzeit der Hinterviertel. Kühe der Rasse Deutsche Holsteins verfügen somit über eine gleichmäßigere Euterausprägung als Fleckvieh-Kühe. Im Versuchszeitraum von 2004 - 2007 hatten in bayerischen MLP-Betrieben Holsteins mit durchschnittlich 2,24 kg Milch/min ein deutlich höheres Minutengemelk als das Fleckvieh mit 1,88 kg/min (LKV-Bayern, 2005 - 2008). Entsprechend höher war der maximale Milchfluss (siehe Tabelle 4). Die Melkdauer war bei den Holsteins im bayerischen Durchschnitt jedoch länger als beim Fleckvieh (siehe Tabelle 5).

Tabelle 4: *Durchschnittlich höchster Milchfluss und durchschnittliches Minutengemelk ausgesuchter Rassen von MLP-Kühen in Bayern (LKV-Bayern, 2005 - 2008)*

	Höchster Milchfluss in kg/min					Ø Minutenhauptgemelk in kg/min				
	2004	2005	2006	2007	Durchschnitt	2004	2005	2006	2007	Durchschnitt
Fleckvieh	2,79	2,83	2,86	2,90	2,85	1,85	1,86	1,88	1,91	1,88
Braunvieh	3,18	3,21	3,24	3,24	3,22	2,09	2,10	2,11	2,12	2,11
Deutsch Holstein	3,44	3,43	3,44	3,46	3,44	2,23	2,23	2,23	2,25	2,24
Jersey	2,62	2,71	2,82	2,95	2,78	1,73	1,78	1,85	1,88	1,81

Ø = Durchschnitt

Für F₁-Kreuzungstiere der Rassen Deutsche Holsteins x Deutschem Fleckvieh berichtete Schichtl (2007) über eine Heterosis bei der Melkdauer von 6,3 % und beim durchschnittlichen Milchfluss von -1,0 %.

Tabelle 5: *Durchschnittliche Hauptgemelksdauer und durchschnittliche Hauptgemelksmenge ausgesuchter Rassen von MLP-Kühen in Bayern (LKV-Bayern, 2005 - 2008)*

	Ø Hauptgemelksdauer in min					Ø Hauptgemelksmenge in kg				
	2004	2005	2006	2007	Durchschnitt	2004	2005	2006	2007	Durchschnitt
Fleckvieh	6,11	6,16	6,18	6,26	6,18	11,29	11,49	11,65	11,95	11,60
Braunvieh	5,71	5,67	5,68	5,70	5,69	11,89	11,91	11,97	12,03	11,95
Deutsche Holsteins	6,15	6,23	6,29	6,33	6,25	13,49	13,66	13,79	13,99	13,73
Jersey	5,82	5,72	5,63	5,65	5,71	9,93	10,15	10,44	10,70	10,31

Ø = Durchschnitt

Walsh et al. (2007) fanden bei Montbéliardes x Holsteins und Normandes x Holsteins keine Heterosis für die Melkdauer und den maximalen Milchfluss, jedoch 6,5 % bzw. 8,0 % für den durchschnittlichen Milchfluss. Auch Prendiville et al. (2010) beschrieben für F₁-Kreuzungen von Holsteins x Jerseys eine ähnliche Melkdauer wie bei den Elterntieren und eine Heterosis beim maximalen Milchfluss von 10,3 %. Für den durchschnittlichen Milchfluss wurde eine Heterosis von 7,9 % angegeben.

2.3. MilCHFett

Milchfett ist die traditionelle Bezeichnung für die in der Milch enthaltenen Lipide. Es kommt in Form von kleinsten Fettkügelchen (0,1 µm - 15 µm Durchmesser) im Milchplasma von roher Milch vor und bildet die emulgierte Phase der Milch. Als Substanz biologischen Ursprungs ist das Milchfett ein komplexes Gemisch aus mehreren Lipidkomponenten, wobei die Lipidklasse der Triacylglyceride mit 97 % - 99 % den überwiegenden Anteil darstellt (Töpel, 2004).

In der Milchdrüse findet eine intensive Fettsynthese statt. Das Milchfett wird zunächst in Form kleiner Lipovesikel im endoplasmatischen Reticulum gebildet.

Auf ihrem Weg zu den apikalen Zellabschnitten nehmen diese durch Fusion mit größeren Fetttröpfchen an Größe zu und werden schließlich nach kuppelförmiger Vorwölbung der Plasmamembran durch Abschnürung in die Alveolen abgegeben. Die Milchfettkonzentration und -zusammensetzung können bei der Kuh in Abhängigkeit von der Zusammensetzung der Futtermittel, der Rasse, dem Laktationsstadium, der Laktationszahl, dem Gesundheitszustand und der Jahreszeit variieren. Was die Futtermittel und die Fütterung betrifft, so sind die wichtigsten Einflussfaktoren die Menge und die Art des Raufutters, das Raufutter/Krafftutter-Verhältnis, die Zusammensetzung der Kohlenhydrate, der Anteil an Lipiden, die Höhe des Futtermittelverzehr und die Häufigkeit der Futtermittelaufnahme (Engelhardt & Breves, 2005).

Physiologisch nimmt bei einer Kuh der Fettgehalt der Milch bis zur zweiten Laktation zu und ab der dritten Laktation im Mittel um 0,02 % - 0,04 % pro Folgelaktation ab (Kielwein, 1994). Im Laktationsverlauf steigt der Fettgehalt in der Milch. Der zu Laktationsbeginn deutlich erhöhte Fettgehalt der Milch sinkt mit dem Ansteigen der Milchleistung ab und erreicht mit Ende des zweiten Laktationsmonats seinen Tiefpunkt. Bis zu diesem Zeitpunkt ist die Fettgehaltskurve rückläufig, um daraufhin mit dem Abfall der Milchleistung wieder anzusteigen. Den höchsten Milchfettgehalt besitzt die Kuh in der Spätlaktation. Die durch das Laktationsstadium bedingten Schwankungen des Milchfettgehaltes sollten nicht mehr als 0,5 % betragen. Auch während des Melkprozesses unterliegt der Milchfettgehalt Schwankungen. Zum Anfang des Melkvorgangs ist die Milch fettärmer und im weiteren Verlauf steigt der Fettgehalt der Milch kontinuierlich an. Werden die Kühe zu ungleichen Zeitintervallen gemolken, wird der niedrigere Fettgehalt beim längeren Intervall gefunden, bei dem auch die Milchmenge am höchsten ist (Rossow & Richardt, 2003). Kühe, die dreimal täglich gemolken werden, weisen einen geringeren prozentualen Milchfettgehalt auf als Tiere, die zweimal pro Tag gemolken werden (Amos et al., 1985; Barnes et al., 1990), die wiederum einen niedrigeren Gehalt zeigen als nur einmal täglich gemolkene. Durch eine verminderte Milchmengenleistung im Vergleich zum zweimaligen Melken liegt die sezernierte Gesamtfettmenge beim einmaligen Melken jedoch um 12 % niedriger (Lacy-Hulbert et al., 1999). Auch die Entzungsmethode hat Einfluss auf den Milchfettgehalt. Differenzen zwischen den Rassen FV und DH im Fettgehalt sind im Melkroboter geringer als im Melkstand. Der Fettgehalt beträgt für DH annä-

hernd 4 % (3,99 % im Melkstand, 3,97 % im Melkroboter) und für FV 3,61 % im Melkstand bzw. 3,87 % im Melkroboter (Scholz et al., 2001a). Wirtz et al. (2003) verglichen den Milchfettgehalt einer AMS-Herde über mehr als zwei Jahre mit dem einer unter gleichen Bedingungen gehaltenen konventionell gemolkene Kontrollherde, beobachteten aber durchweg einen geringeren Fettgehalt in der AMS-Gruppe.

Tabelle 6: 305-Tage-Fettleistung ausgewählter Rassen in Bayern (LKV-Bayern, 2005 - 2008) und der BRD (ADR, 2005 - 2008)

		Fett in kg					Fett in %				
		2004	2005	2006	2007	Durchschnitt	2004	2005	2006	2007	Durchschnitt
Bayern	Fleckvieh	262,3	263,4	267,8	273,0	266,6	4,16	4,14	4,14	4,10	4,14
	Braunvieh	279,7	280,3	282,9	283,3	281,6	4,19	4,17	4,18	4,13	4,17
	Deutsch Holstein	317,4	317,3	320,2	322,3	319,3	4,15	4,11	4,10	4,05	4,10
	Jersey	311,9	308,7	311,6	315,1	311,8	5,37	5,44	5,31	5,29	5,35
	Ø aller Rassen	268,9	269,8	273,9	278,3	272,7	4,16	4,14	4,14	4,10	4,14
BRD	Fleckvieh	256,0	263,0	267,0	272,0	264,5	4,13	4,13	4,13	4,09	4,12
	Braunvieh	276,0	281,0	282,0	283,0	280,5	4,19	4,18	4,18	4,14	4,17
	Deutsch Holstein	328,0	335,0	341,0	344,0	337,0	4,11	4,11	4,06	4,05	4,08
	Jersey	304,0	309,0	322,0	327,0	315,5	5,76	5,78	5,73	5,69	5,74
	Ø aller Rassen	302,0	310,0	314,0	318,0	311,0	4,13	4,13	4,10	4,08	4,11

Ø = Durchschnitt

Natürlich beeinflusst auch die Rasse und somit genetische Faktoren den Milchfettgehalt. Nach den Daten des LKV-Bayern (Tabelle 6) lag der Milchfettgehalt für ausgewählte Rassen bei der 305-Tage-Leistung in den Jahren 2004 bis 2007 durchschnittlich bei 4,10 % - 5,35 % und die Fettmenge bei 266,6 kg - 319,3 kg Fett. Darüber hinaus ist der Milchfettgehalt negativ mit der Milchmengenleistung korreliert und sinkt bei Eutererkrankungen (Martin et al., 2006).

Die Kreuzung von Milchrassen hat zum Ziel, positive Eigenschaften der Elternrassen auf die Nachkommen zu übertragen oder diese sogar zu übertreffen. Nach Montgomerie (2002) ist dies eine einfache Methode, um beispielsweise den Gehalt an Inhaltsstoffen anzuheben. Wegen ihrer überragenden Milchmengenleistung sind die Holsteins in der Regel eine der Kreuzungsrassen. Die meisten anderen Kreuzungsrassen sind den Holsteins jedoch bei den Milchinhaltsstoffen überlegen. Beispielsweise können durch gezielte Paarung von Holsteins x Jerseys oder Holsteins x Brown Swiss höhere Gehalte an Fett und Eiweiß in der Milch der F₁-Generation erzielt werden. Die erbrachte Leistung wird beim Merkmal Fett in kg pro Laktation bzw. Jahr gemessen, also dem Produkt aus dem Milchfettgehalt mal

der Milchmengenleistung. Nach McAllister (2002) kann die Heterosis für die Lebensleistung der Fettmenge von Kreuzungstieren sogar 20 % erreichen. Dadurch können diese Kreuzungen wirtschaftlicher sein als reine Holsteins, wenn der Markt die Inhaltsstoffe entsprechend honoriert (VanRaden & Sanders, 2003).

Kreuzungen von Holsteins x Ayrshires haben nach Montgomerie (2002) bei der Milchfettmenge eine Heterosis von 1,8 %, Holsteins x Jerseys sogar 4,3 %. Van Raden und Sanders (2003) fanden bezüglich der Milchfettmenge eine Heterosis von 2,7 % für Holsteins x Ayrshires, 6,6 % für Holsteins x Jerseys und eine Heterosis von 4,4 % als Durchschnittswert aller von ihnen untersuchten Kreuzungen.

Für Kreuzungen von Pinzgauern x Fleckvieh fanden Buchberger et al. (1986) einen höheren Fettgehalt als bei reinem Fleckvieh und errechneten eine Heterosis von 3 %. Für Red-Holsteins x Fleckvieh gaben sie im Vergleich zum reinen FV einen niedrigeren Fettgehalt an. In der Fettmengenleistung waren beide Kreuzungen dem reinrassigen Fleckvieh jedoch teils deutlich überlegen.

In der Arbeit von Schichtl (2007) wiesen Kreuzungen von DH x FV den gleichen oder sogar höhere Milchfettgehalte auf als die reinrassigen Fleckvieh-Tiere. Sie fand für den Milchfettgehalt bei Holsteins x Fleckvieh eine Heterosis von 2,7 % und für die Fettmenge eine Heterosis von 7,1 %. Die Milch der reinen Holsteins wies zwar signifikant niedrigere Fettgehalte auf als die der Kreuzungen, die Fettmengen unterschieden sich aber nicht. Auch Heins et al. (2008) gaben für reine Holsteins niedrigere Fettgehalte an als für die untersuchten Jersey x Holstein - Kreuzungen. Bei den Fettmengenleistungen gab es ebenfalls keine Unterschiede zwischen Kreuzungstieren und reinen Holsteins, was nach Autorenangaben auch mit den Ergebnissen von Ahlborn-Breier und Hohenboken (1991) übereinstimmte.

Lopez-Villalobos und Garrick (2002) errechneten für verschiedene Heterosis-Szenarien die Leistung von Kreuzungsherden. Die Daten bezogen sich auf Holsteins mit 3.770 l Milch- und 165 kg Fettjahresleistung und Jerseys mit 2.768 l Milch- und 160 kg Fettjahresleistung. Ohne Berücksichtigung der Heterosis kam er sowohl für die F₁-Generation als auch für die folgenden Generationen einer Rotationskreuzung auf eine Fettjahresleistung von 162 kg bei 3.269 l Milch. Mit einem angenommenen Heterosiseffekt von 4,5 % für Fett errechnete er für die F₁-Generation 169 kg Fettjahresleistung bei 3.396 l Milch und für die folgenden Ge-

nerationen einer Rotationskreuzung noch 167 kg Fettjahresleistung bei 3.354 l Milch. Somit erzielten Kreuzungsherden leicht höhere Fettmengen als reine Holsteinherden.

McDowell et al. (1996) fanden bei Kreuzungen zwischen Jerseys x Holsteins eine Steigerung des Fettgehaltes in der F₁-Generation gegenüber beiden Elternrassen. In den jeweiligen Rückkreuzungsgenerationen mit 75 % Jersey-Anteil bzw. 75 % Holstein-Anteil fiel der Fettgehalt jedoch wieder ab. Die R₁-Generation von Gir x (Holsteins x Gir) wurden bei Barbosa et al. (2008) als der F₁-Generation sowohl in der Fettleistung als auch beim Fettgehalt als unterlegen beschrieben. Swalve et al. (2008) untersuchten einen Praxisbetrieb mit Kreuzungstieren von Holsteins x Schwedischen Rotbunten. In der ersten Laktation waren die R₁-Tiere (Holsteins x (Schwedische Rotbunte x Holsteins)) der F₁-Generation (Schwedische Rotbunte x Holsteins) in puncto Fettgehalt aber nicht in der Fettleistung überlegen, was auf die höhere Milchleistung der F₁-Generation zurückzuführen war. Die F₁-Generation steigerte sich in der zweiten Laktation stärker und hatte daraufhin auch einen höheren Fettgehalt als die R₁-Generation. Alle genannten Vergleichswerte unterschieden sich jedoch nicht signifikant voneinander. Die reinrassigen Holsteins hatten in der ersten Laktation teils signifikant niedrigere Fettgehalte und -mengen. Durch eine hohe Milchleistung in der zweiten Laktation kamen sie jedoch mit einem höheren Fettgehalt auch zu einer höheren Fettmenge, die sich zumindest von der R₁-Generation signifikant unterschied.

2.4. Milcheiweiß

Als Milcheiweiß wird die Summe aller kolloidal gelösten Stickstoffverbindungen in der Milch bezeichnet. Es entsteht aus Aminosäuren, die durch das Blutplasma ins Euter gelangen. Die Nicht-Protein-Stickstoff-Verbindungen (NPN), wie z.B. Harnstoff, werden nicht zum Milcheiweiß gezählt und nach folgender Formel vom Reinprotein unterschieden: Rohprotein = Reinprotein + NPN.

Das Gesamtprotein der Kuhmilch (physiologische Referenz: 2,9 % - 4,4 %) besteht zu etwa 80 % aus den vier Hauptkaseinfraktionen α_{s1} -, α_{s2} -, β - und κ -Kasein und zu etwa 20 % aus Molkenproteinen wie α -Lactalbumin, β -Lactoglobulin, Serumalbumin und diversen Immunglobulinen (Kielwein, 1994; Krömker, 2006). Es wird in den Ribosomen des rauen endoplasmatischen Retikulums aufgebaut. Die dazu benötigten Aminosäuren werden überwiegend mikrobiell im Pansen gebildet

und teilweise in den Alveolarzellen selbst synthetisiert, können darüber hinaus aber auch direkt oder umgebaut aus den Futterproteinen entnommen werden. Nach der Weitergabe in das Zytoplasma findet die Synthese im Golgiapparat statt, bevor anschließend die in Vesikeln verpackten Proteine apikal in das Alveolarlumen sezerniert werden (Kielwein, 1994).

Ebenso wie das Milchfett wird bei der Kuh die Konzentration der Milchproteine durch das Laktationsstadium, die Rasse, die Futtermittelration, die Haltung und den Gesundheitszustand beeinflusst (Rossow & Richardt, 2003; Engelhardt & Breves, 2005).

Beim Futter beeinflusst in erster Linie die Energieaufnahme die Proteinkonzentration in der Milch. Eine nicht bedarfsgerechte Energieversorgung führt zu einem Abfall der Proteinkonzentration (Engelhardt & Breves, 2005). Energieexzessiv versorgte Kühe produzieren signifikant mehr Eiweiß als energierestriktiv gefütterte, wobei unterschiedliche Zusammensetzung auch unterschiedliche Einflüsse auf den Milcheiweißgehalt haben. Vor allem bei einem ausreichend hohen Angebot an leicht verdaulichen Kohlenhydraten erhöht sich der Milcheiweißgehalt dank der ausreichenden Verfügbarkeit von Kohlenstoffskeletten und Energie in Form von ATP als Voraussetzung für die mikrobielle Proteinsynthese. Fettreiche Fütterung kann dagegen zu einer Senkung des Eiweißgehaltes führen, da ihre Energie mikrobiell nicht verwertet werden kann. Strukturwirksame Rohfaser erhöht zwar den Milchfett-, senkt aber den Milcheiweißgehalt, da eine Energieverdünnung der Gesamtration entstanden ist (Rossow & Richardt, 2003).

Sofern der Bedarf an Futterproteinen gedeckt ist, haben diese nur einen geringen Einfluss auf den Eiweißgehalt der Milch. Eine ausreichende Energieversorgung vorausgesetzt, kann eine Erhöhung des Proteinangebotes um 1 % den Milchproteingehalt um ca. 0,02 Einheiten steigern bzw. das Fett-Protein-Verhältnis in der Milch senken. Als Indikator für die Relation zwischen Proteinangebot und Energieversorgung dient die Harnstoffkonzentration. Zwischen Eiweißmenge und Harnstoffgehalt besteht ein positiver Zusammenhang. Bei einem Anstieg der Eiweißmenge um 100g erhöht sich der Harnstoffgehalt um 3 mg/l - 4 mg/l (Rossow & Richardt, 2003).

Der Eiweißgehalt der Milch steigt bis zur zweiten Laktation an und fällt dann im Mittel um 0,02 % - 0,03 % pro Laktation ab (Kielwein, 1994). Laktationsbedingte Schwankungen des Milcheiweißgehaltes liegen zwischen 3,0 % und 3,8 %. Zum

Laktationsbeginn und -ende ist der Milchproteingehalt in der Milch am höchsten. Im Kolostrum ist der Proteingehalt durch den hohen Anteil an Immunglobulinen besonders groß. Hohe Eiweißgehalte zu Laktationsbeginn (Frischmelker) sind aber auch Ausdruck eines Energiemangels und sprechen für eine intensive Mobilisation von Körperproteinreserven. Dieser vorübergehende Anstieg wird in der Phase der negativen Energiebilanz durch einen deutlichen Abfall des Milcheiweißgehaltes abgelöst, der zum Zeitpunkt der Laktationsspitze (Gipfelmilch) seinen niedrigsten Wert aufweist (Grabowski, 2000; Rossow & Richardt, 2003). Fürst (2005) stellte einen leicht fallenden Eiweißgehalt bei steigender Milchleistung fest. Trotz der geringen negativen Korrelation dieser beiden Merkmale stieg die Eiweißmenge an, was in erster Linie auf die Steigerung der Milchmenge zurückzuführen war. Der Proteingehalt im Anfangsgemelk ist signifikant höher als im Nachgemelk (Bansal et al., 2005). Linzell und Peaker (1971) sehen als Ursache den durch den Oxytocineinfluss während des Melkens steigenden Natriumstrom in die Alveolarzellen. Die Zwischenmelkzeit beeinflusst den Proteingehalt kaum. Erst nach Intervallen über 18 Stunden stellten Wangler und Schimke (2001) einen signifikanten Anstieg um 0,2 Prozentpunkte fest. In der Milch einmal täglich gemolkener Kühe ist der Proteinanteil höher als in der Vergleichsmilch von Kühen, die zweimal pro Tag gemolken werden. Aufgrund der geringeren Milchmengenleistung ist die produzierte Gesamtproteinmenge jedoch um 8 % geringer (Lacy-Hulbert et al., 1999).

Wirtz et. al (2003) und Shoshani und Chaffer (2002) konnten keinen signifikanten Unterschied im Milchproteingehalt automatisch und konventionell gemolkener Kühe beobachten. Im Gegensatz dazu fanden Scholz et al. (2001a) signifikant höhere Milcheiweißgehalte bei automatisch gemolkenen FV und DH als im konventionellen Tandem-Melkstand.

Ebenso beeinflussen auch die Rasse und somit genetische Faktoren den Milcheiweißgehalt. Nach den Daten des LKV-Bayern und des ADR (Tabelle 7) lag der Milcheiweißgehalt für ausgewählte Rassen bei der 305-Tage-Leistung in den Jahren 2004 bis 2007 in Bayern durchschnittlich bei 3,34 % - 3,88 % und die Eiweißmenge bei 225,0 kg - 261,1 kg Eiweiß.

Wie bereits erwähnt, sind Holsteins den meisten anderen Rassen beim Gehalt an Milchinhaltsstoffen unterlegen. Durch die wesentlich höhere Milchmengenleistung können sie dies in der Mengenzahlung in der Regel zumindest ausgleichen.

Kreuzungen von Holsteins x Ayrshires haben laut Montgomerie (2002) bei der Milcheiweißmenge eine Heterosis von 1,9 %, Holsteins x Jerseys sogar 4,2 %. Wie schon für das Milchfett fanden Van Raden und Sanders (2003) höhere Heterosiswerte für Holsteins x Ayrshires (2,9 %) und Holsteins x Jerseys (7,2 %). Als Durchschnittswert aller von ihnen untersuchten Kreuzungen gaben sie eine Heterosis von 4,1 % an. Für die Eiweißlebensleistung gab McAllister (2002) sogar eine Heterosis von 17,2 % an.

Tabelle 7: 305-Tage-Eiweißleistung ausgewählter Rassen in Bayern (LKV-Bayern, 2005 - 2008) und der BRD (ADR, 2005 - 2008)

		Eiweiß in kg					Eiweiß in %				
		2004	2005	2006	2007	Durchschnitt	2004	2005	2006	2007	Durchschnitt
Bayern	Fleckvieh	221,6	222,4	225,3	230,8	225,0	3,50	3,48	3,47	3,46	3,48
	Braunvieh	237,6	238,4	240,0	242,3	239,6	3,55	3,54	3,53	3,53	3,54
	Deutsch Holstein	258,8	259,3	261,4	264,8	261,1	3,36	3,34	3,33	3,31	3,34
	Jersey	229,6	223,4	228,8	230,3	228,0	3,93	3,90	3,86	3,82	3,88
	Ø aller Rassen	226,6	227,4	230,1	235,0	229,8	3,50	3,48	3,47	3,45	3,48
BRD	Fleckvieh	216,0	221,0	224,0	229,0	222,5	3,49	3,48	3,46	3,45	3,47
	Braunvieh	234,0	238,0	239,0	241,0	238,0	3,55	3,55	3,54	3,53	3,54
	Deutsch Holstein	269,0	275,0	282,0	284,0	277,5	3,37	3,37	3,36	3,34	3,36
	Jersey	213,0	216,0	226,0	229,0	221,0	4,04	4,03	4,03	3,99	4,02
	Ø aller Rassen	249,0	255,0	260,0	263,0	256,8	3,41	3,40	3,39	3,38	3,40

Ø = Durchschnitt

Für Kreuzungen von Fleckvieh x Red-Holsteins gaben Buchberger et al. (1986) niedrigere Eiweißgehalte als für reinrassiges Fleckvieh. Bei der Eiweißmenge waren die Kreuzungen aufgrund der höheren Milchleistung überlegen. Durch die Arbeit von Schichtl (2007) konnten diese Ergebnisse für Kreuzungen von DH x FV bestätigt werden. Sie gab für den Milcheiweißgehalt eine Heterosis von 2,1 % an und für die Eiweißmenge eine Heterosis von 6,4 %. Obwohl die Holsteins signifikant niedrigere Eiweißgehalte aufwiesen als alle anderen Genotypen, erreichten sie signifikant höhere Eiweißmengen als das FV, blieben jedoch hinter den F₁-Kreuzungen zurück. Auch Heins et al. (2008) fanden für Holsteins niedrigere Eiweißgehalte als bei Jersey x Holstein - Kreuzungen. Im Gegensatz zu Schichtl (2007) konnte er aber für die reinen Holsteins signifikant höhere Eiweißmengen nachweisen als für die Jersey x Holstein - Kreuzungen und sah sich durch die Arbeit von Lesmeister et al. (2000) bestätigt.

Für verschiedene Heterosis-Szenarien errechneten Lopez-Villalobos und Garrick (2002) die Leistung von Kreuzungsherden. Die Daten bezogen sich auf Holsteins

mit 3770 l Milch- und 131 kg Eiweißjahresleistung und Jerseys mit 2768 l Milch- und 112 kg Eiweißjahresleistung. Ohne Berücksichtigung der Heterosis kam er sowohl für die F₁-Generation als auch für die folgenden Generationen einer Rotationskreuzung auf eine Eiweißjahresleistung von 122 kg bei 3269 l Milch. Mit einem angenommenen Heterosiseffekt von 4,0 % für Eiweiß errechnete er für die F₁-Generation 126 kg Eiweißjahresleistung bei 3396 l Milch und für die folgenden Generationen einer Rotationskreuzung noch 125 kg Eiweißjahresleistung bei 3354 l Milch. Kreuzungsherden erzielten somit aufgrund der geringeren Milchmengen-Laktationsleistung geringfügig niedrigere Eiweißmengen als reine Holstein-Herden.

Swalve et al. (2008) untersuchten einen Praxisbetrieb mit Kreuzungstieren von Holsteins x Schwedischen Rotbunten. In der ersten Laktation war die F₁-Generation (Schwedische Rotbunte x Holsteins) den R₁-Tieren (Holsteins x (Schwedische Rotbunte x Holsteins)) in Bezug auf Eiweißgehalt und Eiweißmenge überlegen. Die R₁-Generation hatte zwar in der zweiten Laktation einen höheren Eiweißgehalt als die F₁-Generation, aber aufgrund der niedrigeren Milchleistung eine geringere Eiweißmenge. Keine dieser Werte unterschieden sich jedoch signifikant. Die reinrassigen Holsteins hatten in der ersten Laktation niedrigere Eiweißgehalte und teils gleiche, teils signifikant niedrigere Eiweißmengen als die F₁- bzw. die R₁-Generation. In der zweiten Laktation kamen sie trotz mitunter signifikant niedrigerer Eiweißgehalte auf signifikant höhere Eiweißmengen als die F₁- und die R₁-Generation.

2.5. Leitfähigkeit

Die elektrische Leitfähigkeit einer Flüssigkeit beschreibt die Konzentration, die Beweglichkeit und die Art der in ihr in dissoziierter Form enthaltenen Ionen. In Flüssigkeiten liegen gelöste Salze als Ionen vor, die Strom leiten können. Je höher die Konzentration und die Beweglichkeit der Ionen in einer Flüssigkeit ist, desto höher ist ihre elektrische Leitfähigkeit. Zum Vergleich verschiedener Elektrolytlösungen verwendet man die spezifische Leitfähigkeit c , definiert als Siemens ($1 \text{ S} = 1 \text{ A}/1 \text{ V}$) pro Zentimeter (S/cm), was dem reziproken Wert des spezifischen Widerstandes s entspricht (Hamann et al., 1998). Im Folgenden wird für die elektrische Leitfähigkeit auf den Zusatz „spezifisch“ in Anlehnung an die Literatur verzichtet und die Abkürzung LF verwendet.

Die LF der Milch wird hauptsächlich von den in ihr gelösten anorganischen Salzen bestimmt. Allein Natrium-, Kalium- und Chlorid-Ionen machen 60 Prozent der Höhe der LF aus (Schulz & Sydow, 1957). Auch die Temperatur und der Fettgehalt der Milch ist zu berücksichtigen (Schöne, 1993). Das Milchfett reduziert das Volumen des leitfähigen Mediums (Verdünnungseffekt) und führt zu einer Verlängerung der von den Ionen zu passierenden Distanz (Prentice, 1962). Eine Zunahme des Fettgehaltes verursacht daher eine Verringerung der LF der Milch. Durch andere Faktoren wie Laktationsstadium, Laktationsnummer, Laktationsstand, Umwelteinfluss und Rasse besteht ein Herdeneinfluss, der allerdings rechnerisch korrigierbar ist und somit die Interpretation der Ergebnisse nicht nachhaltig behindert (Hamann & Zeconi, 1998).

Der Referenzbereich von Milch gesunder Euterviertel liegt bei 25 °C im Bereich von 4,8 mS/cm und 6,2 mS/cm (Hamann & Fehlings, 2002). Die Zellen des intakten einschichtigen Drüsenepithels sind untereinander durch tight junctions verbunden, welche die Blut-Euter-Schranke darstellen und entscheidend für die gegenüber dem Blut isoosmotische Milch sind. Bei Mastitiden verlieren die tight junctions ihre Dichtigkeit (Krömker, 2006). Natrium- und Chlorid-Ionen, deren Konzentration in der Homöostase im Blut höher als in der Milch sind, gelangen vermehrt in die Milch, während sich Kalium-Ionen und Laktose umgekehrt verhalten. Die aktiven Transportprozesse an den Drüsenepithelien zur Ausschleusung von Natrium-Ionen bei gleichzeitiger Erhaltung der Kalium-Ionenkonzentration werden ebenfalls beeinträchtigt. Dem Organismus gelingt es im Falle einer Mastitis nicht, die physiologischen Konzentrationsverhältnisse aufrecht zu erhalten. Die elektrische Leitfähigkeit nimmt zu. Dennoch wird die durch Mastitis bedingte Erhöhung der Leitfähigkeit als gering angesehen, da auch physiologische Regelmechanismen zur Aufrechterhaltung des osmotischen Gleichgewichtes in der Milch zu großen Schwankungen des Natrium- und Chloridgehaltes führen können. Krömker (2006) sieht jedoch bei Unterschieden der LF von mehr als 15 % zwischen den einzelnen Vierteln einer Drüse sowie bei absoluten Werten über 6,5 mS/cm deutliche Hinweise auf ein Entzündungsgeschehen.

Im Einsatz von automatischen Melksystemen sind die LF-Werte durch die ständige Erfassung bereits im Stall für jedes Euterviertel verfügbar und können als orientierende Information für eine Veränderung der Milchqualität, vor allem beim Zellgehalt, genutzt werden (Barth & Graupner, 1999), da diese leicht positiv mit

dem Zellgehalt korrelieren. Hierbei dient in besonderem Maße die Relation der Werte der einzelnen Euterviertel einer Kuh als Hinweis auf ein Krankheitsgeschehen (Grabowski, 2000). Beim Fleckvieh besteht eine Differenz in der LF zwischen Vorder- und Hinterviertel, die sich mit längeren Melkzeiten signifikant erhöhen. Ursache hierfür könnte ein verminderter Fettgehalt der Milch aus den Hintervierteln sein, welche beim FV mehr Milch liefern als die Vorderviertel. Die Aussagefähigkeit von Leitfähigkeitsänderungen als Parameter zur Beurteilung der Eutergesundheit ist jedoch eingeschränkt. Sie kann ein Indikator für eine Veränderung der Milchqualität sein, stellt aber keine Garantie für die automatische Erkennung von sinnfällig veränderter Milch oder anderer Milch- und Euterabnormalitäten dar (Scholz et al., 2001a). Schwarzer (2000) konnte lediglich 87,7 % der klinisch manifesten Mastitisfälle durch eine von der Norm abweichende LF verifizieren. Erhöhte Zellgehaltswerte (>100.000 Zellen/ml Milch) wurden sogar nur in weniger als 25 Prozent der Fälle über eine veränderte LF festgestellt. Die Interpretation der LF muss also vorsichtig vorgenommen werden und kann eine visuelle Überprüfung des Vorgemelks nicht ersetzen.

2.6. Zellgehalt

Unter dem Zellgehalt der Milch wird ihr Gehalt an somatischen Zellen (somatic cell count, SCC) verstanden. Bei den somatischen Zellen in der Milch handelt es sich im Wesentlichen um polymorph kernige Leukozyten, Makrophagen, Lymphozyten, Plasmazellen und Epithelzellen (Kielwein, 1994; Hoedemaker et al., 2006b). Die Leukozyten gehören zusammen mit den übrigen korpuskulären Elementen des Blutes zum Bindegewebe und stellen die Immunantwort des Euters auf eine endo- oder exogene Noxe dar. Auslöser für eine Immunantwort ist meist ein pathogener Keim oder ein Trauma. Über die körpereigenen Abwehrmechanismen kommt es an der Invasions- bzw. Verletzungsstelle zu einer Ausschüttung von Chemotaxinen und Zytokinen. Sie bewirken die Chemotaxis, Migration und Aktivierung von Leukozyten aus dem Blutstrom und peripheren Gewebe in diesen Bereich des Eutergewebes. Je nach individuellem Immunstatus führt dies zu einer mehr oder weniger starken Entzündungsreaktion, die die Erhöhung der somatischen Zellen in der Milch zur Folge hat. Der Zellgehalt gilt als der wichtigste Indikator einer Euterentzündung und wird zur Beurteilung der Eutergesundheit und der Milchqualität herangezogen. Der physiologische Zellgehalt wird von Krömker

(2006) mit 20.000 - 50.000 Zellen pro ml Milch angegeben. Bei bis zu 100.000 Zellen/ml Milch wird das entsprechende Viertel als "eutergesund" eingestuft. Eine Ausnahme bei Einsetzen der Laktation ist das immunglobulinreiche Kolostrum, das beim gesunden Euter einen physiologischen Zellgehalt von über 1.000.000 Zellen/ml Milch aufweisen kann (Rossow & Richardt, 2003). Im Rahmen einer medizinischen Bewertung spricht man ab 100.000 Zellen/ml Milch von einer subklinischen Mastitis, die das gesunde Euter respektive Euterviertel von einem Kranken unterscheidet. Bei einer Mastitis kommt es zu einem deutlichen Anstieg des Zellgehaltes in der Milch und kann einige Hunderttausend bis zu mehreren Millionen Zellen/ml Milch erreichen (Hoedemaker et al., 2006b; Krömker, 2006). Um die Eutergesundheit des Einzeltieres bzw. der Herde besser einschätzen und leichter berechnen zu können, hat es sich bei der tierärztlichen Herdenbetreuung bewährt, die Zellzahlen in eine lineare Form, den somatic cell score (SCS), zu überführen (Kielwein, 1994). Dazu werden die Zellzahlen wegen ihrer exponentiellen Verteilung in eine logarithmische Skala eingeordnet und nach der Formel:

$$SCS = \log^2 \times \left(\frac{\text{Zellzahl}}{100.000} \right) + 3$$

in den linearen und damit normalverteilten SCS umgerechnet (siehe Tabelle 8).

Tabelle 8: Bereichstabelle Zellzahlen und linearer somatic cell score (SCS)

SCS	Zellzahlbereich in 1000 je cm ³	Medianwert
0	0 - 17	12,5
1	18 - 34	25
2	35 - 70	50
3	71 - 140	100
4	141 - 282	200
5	283 - 565	400
6	566 - 1130	800
7	1131 - 2262	1600
8	2263 - 4525	3200
9	> 4525	-

Wirtschaftliche Bedeutung bekommt der Zellgehalt der Milch auf der Erzeugerseite über den Leistungsrückgang bzw. -ausfall des betreffenden Euterviertels und ist aus veterinärhygienischen Gründen wichtig, damit sobald wie möglich eine Behandlung eingeleitet werden kann (Töpel, 2004). Darüber hinaus sind auf

Grundlage der Milchgüteverordnung (MilchGüV) bei Überschreitung von 400.000 Zellen/ml Milch Vergütungsabzüge für den Erzeuger festgelegt. Die MilchGüV berücksichtigt dabei lediglich den lebensmittelhygienischen, nicht aber den eutergesundheitlichen Aspekt der Milch. Bei diesem Richtwert liegen allerdings schon kompositionelle Veränderungen der Milch vor (Hamann & Heeschen, 1995). Obwohl eine Bestimmung des Zellgehaltes mit großer methodischer Sicherheit möglich ist, weist Kielwein (1994) darauf hin, dass eine strenge Grenze zwischen gesundem und krankem Euter angesichts der verschiedenen Einflussfaktoren nicht gezogen werden kann. Eine Übersicht zu Zellgehalten in der Milch ausgewählter Rassen in Bayern zeigt Tabelle 9.

Tabelle 9: Zellgehalte und linearer somatic cell score (SCS) der Milch ausgewählter Rassen in Bayern (LKV-Bayern, 2005 - 2008) und der BRD (ADR, 2005 - 2008)

		Zellzahl/ml Milch in 1000					SCS/ml Milch				
		2004	2005	2006	2007	Durchschnitt	2004	2005	2006	2007	Durchschnitt
Bayern	Fleckvieh	177,0	180,0	184,0	178,0	179,8	3,82	3,85	3,88	3,83	3,85
	Braunvieh	213,0	214,0	218,0	211,0	214,0	4,09	4,10	4,12	4,08	4,10
	Deutsch Holstein	245,0	246,0	251,0	244,0	246,5	4,29	4,30	4,33	4,29	4,30
	Jersey	250,0	232,0	265,0	282,0	257,3	4,32	4,21	4,41	4,50	4,36
	Ø aller Rassen	153,0	157,0	158,0	159,0	156,8	3,61	3,65	3,66	3,67	3,65
BRD	Ø aller Rassen	178,0	183,0	186,0	190,0	184,3	3,83	3,87	3,90	3,93	3,88

Ø = Durchschnitt

Nach Carlén et al. (2004) konnten verschiedene Studien zeigen (z.B. Emanuelson et al., 1988; Nielsen et al., 1997; Rupp & Boichard, 1999; Heringstad et al., 2000; Castillo-Juarez et al., 2002; Hansen et al., 2002), dass die Milchleistung unvorteilhaft mit der Zellzahl korreliert. Die Zellzahl kann auch durch Rasse, Laktationsstadium, Futterinhaltsstoffe, Futterwechsel, Art und Lokalisation des Erregers der Euterentzündung, Mastitisprävalenz, Brunst aber auch Melkintervall, Ausmelkgrad und externe Stressfaktoren (Umwelt) sowie das Tieralter stark beeinflusst werden (Rossow & Richardt, 2003). Dabei besteht zwischen Zellzahl und Tieralter keine direkte Korrelation. Vielmehr sind die höheren Werte bei älteren Kühen als Ausdruck von Folgeschäden vorangegangener Mastitiden zu verstehen (Hamann, 1996). Bei Kalbungen während der Sommermonate waren die Zellgehalte der Milch höher, ebenso wie die Mastitisanfälligkeit in diesem Zeitraum. Im Laktationsverlauf sind in der Früh-laktation und zum Trockenstellen höhere Zellzahlen physiologisch, die etwa am zehnten Tag nach Trockenstellen ihr Maximum erreichen, um danach bis zum 25. Tag abzufallen. Während des Milchentzugs

weisen vor allem das Anfangs- und das Endgemelk erhöhte Zellgehalte auf (Grabowski, 2000).

Der Einfluss der Umwelt beträgt laut Da et al. (1992) durchschnittlich 27 %, der des Bullen hingegen nur etwa 0,2 %. Schutz et al. (1994) verglichen bei sechs verschiedenen Rassen den Einfluss von Umwelt, Besamungsbullen und Genetik auf den Zellgehalt der Milch. Der Einfluss der einzelnen Bullen war mit 0,2 % - 4,0 % gering. Der additiv genetische Einfluss lag bei 7 % - 11 %, und die Umwelt beeinflusste den Zellgehalt der Milch mit 21 % - 35 % am meisten.

Von Scholz et al. (2001a) wurde der Einfluss des Melkverfahrens auf die Milchqualität untersucht. Deutsches Fleckvieh und Deutsche Holsteins wurden jeweils konventionell und im AMS gemolken. In beiden Systemen wiesen die Holsteins einen höheren Zellgehalt als das Fleckvieh auf, wobei beide Rassen im AMS, unmittelbar nach Umstellung vom konventionellen Melken, höhere Zellzahlen zeigten als im konventionellen Milchentzug.

Prendiville et al. (2010) fanden keine Unterschiede im SCS von Holsteins, Jerseys und deren Kreuzungen. Gleiches gilt für Begley et al. (2008; 2010). Nach Van Raden und Sanders (2003) haben Holsteins höhere Zellgehalte als andere Milchrasen. Lediglich in der ersten Laktation wiesen Jerseys und Guernseys höhere Werte auf. Anzumerken ist hier, dass laut LKV-Daten für die Jahre 2004 - 2007 Jerseys im Schnitt höhere Zellgehalte aufwiesen als Holsteins (siehe Tabelle 9). Obwohl Kreuzungszucht in der Regel zu einer besseren Gesundheit führt, wurde bei Kreuzungstieren nur eine geringe positive Heterosis für den SCS festgestellt, welche jedoch nicht signifikant war (VanRaden & Sanders, 2003; Caraviello, 2004; Walsh et al., 2007). Als Grund dafür wird angeführt, dass die höhere Milchleistung der Kreuzungen auch mehr Stress für das Euter darstellt und so die geringfügig höheren Zellgehalte erklärt. Desweiteren weist eine leicht höhere Heterosis für Fett und Protein als für Milch auf eine stärker konzentrierte Milch hin, was ebenfalls einen Anstieg der Zellzahl erklären könnte. Auch Freyer et al. (2008) bestätigten diese Tendenz für Holsteins und Jerseys.

Demgegenüber berechnete Montgomerie (2005) für neuseeländische Kreuzungstiere einen negativen Heterosiseffekt und damit einen Rückgang des Zellgehaltes, der durch Egger-Danner und Fürst (2005) Bestätigung fand. Schichtl (2007) fand einen negativen Heterosiseffekt für Kreuzungen zwischen Deutschen Holsteins und Deutschem Fleckvieh. Die reinrassigen Holsteins wiesen die höchsten Zell-

gehalte auf, das Fleckvieh die niedrigsten. Die Heterosis für die F₁-Generation betrug -27,5 %. Für die F₁-Generation zwischen Holsteins x Schwedischen Rotbunten fanden Swalve et al. (2008) in der ersten Laktation einen signifikant höheren Zellgehalt als bei Holsteins. Die R₁-Generation zeigte niedrigere, nicht aber signifikant niedrigere Zellzahlen als die Holsteins. In der zweiten Laktation lagen die Werte der R₁-Generation nicht signifikant, die der F₁-Generation signifikant über denen der Holsteins.

2.7. Harnstoffgehalt

Harnstoff spielt im Metabolismus des Wiederkäuers eine große Rolle und stammt aus der Entgiftung des im Körper anfallenden Ammoniaks. Ein Teil des Ammoniaks entsteht beim physiologischen Eiweißstoffwechsel in der Leber. Der Rest fällt als Endprodukt des mikrobiellen Futterproteinabbaus im Pansen an und gelangt nach ruminaler Resorption über das Blut ebenfalls in die Leber. Der gebildete Ammoniak wird in der Leber in Form von Harnstoff entgiftet und entweder über die Niere ausgeschieden oder bei Bedarf über den rumino-hepatischen Kreislauf erneut als Stickstoffquelle genutzt.

Ist die mikrobielle Proteinsynthese im Pansen infolge eines Energiemangels an leichtverdaulichen Kohlenhydraten vermindert, häuft sich das aus dem mikrobiellen Abbau stammende Ammoniak im Pansen an. Nach ruminaler Resorption und Ammoniakentgiftung in der Leber steigt der Harnstoffgehalt im Blut nach Überschreitung der renalen Ausscheidungsgrenze an (Engelhardt & Breves, 2005).

Harnstoff ist leicht membrangängig und gelangt über die Blut-Euter-Schranke in die Milch. Der Harnstoffgehalt der Milch korreliert daher eng mit dem des Blutes und kann zur Beurteilung der Energieversorgung herangezogen werden (Kielwein, 1994; Fürll, 2005).

Milchharnstoff spiegelt vor allem das Proteinangebot im Verhältnis zur Energieversorgung wider. Bei Mangel an leichtverdaulichen Kohlenhydraten oder bei Pansenazidose infolge von Kohlenhydratüberschuss erhöht sich der Milchharnstoffgehalt. Andererseits führt ein Proteinmangel bei ausreichender Energieversorgung zu einer deutlichen Absenkung des Harnstoffgehaltes der Milch. Die höchsten Harnstoffanstiege werden bei Überschussversorgung mit Proteinen und gleichzeitigem Mangel an Energie beobachtet (Rossow & Richardt, 2003).

Fütterungsbedingt wird der Milchwahnstoffgehalt vor allem durch die Rohproteinmenge je Tier und Tag (Futteraufnahme x Rohproteinengehalt), den Gehalt an Durchflussprotein und die im Pansen fermentierbaren Kohlenhydrate bestimmt. Je besser die mikrobielle Protein-synthese und der Stickstoffabbau im Pansen aufeinander abgestimmt sind, desto niedriger sind die Stickstoffverluste in Form von Harnstoff (Richardt, 2004).

Die aktuellen Grenzwerte für eine normale Rohproteinversorgung liegen bei 150 mg bis 300 mg Harnstoff pro Liter Milch, was 2,5 mmol/l - 5 mmol/l entspricht (Klee, 2009). Bei bedarfsgerechter Versorgung der Tiere mit Rohprotein und Energie ergeben sich Werte von 200 mg/l - 260 mg/l, und selbst bei hohen Leistungen (> 9.000 kg Milch) sind keine höheren Milchwahnstoffgehalte über 320 mg/l - 350 mg/l notwendig (Richardt, 2004). Kirst und Jacobi (2002) sehen die Obergrenze für Hochleistungstiere bei 400 mg/l.

Neben der Fütterung bestehen auch nichtfütterungsbedingte Einflüsse auf die Höhe des Milchwahnstoffgehaltes, die bei dessen Interpretation berücksichtigt werden müssen. Im Tagesverlauf unterliegt der Milchwahnstoffgehalt Schwankungen von über 100 mg/Liter Milch. Dabei tritt die Schwankung unabhängig davon auf, ob eine Gesamtmischung (TMR) ad libitum oder zwei Tagesrationen verfüttert werden. Im Laktationsverlauf fällt der Gehalt an Milchwahnstoff ab, ist aber im ersten Laktationsdrittel positiv mit dem Laktationstag korreliert, sodass sich der Harnstoffgehalt der Milch innerhalb von 30 Laktationstagen um 10 mg/l erhöht.

Positiv korreliert sind auch Eiweißmenge und Harnstoff. Bei Anstieg der Eiweißmenge um 100 g erhöht sich der Milchwahnstoffgehalt um 3 mg/l - 4 mg/l (Rossow & Richardt, 2003). Einen negativen Zusammenhang zwischen Harnstoffgehalt und Zellgehalt der Milch beschreibt Richardt (2004). Eine Erhöhung des Zellgehaltes der Milch von 100.000/ml senkt deren Harnstoffgehalt um 2 mg/l (Rossow & Richardt, 2003). Auch Gutjahr et al. (1997) fanden einen sinkenden Milchwahnstoffgehalt bei klinischen Mastitiden. Laut Grabowski (2000) ist der Harnstoffgehalt dabei aber nicht notwendigerweise Ausdruck einer Eutererkrankung selber, sondern Ausdruck eines energetisch ungünstigen metabolen Status des Tieres, der eine Eutererkrankung begünstigen kann. Eine signifikante Korrelation zwischen Harnstoff und Zellgehalt konnte er nicht nachweisen.

Ein Einfluss von hohen Harnstoffwerten auf die Fertilität wird in der Literatur kontrovers diskutiert und ist, je nach Studie, von Fruchtbarkeitsstörungen gekennzeichnet oder hat keine nachteiligen Auswirkungen auf die Fertilität (DeKruif et al., 2006).

3. Fruchtbarkeit

Unter Fruchtbarkeit wird im Allgemeinen die Fähigkeit von Organismen verstanden, Nachkommen hervorzubringen. Speziell für Milchrinder bedeutet dies, rechtzeitig tragend zu werden und gesunde, lebende Nachkommen bis ins hohe Alter bekommen zu können (Lotthammer & Wittkowski, 1994). Um die Fruchtbarkeit statistisch erfassen bzw. beschreiben zu können, werden eine Reihe von Kenngrößen verwendet. Ein paar der gebräuchlichsten Kennwerte sind Erstkalbealter, Erstbesamungserfolg, Besamungsaufwand, Günstzeit und Abgänge wegen Unfruchtbarkeit pro Zeiteinheit (Hoedemaker et al., 2006a). Die Besprechung der für diese Arbeit ausgewerteten Fruchtbarkeitsparameter wird in den anschließenden Abschnitten vorgenommen. Die meisten dieser Fruchtbarkeitskenngrößen können in jedem Betrieb erhoben werden und so den Stand der Fruchtbarkeit des Einzeltieres bzw. der Herde widerspiegeln. Die Fruchtbarkeit und damit die Reproduktionsleistung stellt häufig einen der wichtigsten ökonomischen Faktoren in einem Milcherzeugerbetrieb dar. Nicht allein eine hohe Milchleistung ist entscheidend, sondern eine hohe durchschnittliche Lebensleistung, die wesentlich von der Reproduktionsleistung eines Tieres beeinflusst wird (Wangler, 2007). Als häufigster Grund für Merzungen werden Fruchtbarkeitsstörungen angegeben (Weigel & Barlass, 2003); somit ist die Fruchtbarkeit eine wichtige Komponente der Langlebigkeit. In den Berichten des Landeskuratoriums der Erzeugerringe für tierische Veredelung in Bayern e.V. (LKV) und der Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter (ADR) wird seit längerem die Sterilität als häufigste Abgangsursache bei MLP-Kühen geführt (siehe Tabelle 10).

Tabelle 10: Anzahl der Abgänge von MLP-Milchkühen insgesamt und wegen Unfruchtbarkeit von ausgewählten Rassen in Bayern (LKV-Bayern, 2005 - 2008) und der BRD (ADR, 2005 - 2008)

		Anzahl der Abgänge insgesamt					Abgänge wegen Unfruchtbarkeit in %				
		2004	2005	2006	2007	Ø	2004	2005	2006	2007	Ø
Bayern	Fleckvieh	275.636	266.030	268.447	247.782	264.474	24,8	25,0	24,5	25,4	24,9
	Braunvieh	42.231	40.269	39.181	35.462	39.286	26,3	26,0	26,1	26,1	26,1
	Deutsch Holstein	24.367	23.676	23.824	22.559	23.607	22,6	22,5	22,6	22,0	22,4
	Jersey	140	86	100	100	107	20,0	17,4	18,0	25,3	20,2
	Gesamt	350.254	337.700	339.393	313.225	335.143	24,8	24,9	24,5	25,2	24,9
BRD	Gesamt	1.381.398	1.380.727	1.398.310	1.239.416	1.349.963	21,5	20,8	19,9	20,5	20,7

Ø = Durchschnitt

Über die letzten Jahrzehnte fand eine enorme Steigerung der Laktationsleistung bei Holsteinkühen statt. Dies wurde vor allem über die genetische Verbesserung des Leistungspotentials in weltweit verknüpften Zuchtprogrammen erreicht. Ein Vernachlässigen der Fruchtbarkeitsleistung wurde dabei in Kauf genommen (Zelfel, 2008). Zahlreiche Autoren berichten in diesem Zusammenhang über abnehmende reproduktive Leistungen und kürzere Nutzungsdauer. Eine solche Konkurrenz zwischen Milchleistung und Fruchtbarkeit entsteht für die Hochleistungskuh zu Beginn des Reproduktionszyklus. Unter der besonderen physischen Belastung nach dem Kalben und mit Einsetzen der Laktation fällt die hochleistende Kuh in eine Phase negativer Energiebilanz (Bousquet et al., 2004). Die Follikelbildung an den Ovarien beginnt zwar bei jeder Kuh bereits in einem frühen Stadium nach dem Kalben, die Ovulation ist aber abhängig von der Energiebilanz und der Geschwindigkeit der Körperkonditionsabnahme (Rossow, 2003). Dieser Antagonismus von Milchleistung und Fruchtbarkeit geht zu Lasten der Fruchtbarkeit (Jahnke et al., 2002; Staufenbiel et al., 2004).

Lucy (2001) plädiert dafür, trotz augenscheinlicher Zusammenhänge von Milchleistung und Fruchtbarkeit noch unentdeckte Effekte nicht gänzlich außer Acht zu lassen. Nach Heuwieser (2000) ist nicht geklärt, ob es sich beim gemeinsamen Auftreten von steigender Milchleistung und Fruchtbarkeitseinbußen tatsächlich um einen ursächlichen Zusammenhang handelt oder nur um eine gleichzeitige (aber unabhängige) Entwicklung. Möglicherweise können das Management und insbesondere das Fruchtbarkeitsmanagement oftmals den höheren Anforderungen bei steigenden Leistungen nicht gerecht werden. Hinweise hierauf gibt eventuell der Besamungsmonat als direkte Einflussgröße auf die Fruchtbarkeit. Die Trächtigkeitsrate in den Monaten August und September ist um 7 % - 8 % niedriger als

in anderen Monaten. Möglicherweise spielt dabei eine verminderte Brunstbeobachtung aufgrund von Urlaub oder Zeitmangel wegen Erntetätigkeiten eine Rolle. Steigende Herdenleistungen müssen also nicht zwangsläufig und generell mit einer Verschlechterung der Fruchtbarkeitsleistung einhergehen, wie teilweise aus der Literatur zu entnehmen ist und Ergebnisse einzelner Betriebe belegen (Jahnke et al., 2002).

Unabhängig davon stellt die Fruchtbarkeit ein sehr komplexes System dar und wird von einer Vielzahl von Faktoren bestimmt. Eindeutige Aussagen zu deren Störung sind deshalb in vielen Fällen schwer zu treffen. In zahlreichen Untersuchungen wurden viele nicht erbliche Einflussfaktoren gefunden. Nach Lotthammer und Wittkowski (1994) sind äußere Faktoren zu etwa 85 % beteiligt. Den größten Einfluss hat mit etwa 40 % das Fruchtbarkeitsmanagement, geschätzte 30 % entfallen auf die Fütterung, weitere 10 % auf die Hygiene und 5 % auf die Haltung. Auch Platen (1997) schreibt von einer niedrigen Heritabilität bei Fruchtbarkeits- und Fitnessmerkmalen. Hansen (2000) findet für die Fruchtbarkeit eine Heritabilität von 3 %. Wegen des niedrigen genetischen Einflusses erfordert die Verbesserung der Fruchtbarkeit auf konventionellem Weg lange Zeiträume und ist zudem meist noch mit einem Abfall der Milchleistung verbunden (Caraviello, 2004). Eine Möglichkeit, die Fruchtbarkeit ohne signifikanten Rückgang in der Milchleistung zu verbessern, ist die Ausnutzung von Heterosiseffekten durch Kreuzungszucht (Kieler, 2003). Gerade bei Milchproduzenten ist das Interesse an Kreuzungszucht in den letzten Jahren gestiegen. Grund dafür ist die wachsende Besorgnis hinsichtlich der Fruchtbarkeit der Kühe, deren Gesundheit und der Überlebensraten der Kälber (Funk, 2006). Nach Stufflebeam (1989) steigt durch Kreuzung die Ovulationsrate des Muttertieres und die Überlebensrate von Embryo und Fetus bei allen Rassen um 5 % - 10 % an.

Wie schon weiter oben angesprochen, sind in der Literatur auch in Bezug auf die Fruchtbarkeitsparameter fast ausschließlich Angaben über die Leistungen von F₁-Kreuzungsgenerationen zu finden. Von McDowell (1982) wurde für die Fruchtbarkeit eine allgemeine Heterosis von 0,8 % - 5,0 % beschrieben. Nach McAllister et al. (1994) lag die Fruchtbarkeitsrate bei Kreuzungen von Holsteins x Ayrshires in der F₁-Generation um 9 % höher als bei den reinrassigen Elterntieren. Im Illinois Langzeitexperiment der fünfziger Jahre wurden bis zu 12,8 % Heterosis für Fruchtbarkeitsmerkmale gefunden (Touchberry, 1992). Swan und Kinghorn

(1992) bezifferten die Heterosis für die allgemeine Fruchtbarkeit sogar auf 5 % - 25 %. Für die R₁-Kreuzungsgenerationen berichtete Syrstad (1989) von schwankenden und oft eher enttäuschenden Ergebnissen für die Fruchtbarkeits- und Produktionsleistungen. Einschränkend muss erwähnt werden, dass diese Ergebnisse unter tropischen Bedingungen erzielt worden sind. Auch Demeke et al. (2004) führten vergleichende Versuche mit reinen Holsteins bzw. reinen Jerseys und Kreuzungen aus Holsteins x Boran bzw. Jerseys x Boran in tropischen Regionen durch. Die Ergebnisse zeigten, dass sowohl Rassenunterschiede zwischen Holsteins bzw. Jerseys x Boran, als auch die individuellen Variationen zwischen den Rindern für die hier untersuchten Reproduktionsmerkmale gering waren. Anzumerken ist, dass die Autoren dieser Studie als Hauptgrund für die aufgetretene verbesserte Reproduktionsleistung bei Holsteins x Boran und Jerseys x Boran Kreuzungsrindern heterotische Effekte vermuteten.

3.1. Zwischenkalbezeit

Die Zwischenkalbezeit (ZKZ) umfasst die Zeit zwischen zwei aufeinander folgende Kalbungen. Sie berücksichtigt den gesamten reproduktionsbiologischen Zeitraum und kann damit nur berechnet werden, wenn mindestens zwei aufeinander folgende Kalbungen für ein Tier bekannt sind. Für Problemtiere, die trotz erfolgter Besamung den Bestand verlassen oder für Färsen, kann die Zwischenkalbezeit deshalb nicht bestimmt werden (Mansfeld & Metzner, 1992). Die Zielgröße für die Zwischenkalbezeit liegt je nach Autor zwischen 365 und 395 Tagen, unter Einbeziehung der Milchleistung auch bis zu 405 Tagen (Portal-Rind, 2010). Tendenziell verschlechterte sich die Zwischenkalbezeit in den letzten Jahren. Allerdings stellte Platen (1997) in seiner Arbeit vor mehr als zehn Jahren schon fest, dass die alte noch bei Lotthammer und Wittkowski (1994) propagierte Faustregel „Ein Kalb pro Kuh und Jahr“ nicht mehr zeitgemäß sei, was sich auch in den Statistiken zur Zwischenkalbezeit über den Versuchszeitraum zeigt (siehe Tabelle 11).

Tabelle 11: Zwischenkalbezeiten der 305-Tageleistung von MLP-Kühen ausgewählten Rassen in Bayern (LKV-Bayern, 2005 - 2008) und in der BRD (ADR, 2005 - 2008)

	Zwischenkalbezeit in Tagen für Bayern					Zwischenkalbezeit in Tagen für die BRD				
	2004	2005	2006	2007	Durchschnitt	2004	2005	2006	2007	Durchschnitt
Fleckvieh	394	394	393	394	394	394	394	393	394	394
Braunvieh	413	415	414	416	415	411	414	411	416	413
Deutsch Holstein	413	414	413	415	414	400	412	409	410	408
Jersey	393	395	399	402	397	389	393	401	408	398
Ø aller Rassen	398	399	398	399	399	398	406	404	405	403

Ø = Durchschnitt

Rudolphi (2004) empfiehlt sowohl aus betriebswirtschaftlicher als auch aus biologischer und physiologischer Sicht eine Staffelung der Zwischenkalbezeit im Bereich 365 bis 405 Tage in Abhängigkeit von der Leistung der Kühe. Voraussetzung ist allerdings ein sehr gutes Fruchtbarkeitsmanagement.

Die Zwischenkalbezeit setzt sich aus mehreren Komponenten zusammen (siehe Abbildung 2), die mehr oder weniger großen Einfluss auf die Zwischenkalbezeit haben. Die beiden wesentlichen Einflussgrößen sind die Gestation und die Zeit der Nichtträchtigkeit, die auch als Zwischentragezeit (ZTZ) bzw. Günstzeit (GZ) bezeichnet wird.



Abbildung 2: Schematische Darstellung der Zwischenkalbezeit und ihre Komponenten

Die Trächtigkeitsdauer ist für jede Rasse charakteristisch (Burriss & Blunn, 1952; Andersen & Plum, 1965). Nach einer Arbeit von Bleul (2008; persönliche Mitteilung Bleul, 2010) haben Kühe der Rassen Fleckvieh und Braunvieh als Höhenrassen mit 289,7 ($\pm 0,03$ %) Tagen bzw. 290,2 ($\pm 0,01$ %) Tagen durchschnittlich eine längere Trächtigkeitsdauer als die Niederungsrassen Deutsche Holsteins und Jerseys mit 282,6 ($\pm 0,02$ %) Tagen bzw. 282,3 ($\pm 0,08$ %) Tagen. Der Autor gibt zu bedenken, dass sich aufgrund milchbetonter Einkreuzungen bei den modernen Rassen die klassische Einteilung in Höhen- und Niederungsrassen kaum noch halten lässt. Zu ähnlichen Ergebnissen für die Rassen Fleckvieh (289,2 $\pm 5,3$ Tage), Braunvieh (290,6 $\pm 5,3$ Tage) und Holsteins (282,7 $\pm 5,3$ Tage) kam Kraßnit-

zer (2009). Niedrigere Werte für Holsteins ($279,4 \pm 5,7$ Tage) und Jerseys ($280,0 \pm 5,2$ Tage) fanden Norman et al. (2009). Neben der rassetypischen Gestationslänge beeinflussen Faktoren wie Geschlecht und Anzahl der Früchte sowie die Laktationsnummer die Länge der Trächtigkeit (Echternkamp & Gregory, 1999; Hansen et al., 2004; Hare et al., 2006; Bleul, 2008; Kraßnitzer, 2009; Norman et al., 2009).

Die Zwischenkalbezeit bei den Holsteins verlängert sich von 394 Tagen zwischen der ersten und zweiten Kalbung auf 405 Tage zwischen der zweiten und sechsten Kalbung. Pro Jahr verlängert sich die Zwischenkalbezeit durchschnittlich um 0,90 - 1,07 Tage (Hare et al., 2006). Im Jahre 2001 betrug die Zwischenkalbezeit in Industrieländern 400 - 420 Tage (Peter & Slenning, 2001). Laut Schmiedel (2008) beziffern verschiedene Autoren den wirtschaftlichen Verlust je zusätzlichem Tag Zwischenkalbezeit mit 0,00 - 4,94 Euro. Portal-Rind (2010) nennt Kosten von zwei bis vier Euro.

Touchberry (1992) fand für reine Holsteins (402 Tage) bzw. Guernseys (393 Tage) geringfügige, aber signifikant niedrigere Zwischenkalbezeit als für deren F_1 -Kreuzungen (411 Tage). Die R_1 -Generation wies mit 400 bzw. 404 Tagen geringere Zwischenkalbezeit auf als die F_1 -Generation. McDowell (1985) beschrieb für die F_1 -Generation eine Heterosis von -7,5 % bis -22,1 %, für die R_1 -Generation von *Bos taurus* x *Bos indicus* eine verlängerte Zwischenkalbezeit von etwa einem Monat. Demeke et al. (2004) wiesen für Kreuzungen von Holsteins bzw. Jerseys x Boran unter subtropischen Bedingungen eine signifikante Verkürzung der Zwischenkalbezeit für die F_1 - und die höheren Kreuzungsstufen auf.

Es wird hier noch einmal darauf hingewiesen, dass die Zwischenkalbezeit trotz unterschiedlicher Gestationslängen entscheidend von der Günstzeit bestimmt wird. Schwankungen der Günstzeit und damit natürlich auch der Zwischenkalbezeit hängen mehr als doppelt so oft von der Brunsterkennungsrate als von der Konzeptionsrate ab (Barr, 1975). Auch die willkürliche Vorgabe der freiwilligen Wartezeit des Managements bestimmt die Günst- und damit die Zwischenkalbezeit entscheidend (siehe folgende Abschnitte zu Rastzeit, Verzögerungszeit und Günstzeit).

3.2. Rastzeit

Die Rastzeit (RZ) ist definiert als der Zeitraum zwischen Partus und Erstbesamung. Anders als die Verzögerungszeit liegt dieser Fruchtbarkeitswert schon früh

in der Laktation vor. Die Rastzeit wird biologisch durch das Puerperium vorgegeben. In dieser postpartalen Zeit bildet sich der Uterus zurück. Die Kuh ist azyklisch. Das Ende des Puerperiums, bezogen auf die Regulation der Sexualfunktionen der Kuh, kann als der Zeitpunkt definiert werden, an dem die erste von regelmäßigen Sexualzyklen gefolgte Brunst auftritt (Hoffmann, 1999). Vor dem Zeitpunkt der physiologisch bedingten Mindestrastzeit von 42 Tagen sollte keine Milchkuh besamt werden (Portal-Rind, 2010). Zu Beginn der Laktation wird die Fruchtbarkeit der Kuh auch von der Energiedefizitphase beeinflusst. Diese ist von einem schnellen Anstieg der Milchleistung und dem langsamer verlaufenden Anstieg der Trockenmasseaufnahmekapazität gekennzeichnet. Hohe Milchleistungen zu Beginn der Laktation gehen mit einem verstärkten Energiedefizit einher. Das Energiedefizit wirkt stoffwechselbelastend und stressfördernd, was den Sexualzyklus bei Rindern empfindlich stören kann (Butler, 2003). Auch in der Energiedefizitphase, die bis etwa 50 - 100 Tage p.p. andauert, sollte eine Besamung vermieden werden und erst nach der Umstellung auf eine positive Energiebilanz erfolgen (Jahnke et al., 2002; Fritze, 2003).

Zeitbestimmende Faktoren der Rastzeit sind die willkürliche Festlegung der freiwilligen Wartezeit (siehe Abbildung 2) durch das Management sowie durch Spätfolgen puerperaler Störungen bestimmte Verzögerungen (Busch, 1989; Grunert, 1999). Ein weiterer wesentlicher Faktor ist die Qualität der Brunstbeobachtung, um nach dem Ablauf der freiwilligen Wartezeit die Brunst konsequent nutzen zu können und damit die unfreiwillige Wartezeit (vergleiche Abbildung 2) so gering wie möglich zu halten. Kurze freiwillige Wartezeiten führen jedoch nicht zwangsläufig zu kürzeren Zwischenkalbezeiten, da sie mit sehr niedrigem Erstbesamungserfolg und damit einem hohen Besamungsaufwand verbunden sind (Zelfel, 2008). Nach Untersuchungen von Jahnke et al. (2002) versprechen Erstbesamungen im Bereich von 60 - 100 Tagen den größten Erfolg. Zudem weisen sie auf Platen (2001) hin, der einen optimalen Besamungserfolg zwischen dem 71. und 90. Tag beschreibt. Desweiteren führen sie eine Arbeit von Lotthammer und Wittkowski (1994) an, nach denen die besten Trächtigkeitsergebnisse nach 60 Tagen p.p. erzielt werden. Auch Untersuchungen von Rudolphi (2004) ergaben, dass sich der Besamungsaufwand bei Besamungen ab dem 60. Tag p. p. reduziert und die günstigsten Trächtigkeitsergebnisse bei Rastzeiten im Bereich von 60 bis 120 Tagen erzielt werden.

Swalve et al. (2008) konnten in einem Feldversuch im Merkmal Rastzeit kaum Unterschiede zwischen reinen Holsteins einerseits und Kreuzungen aus Schwedischen Rotbunten bzw. Braunvieh x Holsteins nachweisen. Zu ähnlichen Ergebnissen kamen auch Heins et al. (2006b) für reine Holsteins und den Kreuzungen Normandes x Holsteins, Montbéliardes x Holsteins und Skandinavischem Rotvieh x Holsteins. Auch Vesely et al. (1986) fanden keine Unterschiede in der Rastzeit zwischen reinen Holsteins und Ayrshire x Holstein - Kreuzungen. Lediglich Touchberry (1992) berichtete über eine höhere Rastzeit bei reinen Holsteins gegenüber Guernsey x Holstein - Kreuzungen. Schichtl (2007) stellte für DH x FV - Kreuzungen eine geringfügige Verlängerung der Rastzeiten fest, schränkte die Aussagefähigkeit der Ergebnisse aber im Hinblick auf eine verlängerte freiwillige Wartezeit für Tiere über 10.000 kg Milchleistung ein.

3.3. Verzögerungszeit

Die Verzögerungszeit (VZ) ist definiert als der Zeitabschnitt zwischen der Erstbesamung und der Besamung, die zur Konzeption führt. Der optimale Fall wird bei einer Trächtigkeit aus Erstbesamung erreicht (Verzögerungszeit = 0 Tage). Die Verzögerungszeit liegt damit erst nach Feststellung der Trächtigkeit vor und repräsentiert nicht das Ergebnis der gesamten Herde, sondern nur der tragenden Tiere. Sie kann aber auch für Jungrinder errechnet werden und besitzt einen hohen Aussagewert, da sie von der Rastzeit relativ unabhängig ist. Sie ist allerdings bei Kühen nur im Zusammenhang mit der Rastzeit aussagekräftig. Im Mittel sollten bei Färsen Verzögerungszeiten unter 20 Tagen und bei Kühen unter 30 Tagen eingehalten werden (Jahnke et al., 2002). Portal-Rind (2010) gibt die ideale durchschnittliche Verzögerungszeit mit unter 25 Tagen an und bei DeKruif et al. (2006) sollte die Verzögerungszeit nicht mehr als 18 Tage betragen.

Hinweise auf die Ursache einer verlängerten Verzögerungszeit kann der Trächtigkeitsindex (TI) geben. Über den Trächtigkeitsindex kann die geringstmögliche Verzögerungszeit (VZ_G) berechnet werden, welche von der tatsächlichen Verzögerungszeit abgezogen wird, was die Verlustzeit in der Verzögerungszeit (VZ_V) ergibt: $VZ_V = VZ - ((TI - 1) * 21)$. Diese ist im Idealfall = 0. Die Ursachen für die VZ_V sind vielfältig und können neben Fruchtbarkeitsstörungen wie kaum oder nicht vorhandene Brunstsymptome, schlechter Brunstbeobachtung auch in Frucht-

resorptionen im frühen Trächtigkeitsstadium begründet sein (Mansfeld et al., 2006b).

3.4. Günstzeit

Die Günstzeit (GZ) oder auch Zwischentragezeit bzw. Serviceperiode ist definiert als der Zeitraum zwischen Kalbung und erstem Trächtigkeitstag, also der erfolgten Konzeption. Die Günstzeit ist die bedeutendste Fruchtbarkeitskennziffer (Portal-Rind, 2010) und setzt sich aus der Rastzeit und der Verzögerungszeit zusammen (siehe Abbildung 2). Die durchschnittliche Günstzeit repräsentiert nicht die Herdenleistung, da nur tragend gewordenen Tiere in die Bewertung eingehen. Auch für Erstkalbinnen kann sie nicht berechnet werden. Die mittlere Günstzeit einer Herde bestimmt deren Zwischenkalbezeit, die sich aus Tragezeit und Günstzeit zusammensetzt. Ausgehend von der durchschnittlichen Tragezeit bei Holsteins bzw. Fleckvieh von 282 Tagen bzw. 290 Tagen (siehe Absatz 3.1. Zwischenkalbezeit) und einer anvisierten Zwischenkalbezeit von 365 Tagen muss die mittlere Günstzeit bei 83 Tagen bzw. 75 Tagen liegen. Nach Jahnke et al. (2002) sollte die Zwischentragezeit in Abhängigkeit von der Milchleistung zwischen 42 Tagen und 125 Tagen liegen. Der Richtwert für einen Milchviehbestand liegt bei 85 - 125 Tagen (Portal-Rind, 2010). Als „gut“ werden Herdenfruchtbarkeiten bezeichnet, wenn 75 % der Tiere eine Günstzeit von unter 115 Tagen aufweisen (Hoedemaker et al., 2006a). Die Bedeutung der Günstzeit liegt vor allem in ihrer wirtschaftlichen Relevanz und ist zu großen Teilen von der Qualität des Managements abhängig. Mit 53,4 % entfällt der größte Teil der wirtschaftlichen Verluste, die durch Fruchtbarkeitsstörungen und Stoffwechselkrankheiten pro Tier und Jahr entstehen, auf eine verlängerte Günstzeit (Lotthammer & Wittkowski, 1994).

In einer Forschungsarbeit beschrieben Jahnke et al. (2002) in den Jahren 1996 - 2000 eine durchschnittliche Günstzeit von 117 Tagen (± 62 Tage) bei Milchviehherden in Mecklenburg-Vorpommern. Ettema und Santos (2004) berichten in einer Studie von 155 Tagen Günstzeit bei Holsteins, was vergleichbar mit den Ergebnissen einer Arbeit von Heins et al. (2006b) über Milchviehbetriebe in Kalifornien ist. Studien von McDowell et al. (1974) wiesen darauf hin, dass der Vorteil von Milchviehkreuzungen gegenüber Reinzuchten unter anderem bei kürzeren Günstzeit liegt. So wurden geringere Günstzeit bei Kreuzungen von Ayrshires (106 Tage) und Brown Swiss (126 Tage) mit Holsteins als bei reinen Holsteins

(144 Tage) gefunden. Rincon et al. (1982) fanden bei Kreuzungen von Ayrshires bzw. Brown Swiss x Holsteins eine um 24 Tage kürzere Günstzeit als bei reinen Holsteins. Kontrovers dazu beobachtete Touchberry (1992) allerdings eine minimal kürzere Günstzeit für reine Holsteins (110 Tage) als für Kreuzungen von Guernseys x Holsteins. In einer neueren Studie wurden von Heins et al. (2006b) die Überlegenheit der Kreuzungstiere bestätigt. Sie nannten für Kreuzungen von Normandes (123 \pm 3,8 Tage), Skandinavischem Rotvieh (129 \pm 4,6 Tage) und Montbéliardes (131 \pm 4,4 Tage) mit Holsteins signifikant kürzere Günstzeiten als für reine Holsteins (150 \pm 4,1 Tage). Heins et al. (2006b) wiesen jedoch darauf hin, dass die längere Günstzeit der Holsteins auch deren höherer Milchleistung geschuldet sein konnte. Demeke et al. (2004) beschrieben für F₁-Kreuzungen von *Bos taurus* x *Bos indicus* eine Heterosis von -29 Tagen (-19 %). Für die Folgegenerationen (keine reine Wechselkreuzung) viel die Heterosis zwar geringer aus, signifikante Rekombinationsverluste konnten für das Merkmal Günstzeit aber nicht nachgewiesen werden.

3.5. Trächtigkeitsindex

Der Trächtigkeitsindex oder Besamungsaufwand stellt den Quotienten aus der Anzahl der durchgeführten Besamungen bei trächtigen Tieren und der Anzahl trächtiger Tiere dar. Doppelbesamungen werden nicht erfasst. Der Trächtigkeitsindex berücksichtigt ausschließlich die tatsächlich graviden Tiere. Nicht trächtig gewordene oder gemerzte Tiere werden in die Berechnung nicht einbezogen. Als Richtwert für die Beurteilung des Besamungserfolgs eines Betriebes wird für den Trächtigkeitsindex bei DeKruif et al. (2006) ein Wert von kleiner als 1,7 angegeben. Farin und Slenning (2001) nennen als Standardwerte einen Bereich zwischen 1,5 und 2,5. Für die untersuchten Daten beschreiben sie Trächtigkeitsindices zwischen 1,9 und 2,4. Portal-Rind (2010) gibt einen Trächtigkeitsindex-Sollwert von 1,8 für den Bestand an, einen Wert von 1,8 für Kühe und 1,4 für Färsen. Der niedrigere Trächtigkeitsindex für Färsen wird in der Literatur bestätigt.

Zwischen reinen Holsteins und Ayrshires bzw. deren Kreuzungen fanden Vesely et al. (1986) für die Trächtigkeitsindices keine signifikanten Unterschiede. Touchberry (1992) hingegen nannte die Unterschiede der von ihm untersuchten Holsteins und Guernseys klein aber signifikant. Seine Untersuchungen ergaben für reine Holsteins und Guernseys einen geringeren Besamungsaufwand als für

deren Kreuzungen. Der Besamungsaufwand für die R₁-Generation war jedoch geringer als für die F₁-Generation. Im Gegensatz dazu fanden Demeke et al. (2004) bei F₁- und R₁-Kreuzungen von *Bos taurus* (Holsteins bzw. Jerseys) mit *Bos indicus* (Boran) signifikant niedrigere Trächtigkeitsindices als bei reinen Holsteins und Jerseys, obwohl die R₁-Generation einen signifikant höheren Trächtigkeitsexindex aufwies als die F₁-Generation.

3.6. Erstkalbealter

Das Erstkalbealter ist das Alter der ersten Kalbung einer Kuh und damit der Beginn der ersten Laktation. Das Erstkalbealter hängt maßgeblich von der Zuchtreife ab. Die Zuchtreife fällt nicht mit der Geschlechtsreife zusammen, mit der ab dem 4. - 6. Monat gerechnet werden muss, die für gewöhnlich aber erst um den 7. - 9. Monat einsetzt. Die Zuchtreife ist erreicht, wenn die körperliche Entwicklung einen bestimmten Abschluss erfahren hat. Der Zyklus sollte regelmäßig und mit allen Kriterien ablaufen. Zudem muss die Jung-Kuh eine körperliche Konstitution besitzen, die die natürliche Entwicklung einer Trächtigkeit und einer nachfolgenden Geburt ermöglicht (Bostedt, 2003). Die genannten Kriterien werden jedoch eher durch das Erreichen eines bestimmten Gewichts als durch das Erlangen eines bestimmten Alters gewährleistet. Als Anhaltspunkt gelten das Erreichen von zwei Dritteln des Gewichts einer ausgewachsenen Kuh der betreffenden Rasse (Lotthammer & Wittkowski, 1994). Wichtig ist hierbei die Unterscheidung zwischen reinen Milch- (DH) und Zweinutzungsrassen (FV). Die Deutschen Holsteins werden mit 16 - 19 Monaten vom Deutschen Holstein Verband e.V. (2011) als zuchtreif betrachtet. Das Fleckvieh gilt laut Bayern-Genetik (2011) mit 15 - 19 Monaten als zuchtreif. Geht man von einer normalen Trächtigkeitsexlänge und einem maximalen Trächtigkeitsexindex von 1,8 aus, so sollten beide Rassen ein Erstkalbealter von 29,2 Monaten nicht überschreiten.

Kalbinnen mit sehr niedrigem Erstkalbealter (19 - 22 Monate) können hingegen einen schwierigen Kalbeverlauf aufweisen, was wahrscheinlich auf einer noch zu geringen Körpergröße oder zu engen Beckenmaßen beruht (Kraßnitzer, 2009). Darüber hinaus scheint ein sehr frühes Erstkalbealter eher einen negativen Einfluss auf die Milchleistung und den Deckungsbeitrag je Milchkuh zu haben (Sutter, 2006). Nach Empfehlungen von Mansfeld et al. (2006a) sollten Deutsche Holsteins bei der ersten Kalbung mindestens 22 Monate alt und 550 kg schwer

sein. Bei Fleckvieh sollte das Erstkalbealter wenigstens 24 - 26 Monate betragen, da die Jungtiere bei zu intensiver Aufzucht eher zur Verfettung neigen, wodurch infolge von Fetteinlagerungen im Becken (Verfettung der Geburtswege) und dem fortschreitenden Elastizitätsverlust vermehrt Schweregeburten auftreten (Sutter, 2006).

Das durchschnittliche Erstkalbealter sinkt in Bayern und der BRD seit Jahren stetig, liegt aber nach wie vor eher an der Obergrenze der in der Literatur als optimal beschriebenen Werte. Im Versuchszeitraum wurden für Deutsche Holsteins und Fleckvieh in Bayern ein durchschnittliches Erstkalbealter von 28,5 bzw. 29,6 Monaten erhoben und in der gesamten BRD durchschnittlich 28,6 bzw. 29,8 Monate (siehe Tabelle 12).

Tabelle 12: Erstkalbealter der 305-Tageleistung von MLP Kühen ausgewählter Rassen in Bayern (LKV-Bayern, 2005 - 2008) und in der BRD (ADR, 2005 - 2008)

	Erstkalbealter in Monaten in Bayern					Erstkalbealter in Monaten in der BRD				
	2004	2005	2006	2007	Durchschnitt	2004	2005	2006	2007	Durchschnitt
Fleckvieh	29,9	29,7	29,6	29,0	29,6	30,0	29,8	29,7	29,5	29,8
Braunvieh	31,9	31,7	31,4	31,0	31,5	31,6	31,6	31,3	31,1	31,4
Deutsch Holstein	28,8	28,6	28,4	28,0	28,5	28,9	28,8	28,5	28,1	28,6
Ø aller Rassen	30,1	29,8	29,7	29,0	29,7	29,5	29,4	29,1	28,7	29,2

Ø = Durchschnitt

Schichtl (2007) wies in ihrer Arbeit eine Verkürzung des Erstkalbealters bei Kreuzungen von DH x FV um 15 Tage (-1,7 %) nach. Touchberry (1992) fand für Kreuzung zwischen Holsteins x Guernseys mit einer Heterosis von 9,3 Tagen keine Verbesserung des Erstkalbealters, obwohl deren Erstbesamung eine Heterosis von -10,9 Tagen aufwies. Auch Ruvuna et al. (1986) konnten keine nennenswerte Verbesserung des Erstkalbealters bei Kreuzungen von Milchrassen einer US Amerikanischen Studie entdecken. Verkürzungen des Erstkalbealters wurden in erwähnenswertem Umfang nur bei Kreuzungen zwischen *Bos taurus* x *Bos indicus* nachgewiesen. So berichtet McDowell (1985) bei Kreuzungen dieser Arten von einer Heterosis zwischen -21,1 % und -8,0 % für das Erstkalbealter. Demeke et al. (2004) fanden Bestätigung für signifikante Heterosis beim Erstkalbealter für Kreuzungen von *Bos taurus* x *Bos indicus* durch konsistente Berichte aus der Literatur. Ebenfalls für *Bos taurus* x *Bos indicus* berichtete Syrstad (1989) von einer unerwünschten Zunahme vom Erstkalbealter von 2,3 Monaten (7 %) von der F₁-

zur R_1 -Generation. Diese Leistungsabnahme wurde mit einem Rückgang der Heterozygotie von F_1 - auf die Folgegeneration erklärt.

III. MATERIAL UND METHODEN

1. Allgemeines

1.1. Versuchsbetrieb

Versuchsbetrieb war das Staatsgut Oberschleißheim, das seit 1956 der Tierärztlichen Fakultät der Ludwig-Maximilians-Universität München als Lehr- und Versuchsgut (LVG) angeschlossen ist. Neben anderen Nutztierarten, die für Ausbildungszwecke, Promotionsvorhaben und Forschungsprojekte gehalten werden, sind Rinderherden der Rassen Deutsche Holsteins (DH), Deutsches Fleckvieh (FV) und deren Kreuzungsprodukte Teil des Tierbestandes.

1.2. Versuchszeitraum

Versuchsbeginn war der 01.01.2004. Über einen Zeitraum von 46,5 Monaten sind Daten gesammelt worden. Am 16.10.2007 wurden die bis dahin verwendeten automatischen Melksysteme durch neue Modelle ersetzt. Um gleiche Versuchsbedingungen zu gewährleisten, wurde das Versuchsende durch diese Änderung vorgegeben.

1.3. Versuchstiere

Zum Versuch wurden Tiere der Rassen Deutsche Holsteins und Deutsches Fleckvieh herangezogen. Die DH stammten aus einer 1958 erstmals mit Holstein-Friesian-Blutführung in Bayern etablierten Herde. Die FV-Herde wurde seit 1984 am Lehr- und Versuchsgut Oberschleißheim (LVG) aufgebaut. Seit 1999 wurden aus diesen beiden Herden Kreuzungsprodukte erzeugt, die nahezu alle aus eigener Nachzucht mit künstlicher Besamung (KB) stammten. Die in Laktation gehenden Kreuzungstiere wurden seither von Forschungsprojekten begleitet, wobei die DH- und die FV-Herde parallel als Leistungsvergleichsherden gehalten wurden.

1.3.1. Kreuzungsverfahren

Die Kreuzungen fanden nach einer mit zwei Rassen durchgeführten Rotationskreuzung statt, der sogenannten Wechsel- oder Criss-Cross-Kreuzung. Dabei wurde die Kreuzungskuh zeitlebens mit den Bullen ihrer Muttersvater-Rasse angepaart. Jede weitere Kreuzungsgeneration wurde also wechselweise mit Bullen

der beiden Rassen Deutsche Holsteins und Deutsches Fleckvieh erzeugt. Die auf die reinrassige Generation folgende erste Kreuzungsgeneration wird als F₁-Generation bezeichnet, die aus der F₁- entstandene als R₁-Generation. Alle Besamungen wurden künstlich durchgeführt. Nur in Spezialfällen kam der betriebseigene Deckbulle zum Einsatz.

1.3.2. Zusammensetzung der Versuchstiergruppen

Nicht alle Tiere der im LVG gehaltenen Milchviehherde wurden in die Auswertung einbezogen. Die Auswahl der zur Datenauswertung zugelassenen Kühe erfolgte anhand verschiedener Kriterien. Erste Voraussetzung war eine Mindestanzahl von 100 Melktagen im AMS pro Laktation nach dem Beginn bzw. vor dem Ende des Versuchszeitraumes. Dabei flossen von Einzeltieren bis zu vier Laktationen in die Auswertungen ein. Desweiteren sollten alle Kühe der R₁-Generation durch KB erzeugte Nachkommen der F₁-Generation sein. Sie wurden streng nach dem Prinzip der Wechselkreuzung ausgewählt. Von allen Tieren, die diese Anforderungen erfüllten, wurden die AMS- und Fruchtbarkeitsdaten ausgewertet. In diese Auswertung kamen insgesamt 193 Tiere mit zusammen 383 Laktationen über einen Zeitraum von 46,5 Monaten. Die Elternrassen (80 Tiere) wurden durch 27 DH- und 53 FV-Kühe repräsentiert, von denen jeweils 47 (DH) bzw. 103 (FV) Laktationen zur Auswertung kamen. Die Daten der F₁-Generation (74 Tiere) wurden von 42 Kreuzungstieren mit jeweils 50 % DH Vater- und 50 % FV Mutteranteilen (DH-FV), sowie von 32 Kreuzungstieren mit jeweils 50 % FV Vater- und 50 % DH Mutteranteilen (FV-DH) erhoben. Von ihnen kamen 90 (DH-FV) bzw. 77 (FV-DH) Laktationen zur Auswertung. Die R₁-Generation bestand zum einen aus 18 Kreuzungstieren mit einem DH-Genanteil von 75 %, die im Weiteren als Deutsch Holstein-Milchkreuzung (DH_FV-DH) bezeichnet werden. Zum anderen bestand sie aus 21 R₁-Kreuzungstieren mit einem FV-Genanteil von 75 %, die im Folgenden als Fleckvieh-Milchkreuzung (FV_DH-FV) angesprochen werden. Von der R₁-Generation kamen 33 Laktationen von jedem Genotyp zur Auswertung. Bei allen Kürzeln führt das Vätertier in der Namensgebung die jeweilige Rassenbezeichnung der Kühe an. Die genotypische Zusammensetzung der für die AMS- und Fruchtbarkeitsdaten im Versuchszeitraum herangezogenen Tiergruppe und deren Laktationen ist in Tabelle 13 aufgeführt.

Tabelle 13: Zusammensetzung der Tiergruppen für die Datenerhebung im AMS und die Fruchtbarkeitsdaten

		Anzahl Laktationen pro Tier				Anzahl Tiere/ Genotyp	Anzahl Laktationen/ Genotyp
		1	2	3	4		
Genotyp	DH	12	11	3	1	27	47
	FI	21	19	8	5	53	103
	DH-FI	14	13	10	5	42	90
	FI-DH	7	8	14	3	32	77
	DH-FI_DH	8	5	5	0	18	33
	FI-DH_FI	13	4	4	0	21	33
Anzahl Tiere		75	60	44	14	193	
Gesamtanzahl Laktationen		75	120	132	56		383

Von 192 dieser 193 Tiere lagen Prüftagesdaten der LKV-Milchleistungskontrollen vor. Die Daten dieser 192 Tiere mit 3204 Prüftagesdatensätzen aus insgesamt 363 Laktationen waren Auswertungsgrundlage der hier verwendeten LKV-Prüftages-daten. Die Anzahl der Tiere pro Genotyp und deren Verteilung mit den dazugehörigen Laktationen ist in Tabelle 14 aufgeführt.

Tabelle 14: Zusammensetzung der Versuchstiergruppen nach Genotyp und Laktationen der LKV-Prüftagesleistungen

		Anzahl Laktationen pro Tier				Anzahl Tiere/ Genotyp	Anzahl Laktationen/ Genotyp
		1	2	3	4		
Genotyp	DH	13	10	3	1	27	46
	FI	23	18	6	5	52	97
	DH-FI	14	13	10	5	42	90
	FI-DH	11	8	12	1	32	67
	DH-FI_DH	8	5	5	0	18	33
	FI-DH_FI	15	3	3	0	21	30
Anzahl Tiere		84	57	39	12	192	
Gesamtanzahl Laktationen		84	114	117	48		363

Die vom LKV erhobenen Prüftagesleistungen ergaben jedoch nicht notwendigerweise auch für jede der geprüften Kühe einen vollständigen LKV-Datensatz zu deren Laktationsleistung. Zusätzlich sollten die Tiere mindestens eine Laktationsdauer von 250 Tagen aufweisen. Für 173 der 192 Kühe lagen unter den genannten Kriterien insgesamt 316 Datensätze zur Auswertung der LKV-Laktationsleistung vor. Die Anzahl der Tiere pro Genotyp und deren Verteilung mit den dazugehörigen Laktationen ist der Tabelle 15 zu entnehmen.

Tabelle 15: Zusammensetzung der Versuchstiergruppen nach Genotyp und Laktationen mit mindestens 250 Tagen LKV-Laktationsleistung

		Anzahl Laktationen pro Tier				Anzahl Tiere/ Genotyp	Anzahl Laktationen/ Genotyp
		1	2	3	4		
Genotyp	DH	16	8	3	0	27	41
	FI	22	13	4	5	44	80
	DH-FI	19	10	6	5	40	77
	FI-DH	8	9	11	1	29	63
	DH-FI_DH	7	5	5	0	17	32
	FI-DH_FI	11	3	2	0	16	23
Anzahl Tiere		83	48	31	11	173	
Gesamtanzahl Laktationen		83	96	93	44		316

Anzumerken ist, dass das LVG einerseits möglichst optimale Bedingungen für die zahlreich laufenden Versuche sicherstellen muss, andererseits aber auch verpflichtet ist seinen Aufgaben in der Lehr-, Fort- und Weiterbildung nachzukommen. Aus diesen Gründen müssen auch Tiere gehalten werden, die unter wirtschaftlichen Gesichtspunkten in privaten Betrieben längst gemerzt worden wären. Die Zusammensetzung der Versuchsherde war deshalb nicht ausschließlich auf die in dieser Arbeit betrachteten Gesichtspunkte ausgerichtet. In unterschiedlichen, zeitgleich durchgeführten Versuchen wurden verschiedene Ziele verfolgt, die nicht immer eine optimale Versuchsanordnung und folglich auch keine optimale Datenzusammensetzung für die hier vorliegende Arbeit möglich machten. Dennoch gewährleisteten der gewählte Versuchsaufbau sowie die vorliegenden Daten der Versuchsherde eine solide Basis für die in dieser Arbeit zu Grunde gelegten Fragestellungen.

1.4. Haltung

Die gesamte Milchviehherde wurde ganzjährig in einem geschlossenen Boxenlaufstall mit Spaltenböden und Flüssigmistanlage gehalten. Der Stall war durch den Futtertisch in ein westliches und ein östliches Abteil untergliedert. Durch diese Aufteilung war die Herde praktisch zweigeteilt. Von jedem Abteil war ein automatisches Melksystem zugänglich, das sich am südlichen Ende befand.

Jedes Abteil bestand aus zwei Blöcken á 16 doppelreihigen Liegeboxen, bot somit Platz für jeweils 64 Tiere und war vollständig von Laufgängen umgeben. An der Nord- und der Südseite jedes Liegeboxenblockes befand sich jeweils eine Tränke. Pro Abteil standen zwei Wannen mit Lecksteinen zur Verfügung und für den Kuhkomfort eine Automatikbürste zur freiwilligen Nutzung. Die Liegeboxen des

Ostabteils waren als Tiefboxen mit Stroheinstreu ausgestaltet und hatten eine Abmessung von jeweils 1,15 m Breite und 2,20 m Länge. Die Laufgänge bestanden aus Betonspaltenböden.

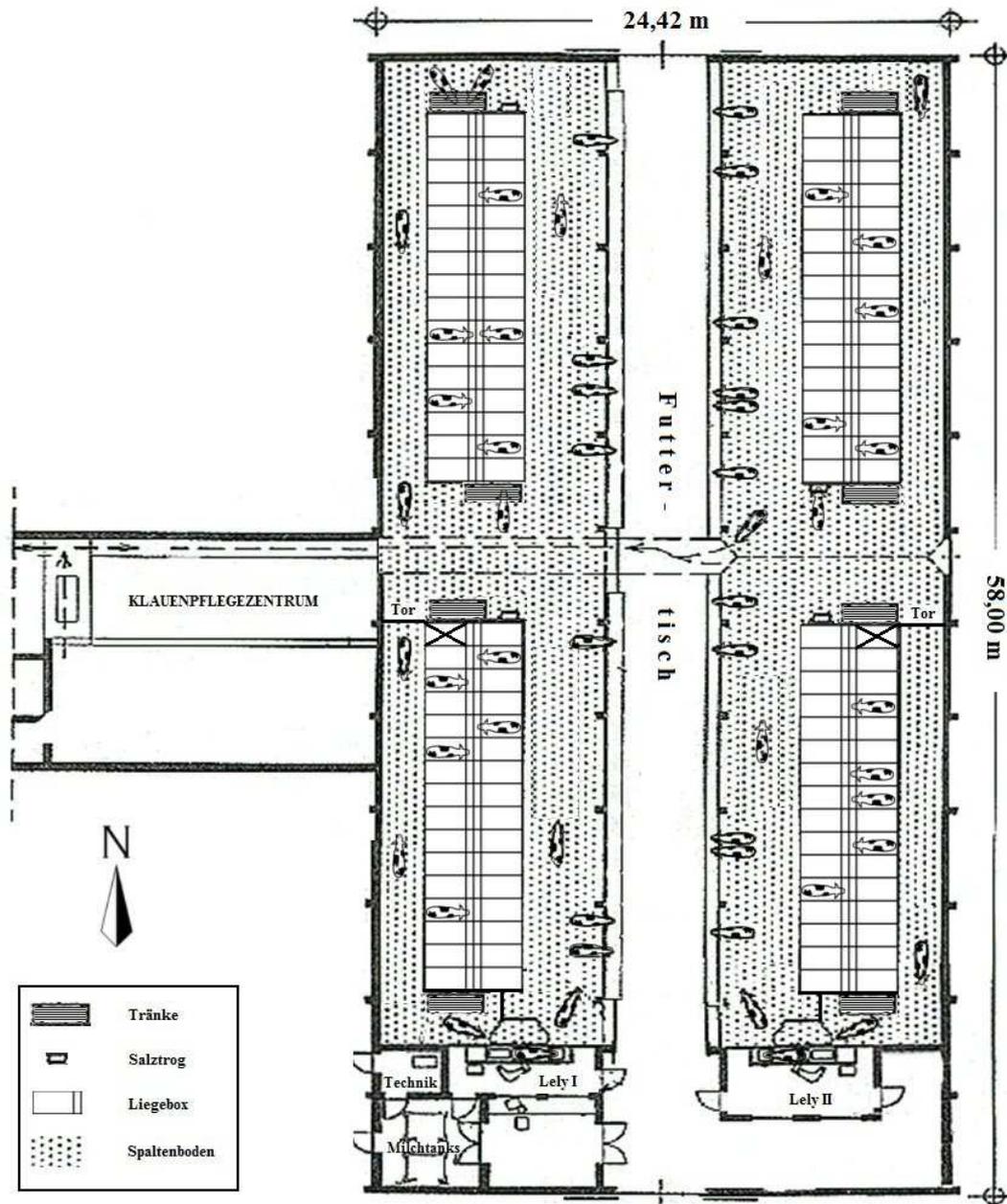


Abbildung 3: Übersichtsskizze des Laufstalls der Versuchsherde des Lehr- und Versuchsgutes Oberschleißheim zwischen Januar 2004 und Oktober 2007

Die Liegeboxen des Westabteils waren mit Gummiliegematten ausgelegte Hochboxen und wiesen jeweils Abmessungen von 1,15 m Breite und 2,20 m Länge mit 0,20 m Kantenhöhe auf. Hier waren die Laufgänge mit elastischen Auflagen ausgelegt. Der unterschiedlichen Ausgestaltung der Abteile wurde in der statistischen Auswertung Rechnung getragen.

Die Laufgangbreite zur Außenwand betrug bei beiden Abteilen 2 m, zum Futtertisch hin 3 m. Beide Abteile waren mit Fressfanggittern ausgestattet. Das AMS befand sich beiderseits auf der Südseite des Abteils. Die Luftzufuhr wurde durch eine Trauf-First-Lüftung in Verbindung mit vier Großraumventilatoren mit einer Stundenleistung von 50.000 m³ geregelt.

Zum Trockenstehen wurden die Kühe in einem separaten Stall untergebracht, dem Mehrzweckstall I, der für 40 Tiere ausgelegt war. Haltungsform in diesem Stall war die Anbindehaltung im Langstand mit Kramer-Riemen und Gitterrost. Zur Kalbung wurden die Kühe in einem 14 Tiere fassenden Abkalbestall mit Langstand, Kramer-Riemen und Gitterrost untergebracht. Im Abkalbestall wurden die Boxen mit Stroh eingestreut. Kranke Tiere wurden ebenfalls im Abkalbestall gehalten.

1.5. Milchentzug

Das Melken erfolgte über ein automatisches Milchentzugssystem der Firma Lely Industries N.V. Maasland/Netherlands mit dazugehörigem Nedap X-Pert-Managementsystem und Netzwerkanschluss. Jedes der beiden Stallabteile verfügte auf der südlichen Seite über einen baugleichen Melkroboter (siehe Abbildung 3). Über ein Milchleitungs- und Pressluftsystem erfolgte die Weiterleitung der Milch zur Zwischenlagerung in der Tankanlage. Die Reinigung erfolgte durch das entsprechende zentrale Reinigungssystem.

Die Anlage wurde von drei Vollzeitmitarbeitern in zwei Schichten bedient. Die Melkroboter arbeiteten im 24-stündigen Melkbetrieb, wobei jedes Tier der Versuchsgruppe durchschnittlich 3,0-mal pro Tag gemolken wurde. Neben der Aufsicht für den reibungslosen Betrieb der Anlage wurden vom Personal auch die Tiere an das AMS geführt, die länger als 12 h nicht gemolken worden waren. In der Regel betraten die Tiere das AMS freiwillig, da hier auch das leistungsbezogene Kraftfutter zugeteilt wurde.

1.5.1. Melkroboter

Zum Einsatz kam zwei Einboxen-Melkroboter des Typs „Astronaut A2“ der Firma Lely Industries N.V. Maasland/Netherlands. Jeder der beiden Melkroboter war als Kasten mit den Maßen 4,4 m Länge, 3,8 m Breite und 2,1 m Höhe konzipiert. Der Boden bestand größtenteils aus Riffelblech. In Höhe der Hintergliedmaßen der Kühe war ein Spaltenrost eingebaut. Die offene, dem Stall zugewandte Nord-

seite war mit einer Eingangs- und einer Ausgangstür aus Metallrohren ausgestattet. An der Kopfseite befand sich der Kraftfutterautomat. Die Bedienteile der AMS waren vom Personal von der Südseite ohne Tierkontakt zu erreichen. Hier befanden sich die Anlagensteuerung mit Nutzerinterface und die Anzeigen zur Melk- und Roboterüberwachung.

Die Tiere betraten den Melkroboter einzeln von Norden her und folgten dann der in Tabelle 16 beschriebenen Routine. In Tabelle 16 werden neben der Routineprozedur auch die wesentlichen Merkmale des Melksystems und der Ablauf der Hauptreinigung beschrieben, die dreimal täglich um 6:00 Uhr, 14:00 Uhr und 22:00 Uhr ausgeführt wurde.

Tabelle 16: Prozessschritte eines Tierbesuchs im AMS Lely „Astronaut 2“

Tierverkehr	Der Tierverkehr war gelenkt. Für den erneuten Zugang musste der südliche Liegeboxenblock einmal umrundet werden (Einbahnstraßen-System).
Tierererkennung	Nach Betreten des AMS und bei geschlossenem Ausgangstor erfolgte die Tierregistrierung durch eine Transpondererkennung. Die Eingangstür wurde geschlossen und die Kuhdaten wurden abgefragt. Mit Melkanrecht erfolgte die Tierpositionierung; ohne Melkanrecht wurde die Kuh entlassen, nötigenfalls ausgetrieben.
Tierpositionierung	Das Tier wurde durch den Futterschacht im vorderen AMS-Teil und den Kotrost im hinteren Bodenteil des AMS passiv positioniert. Das Tier wurde nicht fixiert.
Fütterung	Das leistungsbezogene Kraftfutter wurde im AMS über den Kraftfutterautomaten bereitgestellt.
Melkberechtigung	Die Melkberechtigung wurde während des Versuchszeitraums alle 7h erteilt. Ausnahmen waren der vorzeitige Abbruch des Melkvorgangs oder eutergesundheitliche Gründe.
Reinigungsmodul	Das Reinigungsmodul bestand aus einem Schwenkarm mit gegenläufigen Bürstenrollen.
Melkmodul	Die vier Melkbecher mit separater Ableitung waren mit der Becheröffnung nach oben auf einem Multifunktionsarm untergebracht.
Zitzenauffindung	Auf dem Multifunktionsarm war ein fotooptisches System installiert, welches mit Hilfe eines Lasers die Zitze erkannte. Beim erstmaligen Melken einer Kuh musste dem AMS durch manuelles Heranfahen des Multifunktionsarms die Position jeder Zitze mitgeteilt werden.
Zitzenreinigung	Das Reinigungsmodul wurde eingeschwenkt und führte eine Vorreinigung der Vorderzitzen durch. Darauf folgte erst die Hauptreinigung der Hinter-, dann die der Vorderzitzen.
Ansetzen	Der Multifunktionsarm wurde nach Auffinden der Vor-

	der- und Hinterzitzen zwischen den Vorderzitzen positioniert und setzte in der Reihenfolge RH, LH, LV und RV an.
Vormelken	Mit dem Aufbau und der Kontrolle des Vakuums wurde jedes Viertel individuell vorgemolken und die Milch separat abgeführt. Gleichzeitig wurden die Reinigungsrollen ausgeschwenkt und desinfiziert.
Melken	Die Milch jeden Viertels wurde separat entzogen und abgeleitet; der Multifunktionsarm fixierte in dieser Zeit die Milchschräuche unter der Kuh.
Messparameter	Während des Melkens wurden auf Euterviertelenebene die Leitfähigkeit sowie die Milchmenge gemessen und mit Werten verglichen, die von diesem Tier bereits vorlagen. Abweichungen wurden auf dem Bildschirm angezeigt. Außerdem wurden der Milchfluss, die Gesamtmilchmenge, die Melkzeit und der Leitfähigkeitswert ermittelt.
Abnahme	Bei Unterschreiten des voreingestellten minimalen Milchflusses wurde der Melkbecher automatisch abgenommen.
Zitzendesinfektion	Am Multifunktionsarm war eine Düse angebracht, die Zitzen und Euterboden mit Desinfektionsmittel besprühte.
Nachbereitung	Der Multifunktionsarm wurde wieder in die Ausgangsstellung zurückgefahren. Die ermolkene Milchmenge wurde gemessen, abgepumpt und das Tier aus dem AMS entlassen. Der Kraftfutterverbrauch wurde registriert und mit den anderen Daten in das Managementprogramm übertragen. Nach Schließen des Ausgangs- und Öffnen des Eingangstores war das AMS für den nächsten Besuch bereit.
Reinigung	Eine Hauptreinigung dauerte 12 Minuten und wurde mit Heißwasser, Reinigungs- und Desinfektionsmittel durchgeführt. Eine Reinigung mit Desinfektionsmittel erfolgte auch nach jeder auffälligen Kuh (Wartezeit, erhöhte Zellzahl, erhöhte Leitfähigkeitswerte). Wenn 15 Minuten keine Kuh im Roboter war, wurde mit klarem Wasser gespült. Eine Zwischenspülung war nach jeder Melkung möglich.

1.6. Herdenmanagement

Das Herdenmanagement oblag dem angestellten Herdenmanager in Absprache mit der Leitung des Versuchsgutes. Für die täglichen Melk- und Stallarbeiten standen dem Herdenmanager drei landwirtschaftliche Fachangestellte zur Seite.

1.6.1. Tiermedizinische Betreuung

Die tiermedizinische Betreuung erfolgte verantwortlich durch den im Betrieb fest angestellten Tierarzt. Ihm standen im häufigen Wechsel Doktoranden der Tiermedizinischen Fakultät der Ludwig-Maximilians-Universität München zur Seite. Desweiteren wurden die Tiere von Studierenden im Rahmen ihrer veterinärmedizinischen Ausbildung begutachtet, untersucht und behandelt.

Zweimal täglich wurden vom AMS Listen mit Kennwerten der Kühe erstellt und kontrolliert. Bei Auffälligkeiten, beispielsweise zu hohen Abweichungen der LF-Werte zwischen den Vierteln einer Kuh, wurden die betroffenen Tiere genauer untersucht und entsprechende Maßnahmen eingeleitet.

1.6.2. Stallarbeit

Die Stallarbeiten wurden von dem angestellten Stallpersonal durchgeführt. Die Spaltenböden des Laufstalls wurden täglich mit einem Kersten K1320-Spaltenschieber gereinigt. Die Tiefboxen auf der östlichen Stallseite wurden täglich frisch mit Strohhäcksel eingestreut und einmal wöchentlich aufgebettet sowie gekalkt. Die Hochboxen der westlichen Stallseite sind täglich gereinigt und gekalkt worden.

1.6.3. Reproduktion und Brunstbeobachtung

Die Brunstbeobachtung erfolgte unter der Verantwortung des Herdenmanagers täglich zweimal für jeweils 30 bis 40min. Außerdem hatten alle Tiere einen Halsriemen mit einem Transponder, der auch Aktivitätsmessung (über die Erfassung der Häufigkeit der Kopfbewegungen) zuließ. Tiere, die eine erhöhte Aktivität zeigten, wurden dann gezielt beobachtet. Desweiteren war das Stallpersonal angewiesen, bei jedem Stallaufenthalt oder jeder Stalltätigkeit gezielt auf Brunstsymptome der Tiere zu achten und umgehend an den Herdenmanager oder einen der Tierärzte weiterzugeben. In den allermeisten Fällen wurde künstlich besamt. Nur in Spezialfällen kam der betriebseigene Deckbulle zum Einsatz. Nach 42 Tagen wurde eine Trächtigkeitsuntersuchung durchgeführt. Als freiwillige Wartezeit wurden 60 Tage angegeben. Lagen die Einsatzleistungen über 45 kg Milch/Tag, wurde im Versuchszeitraum die freiwillige Wartezeit teilweise bis auf 100 Tage erhöht.

1.6.4. Trockenstellen

Die Tiere wurden durch abruptes Abbrechen des Melkens, also von einer auf die andere Melkzeit, trockengestellt. Dies geschah in der Regel 8 Wochen vor dem errechneten Kalbetermin. Sank die Tages-Milchleistung dauerhaft - länger als drei Tage - unter 10 kg, wurde die Kuh bereits vorzeitig trockengestellt. Ca. 95 % der Tiere wurden dabei mit Trockenstellern unter Antibiotikalangzeitschutz gestellt. Lediglich Tiere mit sehr niedriger Zellzahl, die auch während der ganzen Laktation unauffällig waren, erhielten keine Trockenstellermedikation. Während der ersten 5 Wochen des Trockenstehens wurden die Tiere, wie schon erwähnt, im Mehrzweckstall I untergebracht. Die letzten drei Wochen liefen sie zur Gewöhnung an die TMR (Totale Mischration) ohne Melkberechtigung wieder im Laufstall mit.

1.6.5. Fütterung

Die Tiere erhielten zweimal täglich eine TMR, die neben dem Grundfutter auch einen Teil an Kraftfutter enthielt (je nach Füttersituation 1 kg bis 2 kg). Das restliche Kraftfutter wurde den Tieren, je nach Milchleistung, im Melkroboter (maximale Menge war dabei 9 kg) verabreicht. Die detaillierte Zusammensetzung der Futterrationen ist aus Tabelle 17 ersichtlich.

Tabelle 17: Zusammensetzung der Futtermittel in % Frischmasse an der Gesamtration der Versuchstiere im Versuchszeitraum

Futtermittel Tiergruppe		Futtermittel in % Frischmasse an der Gesamtration											Gesamt
		Grassilage	Maisilage	Körnermais	Sojaschrot*	Rapsschrot	Gerste	Hafer	Weizen	Heu	Gerstenstroh	Mineralfutter	
Grundfutter	Leistungsgruppe Laufstall	36,6	56,2	1,2	2,4	2,4	-	-	-	1,2	-	-	100
	Trockensteher	81,8	-	-	-	-	-	-	-	4,6	13,6	-	100
Kraftfutter	Verabreichung über TMR	-	-	20,0	14,1	-	22,3	**7,5	33,5	-	-	2,6	100
	Verabreichung über AMS	-	-	15,0	*30,8	-	21,6	5,8	24,6	-	-	2,2	100

* Sojaschrot wurde teilweise durch 10 % Rapsschrot und bis zu 8 % Lipicafett ersetzt. ** Hafer wurde teilweise durch bis zu 5 % Rapsschrot ersetzt. TMR = total mixed ration, AMS = Automatisches Melksystem

2. Statistische Methoden

2.1. Allgemeines

Aus der Milchviehherde des Lehr- und Versuchsgutes Oberschleißheim der Ludwig-Maximilians-Universität München wurden im Versuchszeitraum Tiere der Rassen Deutsche Holsteins und Deutsches Fleckvieh ausgewählt und Kühe, die dem Kreuzungsschema der Wechselkreuzung aus diesen beiden Rassen entsprachen. Alle Tiere mussten mindestens 100 Tage in Laktation stehen. Es wurden 193 Tiere verschiedener Genotypen mit insgesamt 383 Laktationen erfasst und deren AMS- und Fruchtbarkeitsdaten ausgewertet (siehe Tabelle 13). Weiterhin wurden alle vom LKV zu diesen Tieren im Versuchszeitraum verfügbaren Daten ausgewertet. Es handelte sich dabei zum einen um die LKV-Laktationsdaten und zum anderen um die LKV-Prüftagesdaten (siehe Tabelle 14 und Tabelle 15). Die LKV-Laktationsdaten wurden jedoch nur von den Kühen berücksichtigt, die mindestens 250 Laktationstage aufwiesen. Anzumerken bleibt, dass zwar alle Tiere die oben genannten Anforderungen erfüllen mussten, sich dennoch die Zusammensetzungen der Tiergruppen der einzelnen Modelle unterschied. Diese Veränderung der Stichprobe konnte bei der Schätzung von gleichen Parametern gegebenenfalls zu unterschiedlichen Ergebnissen führen, auf die in der Diskussion näher eingegangen wird.

Alle Daten wurden von dem dafür zuständigen Informatiker in eine SQL-Datenbank (SQL Server[®], Version 9, der Microsoft Corporation[™], Redmond, WA) überführt, dort bereinigt und bearbeitet. Ausgewertet wurden diese Daten mit Hilfe des Statistik-Programms SAS[®] Version 9.2 (Statistical Analysis System Institute Inc.[™], Cary, NC). Die Funktion der betrachteten Leistungsmerkmale wurde jeweils in einem gemischten Modell mit fixen und zufälligen Effekten anhand der Prozedur MIXED geschätzt. Dafür kam die Varianzkomponentenanalyse Restricted Maximum Likelihood oder auch Residual Maximum Likelihood (REML) zum Einsatz. Alle mit SAS ausgewerteten Daten folgten dem allgemeinen linearen gemischten Modell:

$$y = X\beta + Z\gamma + e$$

mit:

Y – Beobachtungsvektor

- β – Vektor der fixen Effekte
- γ – Vektor der zufälligen Effekte
- e – Vektor der zufälligen Resteffekte
- X – Designmatrix der fixen Effekte
- Z – Designmatrix der zufälligen Effekte

Die fixen Effekte wurden mittels F-Test, dem SAS Typ-III-Test (Typ III Quadratsummentest), auf Signifikanz überprüft.

Für den fixen Effekt „Genotyp“ wurden für alle betrachteten Leistungsmerkmale least square means (LSM) bzw. Kleinst-Quadrat-Mittelwerte sowie deren Differenzen berechnet. Die MIXED Prozedur verwendet bei diesen Berechnungen gewichtete kleinste Quadrate. Standardfehler wurden basierend auf der REML Schätzungen der Varianzkomponenten berechnet. Die Schätzungen der Freiheitsgrade wurden nach der Satterthwaite-Methode durchgeführt. Die LSM und deren Differenzen wurden mittels T-Tests auf Signifikanz geprüft. Für alle in SAS durchgeführten F- und T-Tests wurde die Signifikanzgrenze für die Irrtumswahrscheinlichkeit bei $p = 0,05$ festgelegt.

Zur Auswertung des nicht zufällig verteilten Trächtigkeitsindex wurden die erfassten Daten aus der SQL-Datenbank nach Access (Office Access 2007, der Microsoft CorporationTM, Redmond, WA) überführt. In Access wurden sowohl der Mittelwert als auch die Standardabweichung berechnet. In gleicher Weise wurde mit der Auswertung des Erstkalbealters verfahren. Die durchschnittlichen Verzögerungszeiten sowie die durchschnittlichen Tragezeiten wurden aus den zuvor berechneten Größen Rastzeit, Günstzeit und Zwischenkalbezeit berechnet.

Die Heterosis wurde nach Stufflebeam (1989), Buchanan und Northcutt (1999) und (Fürst-Waltl, 2005) aus folgenden Formeln errechnet:

$$\text{Heterosis (h)} = \text{Kreuzungsdurchschnitt} - \text{Elterndurchschnitt}$$

Beispiel F₁-Generation:

$$\text{Heterosis (F}_1\text{)} = (DH_FV + FV_DH) \times 0,5 - (DH + FV) \times 0,5$$

Beispiel R₁-Generation:

$$\text{Heterosis (R}_1\text{)} = (DH-FV_DH + FV-DH_FV) \times 0,5 - (DH + FV-DH + FV + DH-FV) \times 0,25$$

Die Heterosis wurde für beide Generationen nach der gleichen Formel berechnet. Die der F₁-Generation entsprach der maximal möglichen Heterosis, die Heterosis für die R₁-Generation wurde in Höhe von 50 % der F₁- Heterosis erwartet (siehe

Abschnitt II.1.3). Für die Berechnung der zu erwartenden Heterosis in der R_1 -Generation wurde deren Elterndurchschnitt - wie er im Beispiel für die Heterosisberechnung der R_1 -Generation oben benutzt wurde - verwendet. Der Gebrauch der gleichen Formel für die R_1 -Generation ergab damit den Wert der Abweichung zur erwarteten Heterosis.

2.2. Modelle

Um in den gewählten Datenmodellen ähnliche Effekte berücksichtigen zu können, wurden Klassen gebildet. Für den saisonalen Einfluss auf die Leistung der Kühe wurden Saisonklassen gebildet, für den Alterseinfluss bei Erstkalbung Erstkalbeklassen und für den Einfluss der Laktationsnummer Laktationsklassen (siehe Tabelle 18).

Tabelle 18: Klassen mit Klassengrenzen

Erstkalbe- klasse	Erstkalbealter in Tagen	Saison- klasse	Zeitraum	Laktations- klasse	Laktation
1	700 bis 760	1	Januar - Februar	1	1
2	761 bis 820	2	März - April	2	2 und 3
3	821 bis 880	3	Mai - Juni	3	4 bis 7
4	881 bis 940	4	Juli - August		
5	941 bis 1000	5	September - Oktober		
6	1001 bis 1060	6	November - Dezember		
7	>1060				

2.2.1. AMS-Daten

Für die Daten des AMS wurde ein Modell für die Leistungsmerkmale Tagesmilchleistung, Milchmenge pro Gemelk, Anzahl an Gemelken, Melkzeit, Abstand zwischen den Gemelken, durchschnittlicher Milchfluss, maximaler Milchfluss und Leitfähigkeit erstellt. Im Versuchszeitraum wurden von 193 Tieren an 109.232 Melktagen insgesamt 326.085 Datensätze von Einzelgemelken gesammelt. Es wurden nur Gemelke berücksichtigt, bei denen mindestens 0,5 kg Milch ermolken wurde. Als fixe Einflüsse bzw. Effekte auf diese Leistungsmerkmale wurden der Melkroboter, die Abkalbesaisonklasse * dem Kalbejahr, die Erstkalbeklasse, die Laktationsklasse, die Melksaisonklasse und der Genotyp in das Datenmodell aufgenommen. Kovariante war der Laktationstag. Der Vater innerhalb der Vatterrasse ging als zufälliger Effekt in das Modell ein. Das Modell folgt der Gleichung:

$$Y_{ijklmnopqr} = A_i + (K_j * J_k) + F_l + L_m + M_n + G_o + v_p (s_q) + \beta T_r + e_{ijklmnopqr}$$

mit:

$Y_{ijklmnopqr}$	=	beobachtetes Leistungsmerkmal
A_i	=	fixer Effekt des AMS
K_j	=	fixer Effekt der Abkalbesaisonklasse
J_k	=	fixer Effekt des Kalbejahres
F_l	=	fixer Effekt der Erstkalbeklasse
L_m	=	fixer Effekt der Laktationsklasse
M_n	=	fixer Effekt der Melksaisonklasse
G_o	=	fixer Effekt des Genotyps
v_p	=	zufälliger Effekt des Vaters
s_q	=	zufälliger Effekt der Vatterasse
βT_r	=	lineare Regression auf den Laktationstag
$e_{ijklmnopqr}$	=	zufälliger Restfehler

2.2.2. LKV-Daten

Diese Daten wurden im Rahmen der Milchleistungsprüfungen (MLP) innerhalb des Versuchszeitraumes vom Landeskuratorium der Erzeugerringe für tierische Veredelung in Bayern e.V. (LKV) erhoben. Die MLP wurden, gleichmäßig über 12 Monate verteilt, 11-mal jährlich durchgeführt und erfolgten im Shuttle-Verfahren. Dabei wurden über einen Zeitraum von 24 Stunden Proben von jeder erfolgten Melkung durch eine betriebseigene Probenahmeverrichtung, dem sogenannten Shuttle (hier: AMS), entnommen. Die aus diesen Proben gewonnenen Daten (LKV-Prüftagesdaten) lieferten Informationen zu Tagesmilchmenge, Fettanteil, Eiweißanteil, Harnstoff- und Zellgehalt der Milch.

Von 192 der 193 im AMS gemolkenen Kühe lagen LKV-Daten zu den einzelnen Prüftagen (Prüftagesdaten) vor. Die aus den Prüftagesdaten geschätzten LKV-Laktationsdaten lagen für 173 Tiere vor. Zusatzkriterium für diese 173 Tiere war eine Laktationslänge von mindestens 250 Tagen.

2.2.2.1. Laktationsdaten

Für die LKV-Laktationsdaten wurde ein Modell für die Leistungsmerkmale Milchmenge, Fettmenge und Fettprozent, Eiweißmenge und Eiweißprozent sowie Harnstoff- und Zellgehalt erstellt. In die Auswertung gelangten nur Kühe, die die bereits oben genannten Kriterien erfüllten und darüber hinaus bei der MLP eine

Mindestanzahl von 250 Laktationstagen aufwiesen. Im Versuchszeitraum wurden 316 Laktationsdatensätze von 173 Tieren gesammelt. Als fixe Einflüsse bzw. Effekte auf diese Leistungsmerkmale wurden der Melkroboter, die Abkalbesaisonklasse * Kalbejahr, die Laktationsklasse, die Prüfnummer und der Genotyp in das Datenmodell aufgenommen. Kovariante war die Anzahl der Laktationstage. Das beobachtete Tier selbst und der Vater innerhalb der Vatterrasse gingen als zufällige Effekte in das Modell ein. Das Modell folgt der Gleichung:

$$Y_{ijklmnop} = A_i + (K_i * J_j) + L_k + G_l + q_m + v_n (s_o) + \beta T_p + e_{ijklmnop}$$

mit:

$Y_{ijklmnop}$	=	beobachtetes Leistungsmerkmal
A_i	=	fixer Effekt des AMS
K_i	=	fixer Effekt der Abkalbesaisonklasse
J_j	=	fixer Effekt des Kalbejahres
L_k	=	fixer Effekt der Laktationsklasse
G_l	=	fixer Effekt des Genotyps
q_m	=	zufälliger Effekt des beobachteten Tieres
v_n	=	zufälliger Effekt des Vaters
s_o	=	zufälliger Effekt der Vatterrasse
βT_p	=	lineare Regression auf die Anzahl der Laktationstage
$e_{ijklmnop}$	=	zufälliger Restfehler

In das ebenfalls aus den LKV-Laktationsdaten erstellte Modell für die korrigierte Milchmenge wurden zusätzlich die Kovarianten βF_q und βP_r aufgenommen. Durch eine lineare Regression auf die Fett- (βF_q) und die Eiweißmenge (βP_r) erfolgte die Korrektur der Milchleistung.

2.2.2.2. Prüftagesdaten

Für die LKV-Prüftagesdaten wurde ein Modell für die Leistungsmerkmale Tagesmilchmenge, Milchfettgehalt, Milcheiweißgehalt, Harnstoffgehalt und Zellgehalt erstellt. Im Versuchszeitraum wurden 3204 Prüftagesdatensätze von 192 Tieren gesammelt. Als fixe Einflüsse bzw. Effekte auf diese Leistungsmerkmale wurden der Melkroboter, die Abkalbesaisonklasse * Kalbejahr, die Laktationsklasse, die Prüfnummer und der Genotyp in das Datenmodell aufgenommen.

Das beobachtete Tier und der Vater innerhalb der Vaterrasse gingen als zufällige Effekte in das Modell ein. Das Modell folgt der Gleichung:

$$Y_{ijklmnopq} = A_i + (K_j * J_k) + L_l + P_m + G_n + q_o + v_p (S_q) + e_{ijklmnopq}$$

mit:

$Y_{ijklmnopq}$	=	beobachtetes Leistungsmerkmal
A_i	=	fixer Effekt des AMS
K_j	=	fixer Effekt der Abkalbesaisonklasse
J_k	=	fixer Effekt des Kalbejahres
L_l	=	fixer Effekt der Laktationsklasse
P_m	=	fixer Effekt der Prüfnummer
G_n	=	fixer Effekt des Genotyps
q_o	=	zufälliger Effekt des Einzeltieres
v_p	=	zufälliger Effekt des Vaters
S_q	=	zufälliger Effekt der Vaterrasse
$e_{ijklmnopq}$	=	zufälliger Restfehler

2.2.3. Fruchtbarkeitsdaten

Zu jedem Tier wurden neben den tierindividuellen Informationen (z.B. Geburtstag, Abstammung) auch Daten zu Erstbelegung bei Kalbinnen, Erst- bzw. Nachbesamungen, Trächtigkeitszeitpunkt, Kalbezeitpunkt, Zeitpunkt der Trockenstellung usw. erhoben. Diese Informationen wurden für jedes Tier in eine SQL-Datenbank eingepflegt, mit den AMS-Daten zusammengeführt und ausgewertet. Aus diesen Daten wurde ein Modell für die Leistungsmerkmale Rastzeit, Gützeit und Zwischenkalbezeit erstellt. Diese Werte dienen als Berechnungsgrundlage für die durchschnittliche Verzögerungs- und Tragezeit. Von 193 Kühen standen 383 Datensätze zur Verfügung.

Als fixe Einflüsse bzw. Effekte wurden der Melkroboter, das Kalbejahr, die Laktationsklasse und der Genotyp in das Datenmodell aufgenommen. Der Vater innerhalb der Vaterrasse und die Erstkalbeklasse gingen als zufällige Effekte in das Modell ein. Das Modell folgt der Gleichung:

$$Y_{ijklmno} = A_i + J_j + L_k + G_l + v_m + S_n + f_o + e_{ijklmno}$$

mit:

$Y_{ijklmno}$	=	beobachtetes Leistungsmerkmal
A_i	=	fixer Effekt des AMS
J_j	=	fixer Effekt des Kalbejahres
L_k	=	fixer Effekt der Laktationsklasse
G_l	=	fixer Effekt des Genotyps
V_m	=	zufälliger Effekt des Vaters
S_n	=	zufälliger Effekt der Vatterrasse
f_o	=	zufälliger Effekt der Erstkalbeklasse
$e_{ijklmno}$	=	zufälliger Restfehler

Der Mittelwert und die Standardabweichung des Trächtigkeitsindex wurden aufgrund der nicht linearen Verteilung mit Hilfe von Access ausgewertet. In gleicher Weise wurde mit der Auswertung des Erstkalbealters verfahren. Die durchschnittlichen Verzögerungszeiten sowie die durchschnittlichen Tragezeiten wurden aus den zuvor berechneten Größen Rastzeit, Gützeit und Zwischenkalbezeit berechnet.

IV. ERGEBNISSE

1. AMS-Daten

Die AMS-Daten wurden über die beiden im Stall befindlichen baugleichen Melkroboter „Astronaut A2“ der Firma Lely erhoben. Es standen insgesamt 326.085 Datensätze von Kühen der untersuchten Milchviehherde zur Verfügung.

1.1. Tagesmilchmenge

Die Tagesmilchmenge aus den AMS-Daten wurde auf den Einfluss des jeweiligen Laktationstages korrigiert. Der Effekt des Genotyps, wie auch alle anderen im Modell berücksichtigten Effekte waren signifikant. Für die Schätzung der durchschnittlichen Tagesmilchmenge kamen 109.409 Datensätze zur Auswertung.

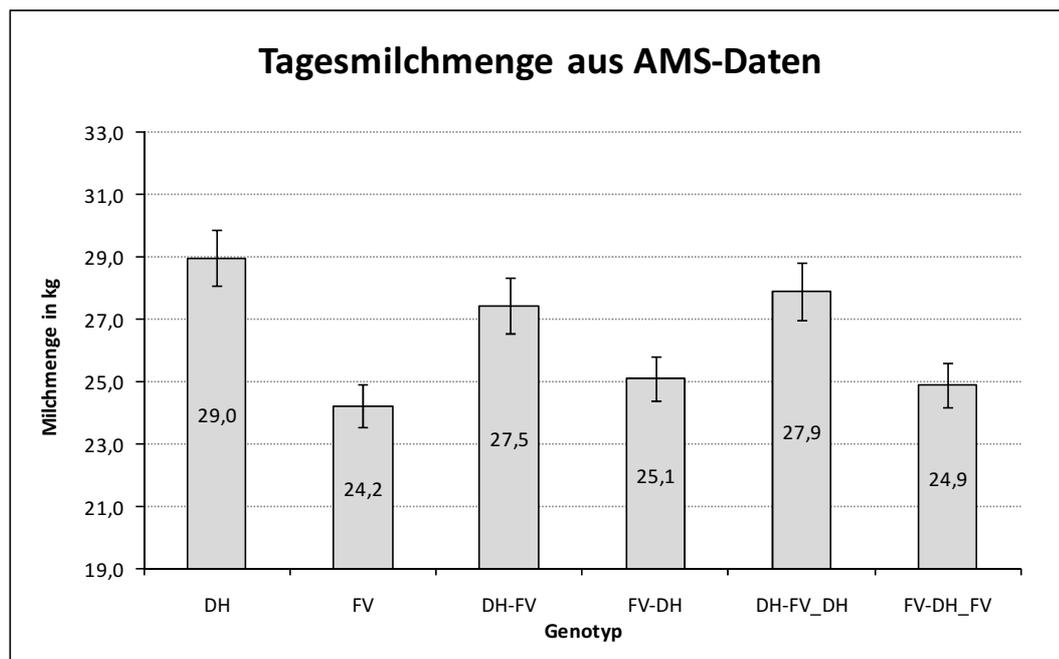


Abbildung 4: Tagesmilchmenge in kg aus AMS-Daten

Erwartungsgemäß war die durchschnittliche Tagesleistung bei den DH mit 29,0 kg Milch am höchsten und beim FV mit 24,2 kg Milch am niedrigsten, womit sie sich signifikant unterschieden. Die durchschnittliche Tagesmilchleistung der reinrassigen Genotypen lag bei 26,61 kg. Die Tagesmilchleistungen der F₁-Generation unterschieden sich signifikant von denen der reinrassigen Tiere. Aber auch innerhalb der F₁-Generation war der Unterschied in der Tagesmilchleistung

signifikant. Die durchschnittliche Tagesleistung der F_1 -Generation betrug 26,29 kg Milch, der Heterosiseffekt war damit negativ und betrug -0,32 kg (-1,2 %) Milch. In der R_1 -Generation zeigte die Deutsch Holstein-Milchkreuzung (DH_FV-DH) mit 27,9 kg Milch nach den DH die zweithöchste, die Fleckvieh-Milchkreuzung (FV_DH-FV) mit 24,9 kg Milch die zweitniedrigste Tagesleistung. Auch diese Leistungen unterschieden sich signifikant. Die Heterosis der R_1 -Generation wurde, wie unter Abschnitt II.1.3 bzw. Abschnitt III.2.1 erwähnt, mit 50 % der in der F_1 -Generation gezeigten Heterosis erwartet, also mit -0,16 kg (-0,60 %), was einer erwarteten Tagesleistung von 26,45 kg Milch entsprochen hätte. Die durchschnittliche Tagesleistung der R_1 -Generation betrug jedoch 26,41 kg Milch. Damit entsprach sie einer negativen Abweichung von der erwarteten Heterosis in Höhe von 0,04 kg (-0,16 %).

1.2. Milchmenge pro Gemelk

Die Milchmenge pro Gemelk aus den AMS-Daten wurde auf den Einfluss des jeweiligen Laktationstages korrigiert. Der Effekt des Genotyps, wie auch alle anderen im Modell berücksichtigten Effekte waren signifikant. Für die Schätzung der durchschnittlichen Milchmenge pro Gemelk kamen 326.085 Datensätze zur Auswertung.

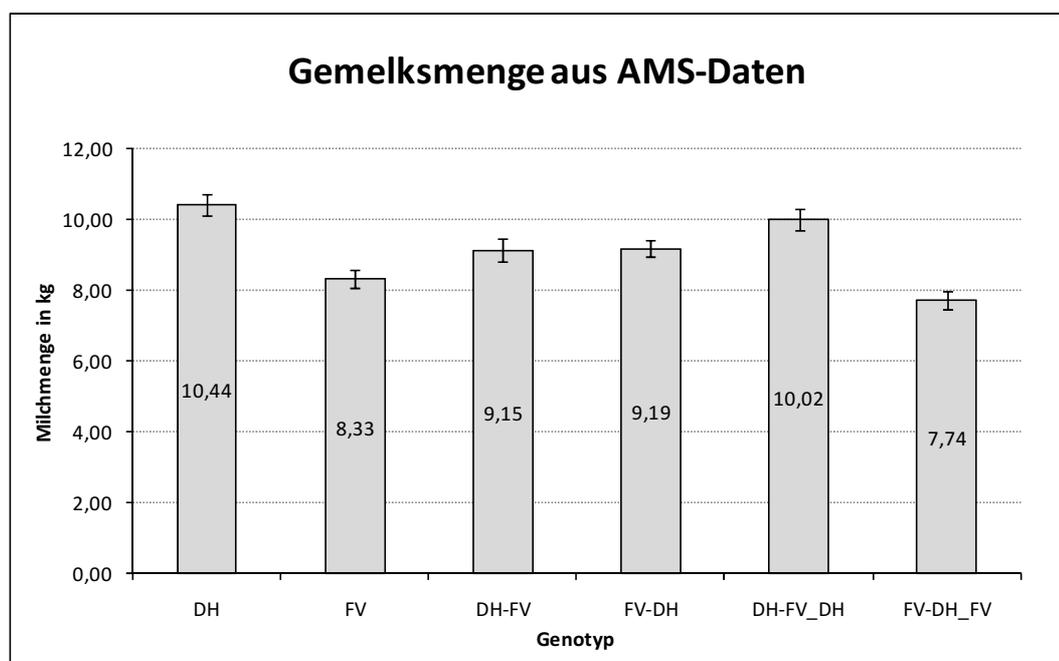


Abbildung 5: Milchmenge pro Gemelk in kg aus AMS-Daten

Wie erwartet, war die durchschnittliche Gemelksmenge bei den DH mit 10,44 kg am höchsten. Das FV erreichte mit durchschnittlich 8,33 kg Milch die zweitniedrigste Gemelksmenge und unterschied sich damit signifikant von den DH. Die durchschnittliche Gemelksmenge der beiden reinrassigen Genotypen lag bei 9,39 kg Milch. DH-FV und FV-DH erreichten mit 9,15 kg und 9,19 kg Milch pro Gemelk mittlere und nahezu identische Werte. Beide unterschieden sich nicht signifikant voneinander, jedoch von allen anderen Genotypen. Die F₁-Generation leistete eine durchschnittliche Gemelksmenge von 9,17 kg Milch, womit sich ein Unterschied zur Elterngeneration von -0,22 kg (-2,33 %) Milch pro Gemelk ergab. Die DH-Milchkreuzung (DH_FV-DH) erzielte mit 10,02 kg die zweithöchste Milchmenge pro Gemelk, die FV-Milchkreuzung (FV_DH-FV) mit 7,74 kg überraschenderweise die niedrigste. Beide Genotypen unterschieden sich damit sowohl untereinander als auch von allen anderen signifikant. Die durchschnittliche Gemelksmenge in der R₁-Generation betrug 8,88 kg. Die Abweichung von der F₁-Generation betrug damit -0,29 kg Milch pro Gemelk (-3,17 %) und von der reinrassigen Generation -0,51 kg (-5,43 %).

1.3. Anzahl an Gemelken

Die durchschnittliche Anzahl der Gemelke aus den AMS-Daten wurde auf den Einfluss des jeweiligen Laktationstages korrigiert. Der Effekt des Genotyps, wie auch alle anderen im Modell berücksichtigten Effekte waren signifikant. Für die Schätzung der durchschnittlichen Anzahl an Gemelken kamen 109.409 Datensätze zur Auswertung.

Die DH wiesen mit 2,82 Gemelken pro Tag nicht die geringste Besuchshäufigkeit im AMS auf. Das FV lag mit 2,94 Gemelken pro Tag im Mittelfeld. Die reinrassigen Genotypen besuchten das AMS damit durchschnittliche 2,88 Mal pro Tag. Sie unterschieden sich in der Anzahl der Gemelke pro Tag nicht signifikant voneinander. FV-DH kam mit 2,80 Gemelken pro Tag auf die niedrigste Anzahl, DH-FV mit 3,07 auf die zweithöchste; sie unterschieden sich damit signifikant. Die F₁-Generation besuchte das AMS somit durchschnittlich 2,93 Mal pro Tag, was einer Steigerung von 0,06 Besuchen (1,94 %) gegenüber der Elterngeneration entsprach. DH-FV_DH mit 2,86 Gemelken pro Tag und FV-DH_FV mit 3,22 Gemelken pro Tag besuchten das AMS mit durchschnittlich 3,04 Mal am häufigsten. Damit zeigte die R₁-Generation eine Differenz zur F₁-Generation von

+0,10 Besuchen (+3,51 %) und +0,16 Besuchen (+5,51 %) zur reinrassigen Generation.

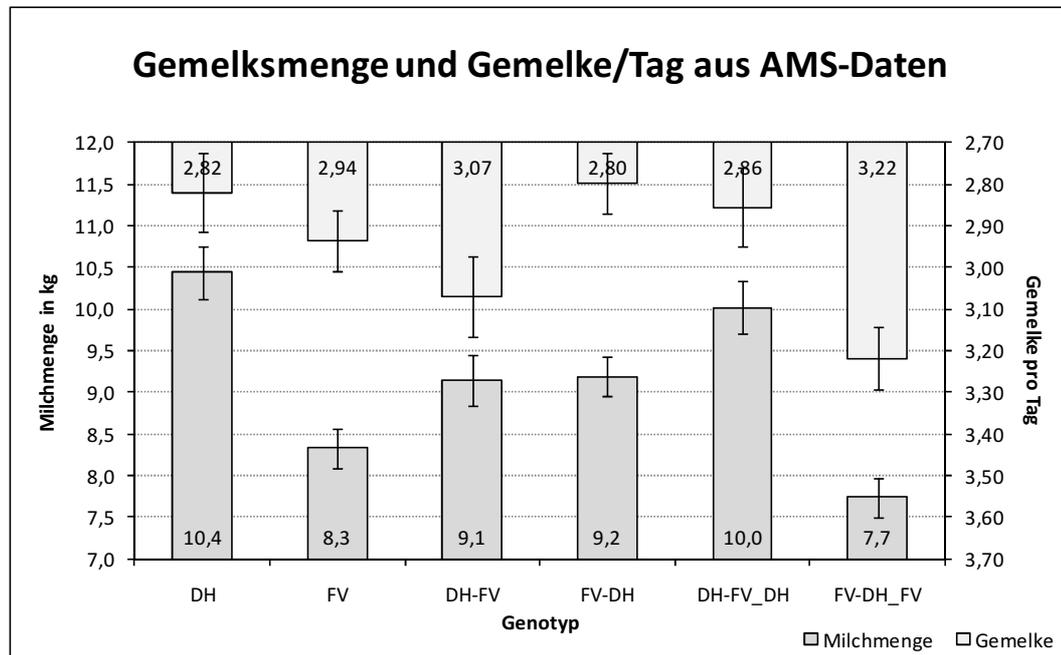


Abbildung 6: Gemelksmenge in kg Milch und Anzahl Gemelke pro Tag aus AMS-Daten

1.4. Zeitabstand zwischen den Gemelken

Die Werte zum Zeitabstand zwischen den Gemelken aus den AMS-Daten wurden auf den Einfluss des jeweiligen Laktationstages korrigiert. Der Effekt des Genotyps, wie auch alle anderen im Modell berücksichtigten Effekte waren signifikant. Für die Schätzung des durchschnittlichen Zeitabstands zwischen den Gemelken kamen 325.613 Datensätze zur Auswertung.

Bei allen Genotypen korrespondierten die Abstände zwischen den Gemelken mit der Anzahl der Gemelke pro Tag. Die größte Zwischenmelkzeit wiesen die FV-DH mit 8,79 h auf, gefolgt von DH und DH-FV_DH mit 8,68 h. Mittlere Zeiten erreichten FV (8,32 h) und DH-FV (8,08 h). FV-DH_FV hatten mit 7,52 h den kürzesten Zeitabstand zwischen den Gemelken und unterschieden sich damit, bis auf DH-FV, signifikant von den anderen Gruppen. In der F₁-Generation betrug die Heterosis der Zwischenmelkzeit -0,06 h (-0,72 %), die R₁-Generation zeigte eine Abweichung zur erwarteten Heterosis von -0,37 h (-4,35 %).

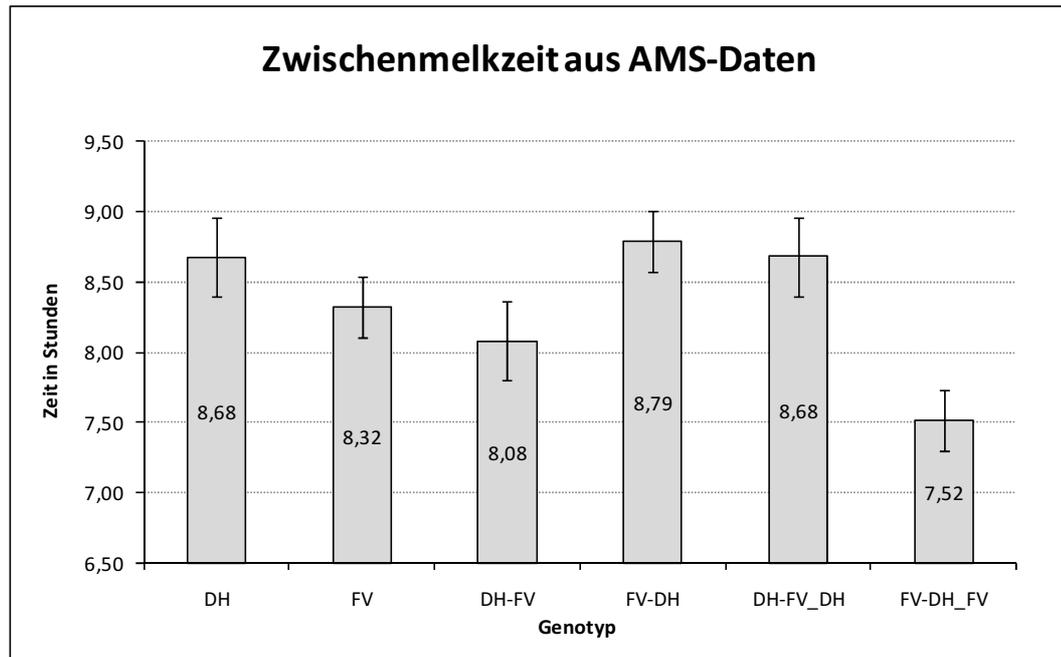


Abbildung 7: Zeitabstand zwischen den Gemelken in Stunden aus AMS-Daten

1.5. Melkdauer

Die aus den AMS-Daten erhobenen Werte zur Melkdauer wurden auf den Einfluss des jeweiligen Laktationstages korrigiert. Der Effekt des Genotyps, wie auch alle anderen im Modell berücksichtigten Effekte waren signifikant. Für die Schätzung der durchschnittlichen Melkdauer kamen für jedes Euterviertel 326.085 Datensätze zur Auswertung.

Für jedes Euterviertel wurde die Melkdauer separat bestimmt. Dabei fiel auf, dass bei allen sechs Gruppen das rechte Hinterviertel am längsten gemolken wurde und damit auch die Melkdauer bestimmte. Die kürzeste Melkdauer zeigten DH-FV mit 233 s und DH mit 240 s. FV-DH_FV, FV-DH und FV lagen mit 251 s, 255 s und 256 s dicht beieinander. Signifikant von allen anderen Genotypen unterschied sich DH-FV_DH mit 291 s. Ausgehend vom rechten Hinterviertel als zeitrelevantem Faktor verkürzte sich die Melkdauer in der F₁-Generation. Die Heterosis betrug -3,96 s (-1,60 %). In der R₁-Generation stieg die Melkdauer gegenüber der Eltern-generation stark an. Die unerwünschte Differenz zur erwarteten Heterosis betrug 24,87 s (10,10 %).

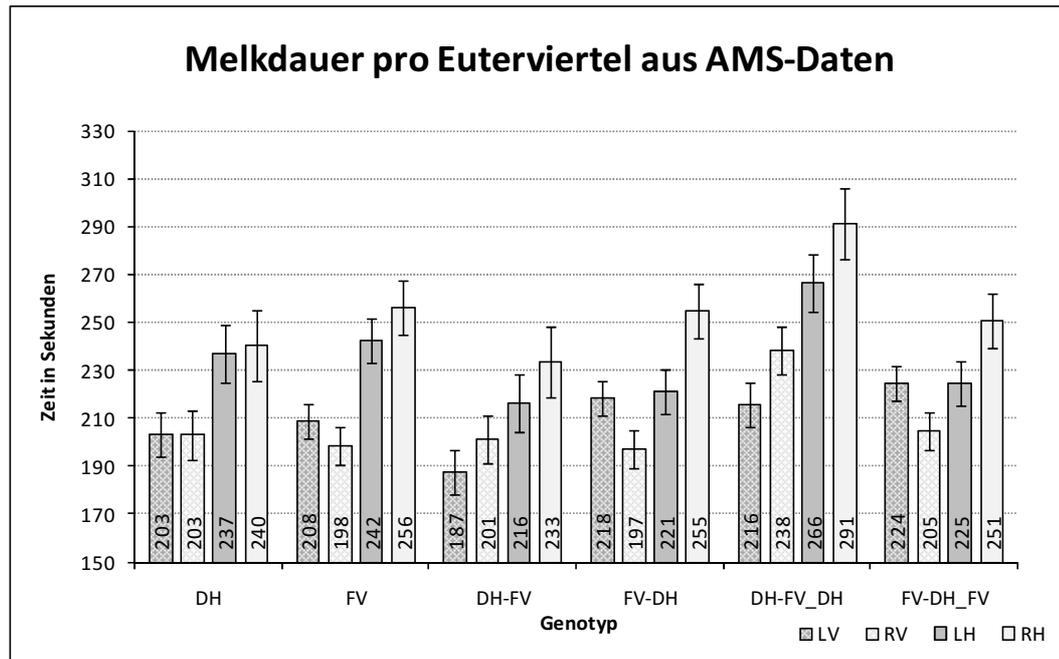


Abbildung 8: Melkdauer für die Euterviertel links vorne (LV), rechts vorne (RV), rechts hinten (RH) und links hinten (LH) in Sekunden aus AMS-Daten

1.6. Milchfluss

Die Werte des durchschnittlichen Minutenhauptgemelkes (DMHG) und des höchsten Milchflusses (HMF) aus den AMS-Daten wurden auf den Einfluss des jeweiligen Laktationstages korrigiert. Der Effekt des Genotyps, wie auch alle anderen im Modell berücksichtigten Effekte waren signifikant. Für die Schätzung des DMHG sowie des HMF kamen 326.085 Datensätze zur Auswertung.

Wie erwartet, zeigten die DH in den Vergleichsgruppen den höchsten HMF mit 3,80 kg/min und auch das höchste DMHG mit 2,64 kg/min. In der F₁-Generation nahmen DH-FV mit 3,55 kg/min bzw. 2,47 kg/min und FV-DH mit 3,58 kg/min bzw. 2,24 kg/min Mittelpositionen beim HMF und beim DMHG ein. Den niedrigsten HMF und DMHG zeigten DH-FV_DH (3,22 kg/min bzw. 2,16 kg/min), FV (3,13 kg/min bzw. 1,91 kg/min) und FV-DH_FV (2,93 kg/min bzw. 1,95 kg/min). Die Heterosis für den HMF betrug für die F₁-Generation 0,10 kg/min (2,94 %), die für das DMHG 0,08 kg/min (3,47 %). Die R₁-Generation zeigte für den HMF einen Unterschied zu der erwarteten Heterosis von -0,45 kg/min (-12,70 %) und für das DMHG einen von -0,26 kg/min (-11,39 %).

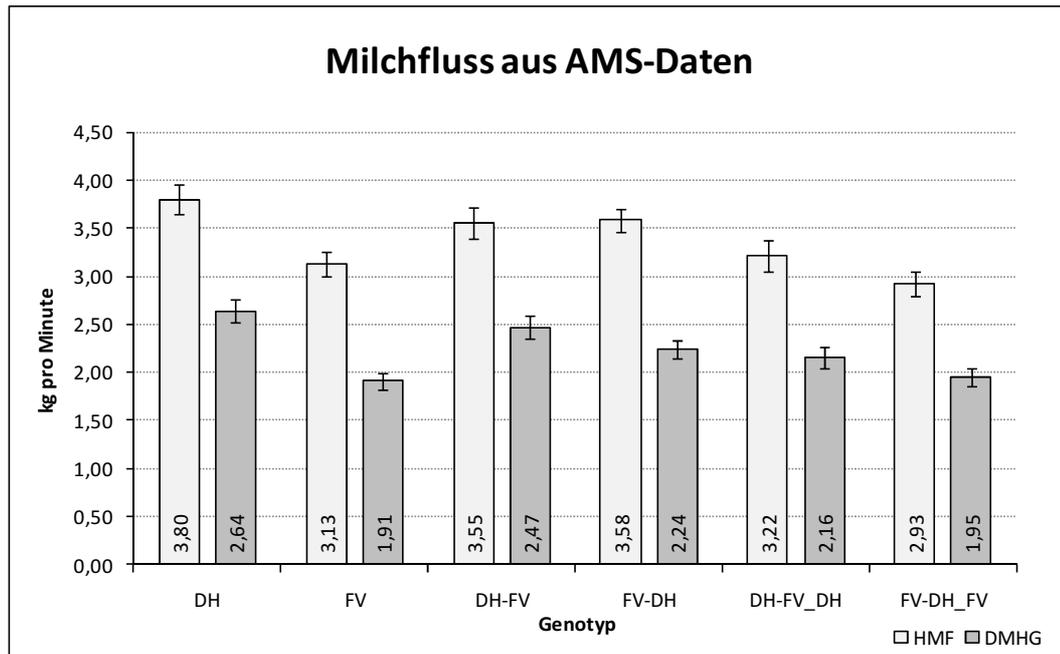


Abbildung 9: *Höchster Milchfluss (HMF) und durchschnittliches Minutenhauptgemelk (DMHG) in kg pro Minute aus AMS-Daten*

1.7. Leitfähigkeit

Die vom AMS in einem proprietären Format der Firma Lely gemessenen Werte der Leitfähigkeit wurden mit dem Faktor 0,0625 in die internationale Einheit mS/cm überführt.

Die LF-Werte aus den AMS-Daten wurden auf den Einfluss des jeweiligen Laktationstages korrigiert. Der Effekt des Genotyps, wie nahezu alle anderen im Modell berücksichtigten Effekte waren signifikant. Lediglich für den Leitfähigkeitswert des rechten Vorderviertels war der Einfluss des Laktationstages als Kovariante nicht signifikant. Für die Schätzung der durchschnittlichen Leitfähigkeit kamen für die Euterviertel links vorne (LV) 273.408, rechts vorne (RV) 275.178, rechts hinten (RH) 273.920 und links hinten (LH) 274.999 Datensätze zur Auswertung.

Die DH zeigten gegenüber anderen Tiergruppen fast ausnahmslos signifikant höhere LF-Werte für alle Viertel. Signifikante Unterschiede zu den meisten anderen Genotypen konnten sonst nur noch bei FV, DH-FV_DH und FV-DH_FV für die Vorderviertel und das rechte Hinterviertel festgestellt werden. DH-FV_DH wies die zweithöchsten Werte für alle Viertel auf, gefolgt von FV-DH. Bei den Messungen für die Vorderviertel folgten dann DH-FV, FV und schließlich FV-DH_FV mit den niedrigsten LF-Werten. Auch bei den Hintervierteln zeigte das

FV höhere Werte als FV-DH_FV. Die niedrigsten LF-Werte der Hinterviertel wiesen jedoch DH-FV auf.

Die F₁-Generation zeigte für die Vorder- und Hinterviertel eine erwünschte negative Heterosis (-2,64 % bzw. -2,87 %) und verringerte die Leitfähigkeit damit um -0,125 mS/cm bzw. -0,135 mS/cm. Die erwartete Heterosis in der R₁-Generation bei den Vordervierteln wurde um -1,19 % unterschritten und verbesserte die LF-Werte weiter um 0,06 mS/cm. Für die Hinterviertel wurde in der R₁-Generation der Erwartungswert um 0,68 % überschritten, was einer Erhöhung der LF-Werte um 0,03 mS/cm entsprach.

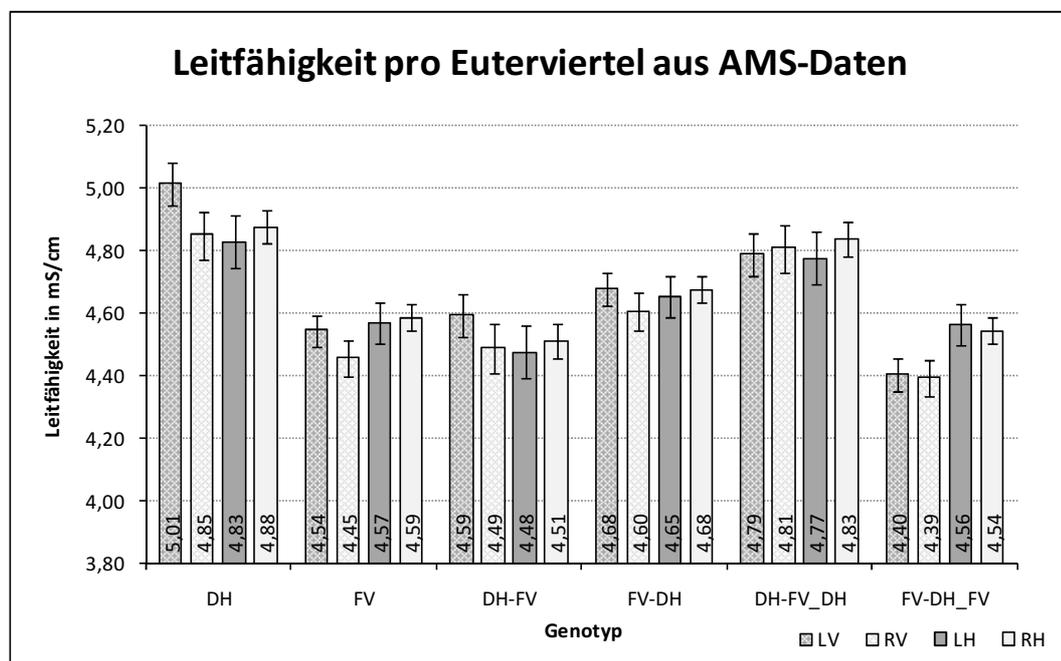


Abbildung 10: Leitfähigkeitswerte der Milch für die Euterviertel links vorne (LV), rechts vorne (RV), rechts hinten (RH) und links hinten (LH) in mS/cm aus AMS-Daten

2. LKV-Daten

Die LKV-Daten wurden im Rahmen der MLP erhoben. Sie unterteilen sich in die Daten zur Prüftagesleistung und die Daten zur Laktationsleistung.

2.1. LKV-Laktationsdaten

Die LKV-Laktationsdaten wurden vom LKV über die Prüftagesdaten der Tiere errechnet. Grundlage der vorgestellten Ergebnisse sind Daten zu insgesamt 316 Laktationsleistungen von Kühen der untersuchten Kreuzungsherde. Für fast alle der betrachteten Leistungsmerkmale kamen jeweils 316 Datensätze zur Auswertung. Ausnahmen bildeten die Merkmale Harnstoffgehalt und SCS, bei denen lediglich 315 Datensätze in die Berechnungen einfließen.

2.1.1. Milchleistung

Der für die Berechnung der Milchleistung aus den LKV-Laktationsdaten berücksichtigte fixe Effekt der Abkalbesaisonklasse * Kalbejahr war nicht signifikant. Der Effekt des Genotyps, sowie alle anderen im Modell berücksichtigten Effekte waren signifikant.

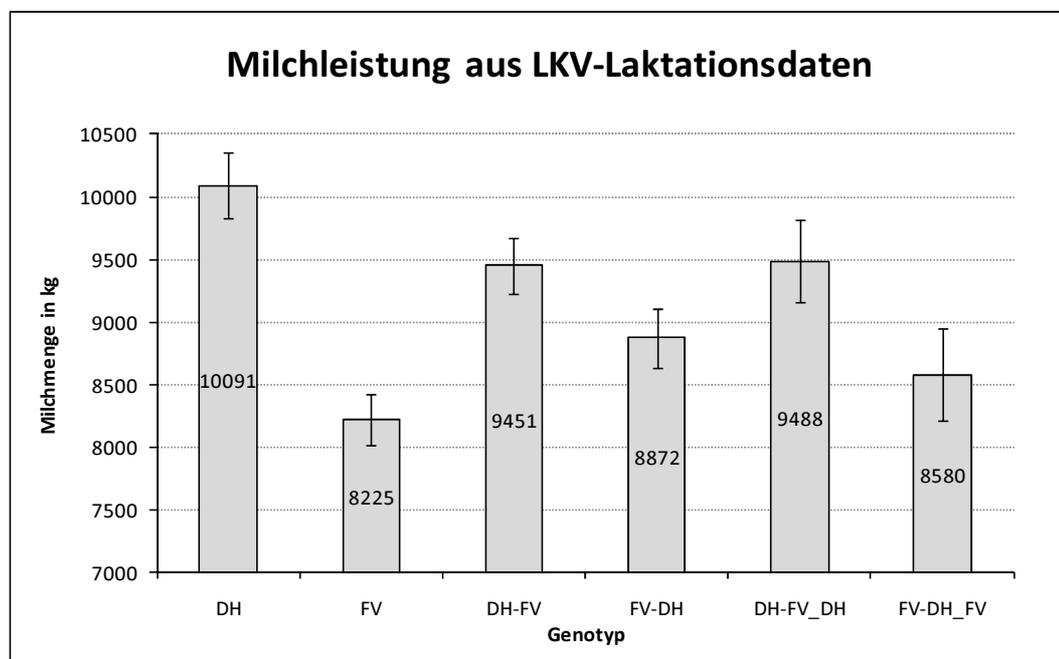


Abbildung 11: 305-Tage-Milchleistung aus LKV-Laktationsdaten

Erwartungsgemäß erbrachten die DH (10.091 kg) die höchste durchschnittliche Milchleistung und unterschieden sich damit signifikant von allen anderen Geno-

typen. Lediglich zu DH-FV_DH (9.488), welche die zweithöchste durchschnittliche Milchmenge erzeugten, bestand kein signifikanter Unterschied. Leistungen über 9.000 kg erbrachten nur noch DH-FV (9.451 kg). Es folgten FV-DH (8.872 kg), FV-DH_FV (8.580 kg) und schließlich das FV (8.225 kg).

Die Heterosis für die F₁-Generation betrug 3,55 kg (0,04 %), die Abweichung von der berechneten Heterosis für die R₁-Generation betrug -126 kg (-1,37 %).

2.1.2. Milchleistung korrigiert

Der für die Berechnung der korrigierten Milchleistung aus den LKV-Laktationsdaten berücksichtigte fixe Effekt der Abkalbesaisonklasse * Kalbejahr war, wie schon bei der Milchleistung, nicht signifikant. Der Effekt des Genotyps, sowie alle anderen im Modell berücksichtigten Effekte waren signifikant.

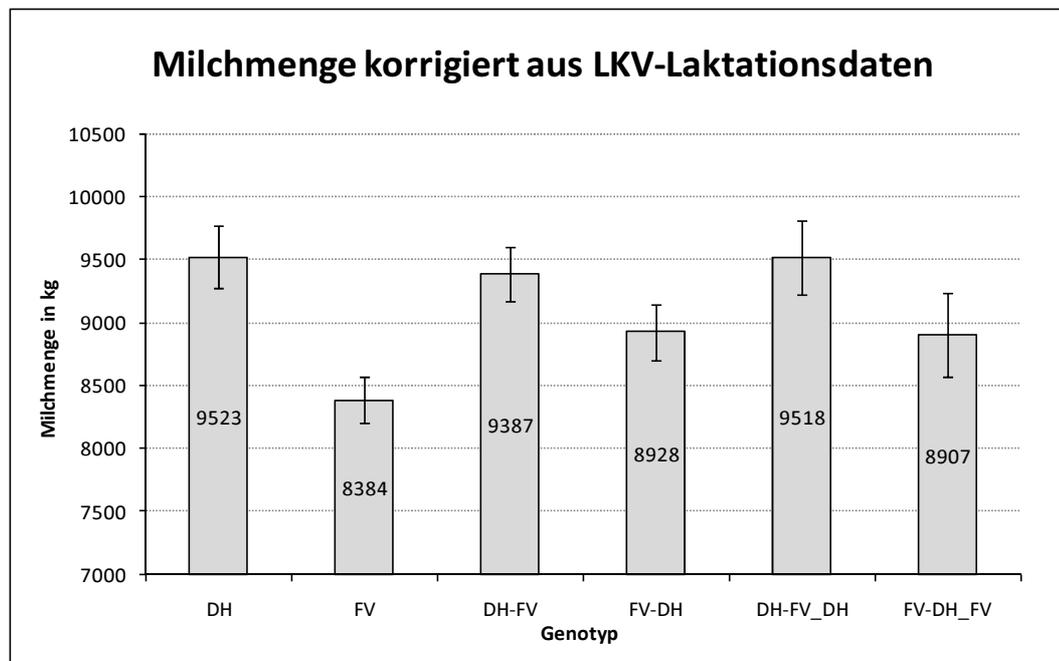


Abbildung 12: 305-Tage-Milchmenge auf Fett und Eiweiß korrigiert aus LKV-Laktationsdaten

Wie bei der nicht korrigierten Milchleistung erbrachten auch bei der korrigierten Milchleistung die DH (9.523 kg) die höchste durchschnittliche Leistung, dies aber mit nur 5 kg Abstand zu den DH-FV_DH (9.518 kg). Es folgten, in gleicher Reihenfolge wie schon bei der nicht korrigierten Milchleistung, DH-FV mit 9.387 kg und FV-DH mit 8.928 kg. FV-DH_FV (8.907 kg), mit der zweitniedrigsten Leistung, unterschied sich als einziger Genotyp nicht signifikant vom Leistungsschlusslicht FV (8.384 kg). Wie auch bei der nicht korrigierten Milchleistung stieg die durchschnittliche Leistung mit zunehmendem DH-Genanteil an.

Die Heterosis für die F₁-Generation betrug für die durchschnittliche korrigierte Milchleistung 204 kg (2,28 %), die Differenz zum Erwartungswert für die R₁-Generation lag bei 157 kg (1,73 %).

2.1.3. Fettgehalt in Prozent

Der für die Berechnung des durchschnittlichen Fettgehaltes aus den LKV-Laktationsdaten berücksichtigte fixe Effekt der Laktationsklasse war nicht signifikant. Auch der fixe Effekt des Genotyps lag schon im F-Test über der Signifikanzgrenze von $p = 0,05$. Damit konnten trotz differierender durchschnittlicher Fettgehalte keine statistisch signifikanten Unterschiede zwischen den einzelnen Genotypen für dieses Merkmal nachgewiesen werden. Alle anderen Effekte waren signifikant.

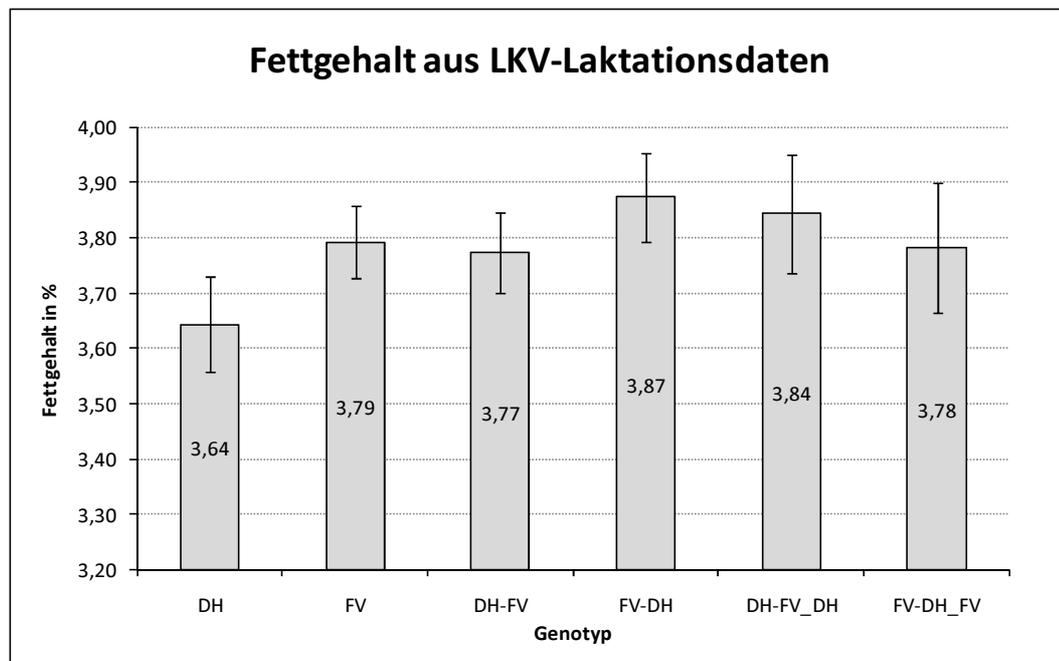


Abbildung 13: Fettgehalt in Prozent aus LKV-Laktationsdaten

Den höchsten Fettgehalt erreichte FV-DH mit 3,87 %. Darauf folgten mit sehr geringen Abständen DH-FV_DH (3,84 %), FV (3,79 %), FV-DH_FV (3,78 %) und DH-FV (3,77 %). Für die DH wurde mit 3,64 % erwartungsgemäß der niedrigste Fettgehalt errechnet und unterschied sich damit deutlich, wenn auch nicht signifikant von den anderen Genotypen.

Die Heterosis für die F₁-Generation lag bei 0,11 Prozentpunkten (2,83 %), die erwartete Heterosis wurde in der R₁-Generation mit 0,04 Prozentpunkten (1,14 %) überschritten.

2.1.4. Eiweißgehalt in Prozent

Die für die Berechnung des durchschnittlichen Eiweißgehaltes aus den LKV-Laktationsdaten berücksichtigte Kovariante der Anzahl der Laktationstage war nicht signifikant. Der Effekt des Genotyps, sowie alle anderen im Modell berücksichtigten Effekte waren signifikant.

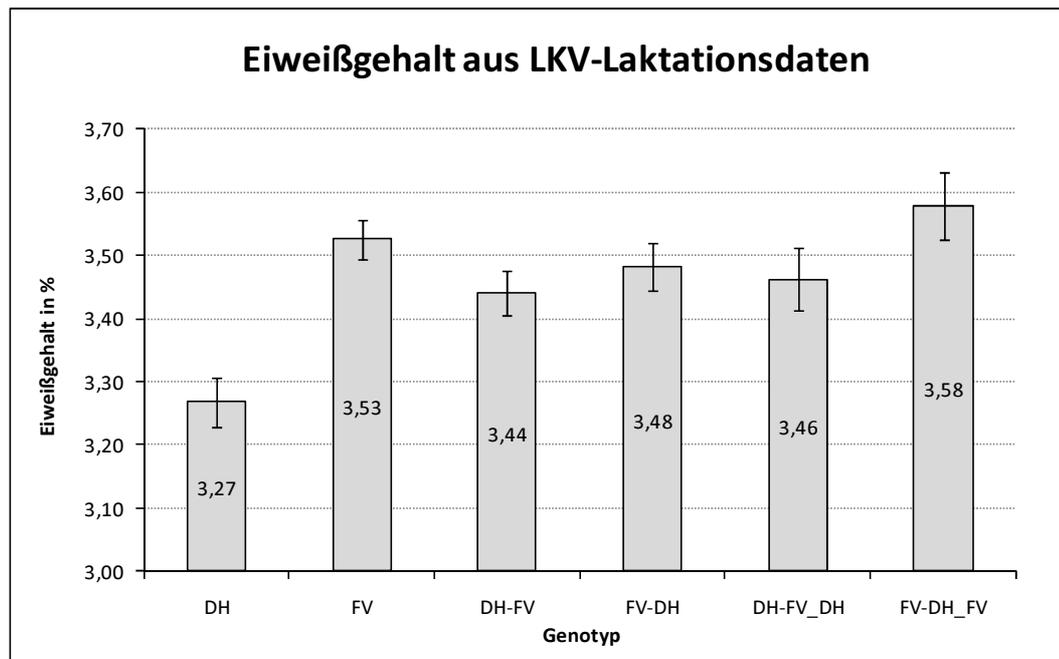


Abbildung 14: Eiweißgehalt in Prozent aus LKV-Laktationsdaten

FV-DH_FV wies den höchsten durchschnittlichen Eiweißgehalt mit 3,58 % auf. Mit geringem Abstand folgten FV (3,53 %), FV-DH (3,48 %), DH-FV_DH (3,46 %) und DH-FV (3,44 %). Die DH wiesen erwartungsgemäß mit 3,27 % Eiweißgehalt den deutlich niedrigsten Eiweißgehalt auf und unterschied sich damit signifikant von allen anderen Genotypen.

Die Heterosis für die F₁-Generation betrug für den durchschnittlichen Eiweißgehalt 0,06 Prozentpunkte (1,89 %), die R₁-Generation übertraf den Erwartungswert mit 0,09 Prozentpunkte (2,68 %).

2.1.5. Fettmenge in kg

Die für die Berechnung der durchschnittlichen Fettmenge aus den LKV-Laktationsdaten berücksichtigten Effekte sowie die geschätzten Effekte für den Genotyp waren signifikant.

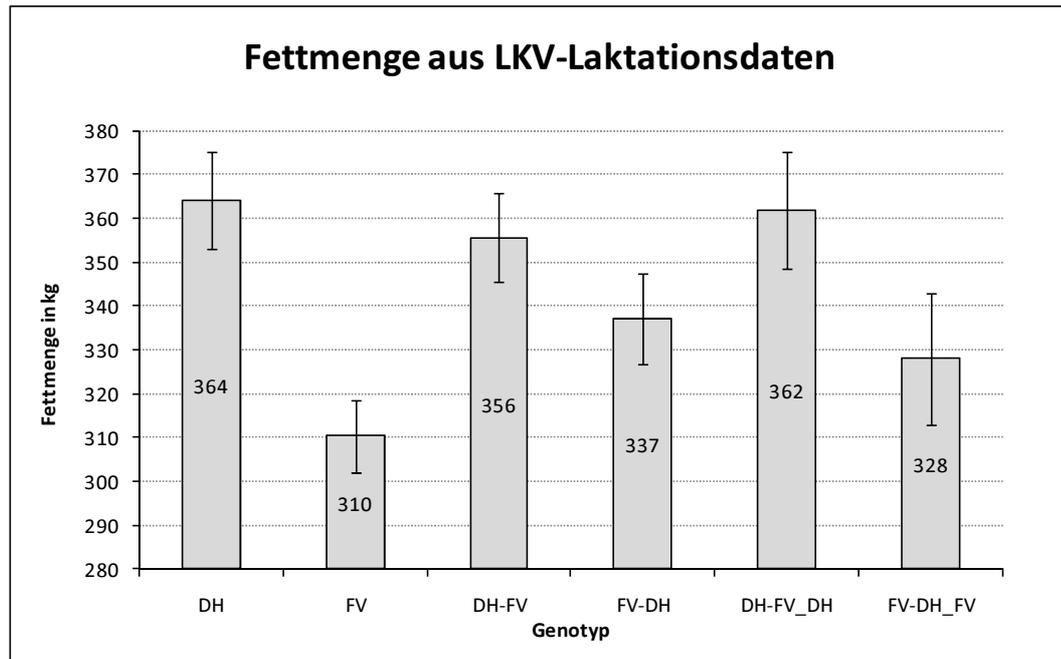


Abbildung 15: Fettmenge in kg aus LKV-Laktationsdaten

Die DH erzielten mit 364 kg die höchste durchschnittliche Fettmenge. Mit geringem Abstand folgten DH-FV_DH (362 kg) und DH-FV (356 kg). Die niedrigsten Leistungen zeigten FV-DH (337 kg), FV-DH_FV (328 kg) und schließlich das FV mit 310 kg. Bis auf FV-DH_FV unterschied sich das FV von allen anderen Genotypen in der Fettmenge signifikant, die sich ihrerseits untereinander nicht signifikant unterschieden. Wie auch bei der Milchleistung ging die Fettmengenleistung mit abnehmendem DH-Genanteil im Genotyp zurück.

Die Heterosis betrug für die F₁-Generation 9,05 kg (2,68 %), die R₁-Generation übertraf die errechneten Erwartungen mit 3,06 kg (0,90 %).

2.1.6. Eiweißmenge in kg

Der für die Berechnung der durchschnittlichen Eiweißmenge aus den LKV-Laktationsdaten berücksichtigte fixe Effekt der Abkalbesaisonklasse * Kalbejahr war nicht signifikant. Der Effekt des Genotyps, sowie alle anderen im Modell berücksichtigten Effekte waren signifikant.

Auch bei der durchschnittlichen Eiweißmenge erbrachten die DH mit 330 kg die höchste Leistung. Mit geringem Abstand folgten, wie auch bei der durchschnittlichen Fettmenge, DH-FV_DH mit 325 kg und DH-FV mit 324 kg. Die niedrigsten Werte hatten FV-DH_FV und FV-DH mit jeweils 306 kg und schließlich das FV mit 288 kg. Signifikante Unterschiede zeigten sich nur zwischen den drei Leis-

tungsstärksten (DH, DH-FV_DH, DH-FV) und FV sowie zwischen DH und FV-DH. Auch hier fiel auf, dass mit sinkendem DH-Genanteil im Genotyp die durchschnittliche Eiweißmengenleistung abnahm.

Die Heterosis betrug für die F₁-Generation 5,44 kg (1,76 %), die Abweichung zur ermittelten Heterosis der R₁-Generation 3,54 kg (1,13 %).

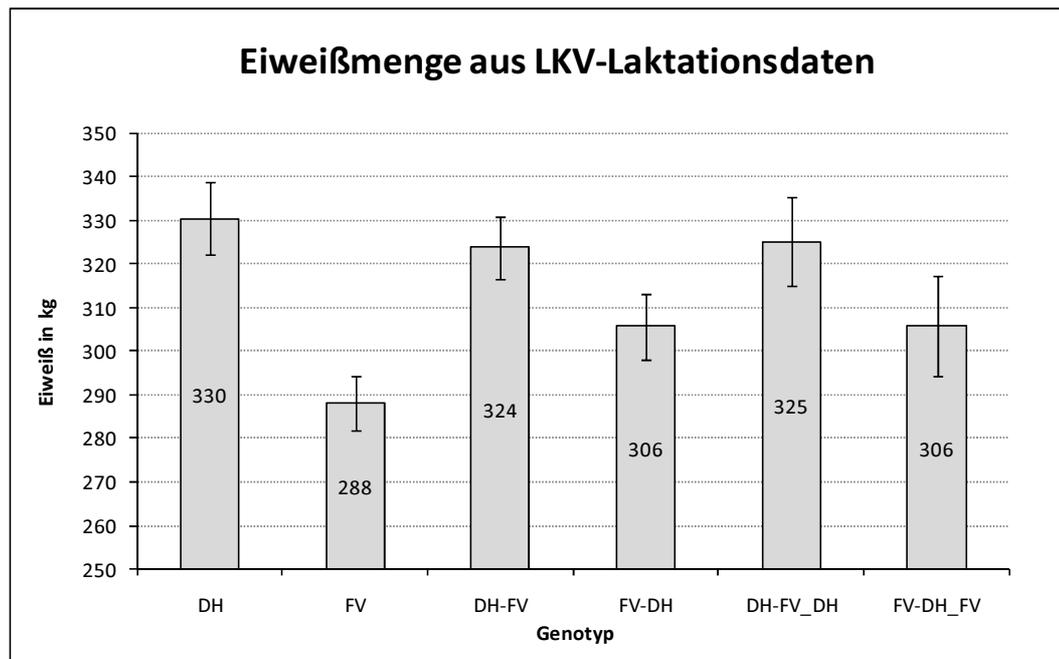


Abbildung 16: Eiweißmenge in kg aus LKV-Laktationsdaten

2.1.7. Harnstoff

Die für die Berechnung des Harnstoffgehaltes aus den LKV-Laktationsdaten berücksichtigte Kovariante der Anzahl der Laktationstage war nicht signifikant. Auch der fixe Effekt des Genotyps lag schon im F-Test über der Signifikanzgrenze von $p = 0,05$. Damit konnten trotz differierender durchschnittlicher Harnstoffgehalte keine statistisch signifikanten Unterschiede zwischen den einzelnen Genotypen für dieses Merkmal nachgewiesen werden. Alle anderen Effekte waren signifikant.

Die mittleren Harnstoffgehalte aller Genotypen lagen sehr dicht beieinander. Den niedrigsten Wert zeigten die DH (290 mg/l), gefolgt von FV-DH_FV (292 mg/l) und DH-FV_DH (296 mg/l). Geringfügig höhere Gehalte traten bei FV-DH (299 mg/l) und DH-FV (301 mg/l) auf. Das FV zeigte mit durchschnittlich 306 mg/l die höchsten Harnstoffgehalte.

Die Heterosis für die F₁-Generation betrug 2,10 mg/l (0,71 %), die Differenz zur berechneten Heterosis der R₁-Generation lag bei -5,60 mg/l (-1,87 %).

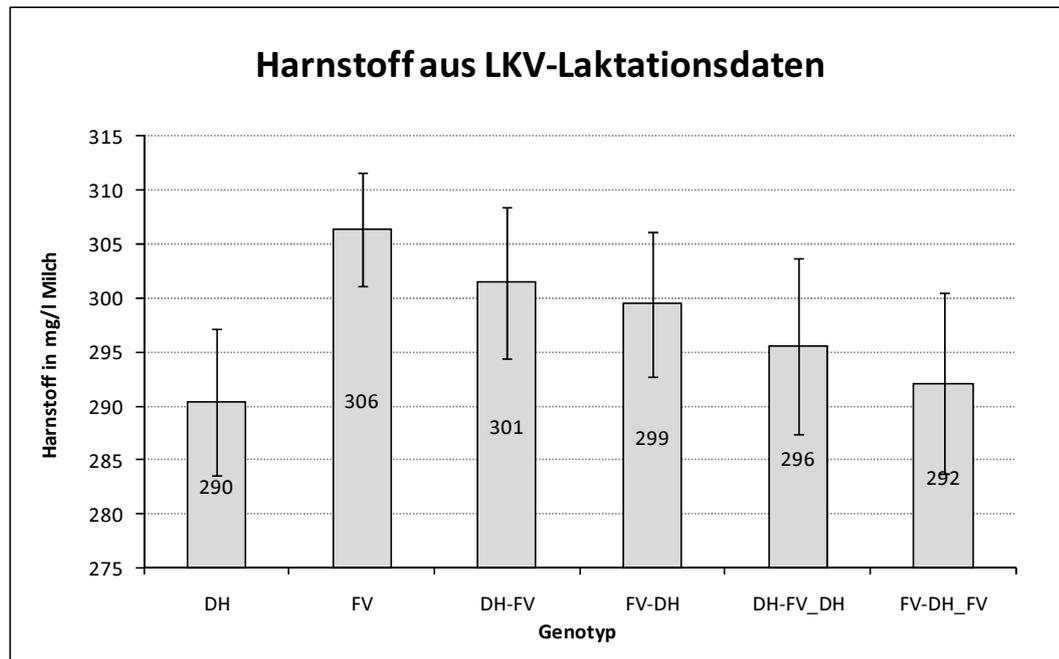


Abbildung 17: Harnstoffgehalt in mg/l Milch aus LKV-Laktationsdaten

2.1.8. Zellzahl und SCS

Die Zellzahlen der Milch wurden wegen ihrer exponentiellen Verteilung für die Berechnung in den heute üblichen Standard des normalverteilten linearen somatic cell score (SCS) umgewandelt und erst anschließend für die grafische Darstellung wieder in Zellzahlen pro ml Milch überführt.

Die für die Berechnung des durchschnittlichen SCS aus den LKV-Laktationsdaten berücksichtigten fixen Effekt der Abkalbesaisonklasse * Kalbejahr und der Laktationsklasse sowie die Kovariante der Anzahl der Laktationstage waren nicht signifikant. Der fixe Effekt des Genotyps war signifikant.

Der höchste SCS wurde mit durchschnittlich 4,32/ml Milch (250T Zellen/ml Milch) bei den DH nachgewiesen, welcher sich damit mit Ausnahme von FV-DH signifikant von allen anderen Genotypen unterschied. Den zweithöchsten SCS zeigten FV-DH mit 3,81/ml (175T Zellen/ml), die sich damit noch signifikant von FV und DH-FV unterschieden. Im mittleren Bereich lagen das FV mit einem SCS von 3,26/ml (119T Zellen/ml), die DH-FV_DH mit einem SCS von 3,22/ml (116T Zellen/ml) und die FV-DH_FV mit einem SCS von 3,21/ml (115T Zellen/ml). Den geringsten SCS wiesen die DH-FV mit 3,05/ml (104T Zellen/ml)

auf. Die letztgenannten Genotypen unterschieden sich nicht signifikant voneinander.

Basierend auf der Stichprobe wurde der SCS bei den reinrassigen Genotypen auf durchschnittlich 3,79 pro ml Milch (173T Zellen/ml) geschätzt, der der F₁-Generation auf 3,43/ml (135T Zellen/ml) und der der R₁-Generation auf 3,21/ml (116T Zellen/ml). Für die F₁-Generation ergab sich für den SCS eine Heterosis von -9,44 % (Zellzahl: -24,51 %). Die R₁-Generation blieb für den SCS 10,99 % (Zellzahl: -28,49 %) unter dem Erwartungswert.

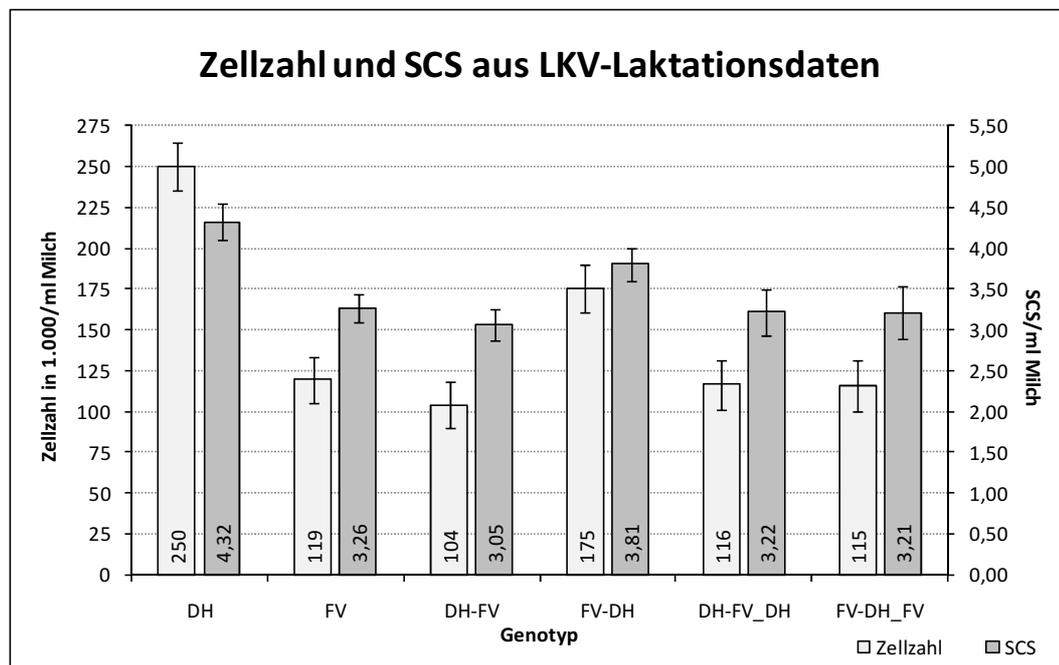


Abbildung 18: Zellzahl in 1000/ml Milch und somatic cell score (SCS)/ml Milch aus LKV-Laktationsdaten

2.2. LKV-Prüftagesleistungen

Die LKV-Prüftagesleistungen sind nach dem Shuttle-Verfahren erhoben worden. Grundlage der vorgestellten Ergebnisse waren insgesamt 3.204 Prüftagesleistungs-Datensätze von Kühen der untersuchten Milchviehherde.

2.2.1. Tagesmilchmenge

Die für die Berechnung der Tagesmilchleistung aus den LKV-Prüftagesleistungen berücksichtigten Effekte sowie die geschätzten Effekte für den Genotyp waren signifikant. Für die Schätzung der durchschnittlichen Tagesmilchleistung kamen 3.204 Datensätze zur Auswertung.

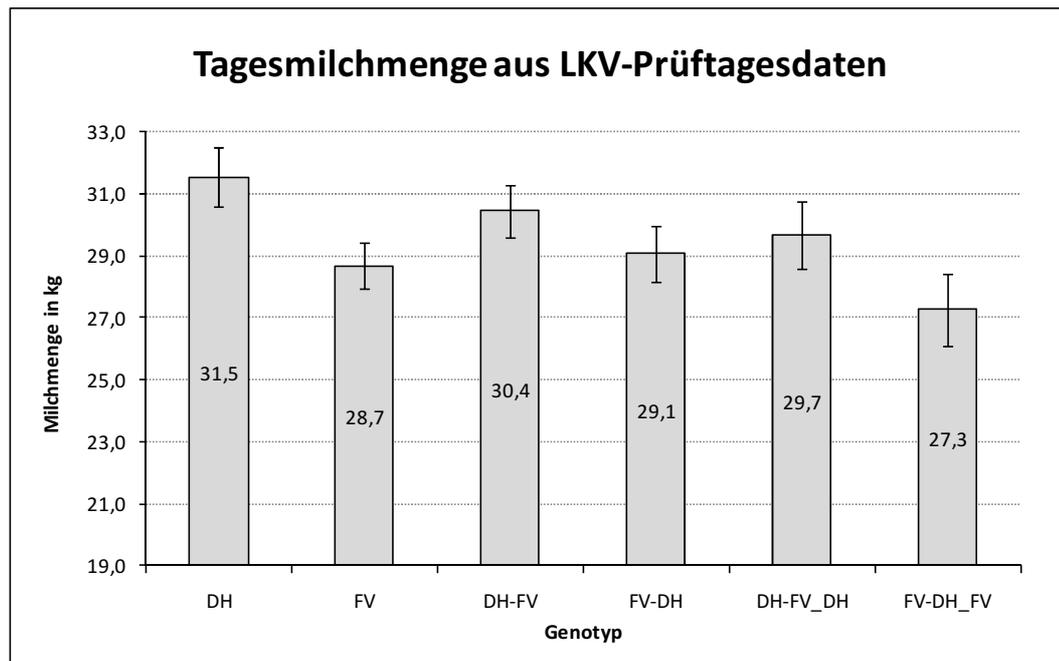


Abbildung 19: Tagesmilchmenge in kg aus LKV-Prüftagesdaten

Wie zu erwarten war, erzielten die DH die höchste durchschnittliche Tagesmilchleistung (31,5 kg), gefolgt von DH-FV mit 30,4 kg. Mittlere Leistungen zeigten DH-FV_DH (29,7 kg), FV_DH (29,1 kg) und das FV (28,7 kg). FV-DH_FV erreichte mit 27,3 kg die niedrigste Leistung. Signifikant unterschieden sich DH von FV, FV_DH und FV-DH_FV, nicht jedoch von DH-FV und DH-FV_DH.

Die Heterosis war in beiden Nachfolgenerationen negativ und betrug für die F₁-Generation -0,36 kg (-1,19 %). Für die R₁-Generation wurde der Erwartungswert noch einmal um 1,47 kg (-4,92 %) unterschritten.

2.2.2. Fettgehalt in Prozent

Die für die Berechnung des Fettgehaltes aus den LKV-Prüftagesleistungen berücksichtigten fixen Effekte der Abkalbesaisonklasse * Kalbejahr und des AMS waren nicht signifikant. Desweiteren übte der zufällige Effekt des Vaters innerhalb der Vatterasse keinen statistisch nachweisbaren Einfluss auf den Fettgehalt aus. Der Effekt des Genotyps, sowie alle anderen im Modell berücksichtigten Effekte waren signifikant. Für die Schätzung des durchschnittlichen Fettgehaltes in Prozent kamen 3.204 Datensätze zur Auswertung.

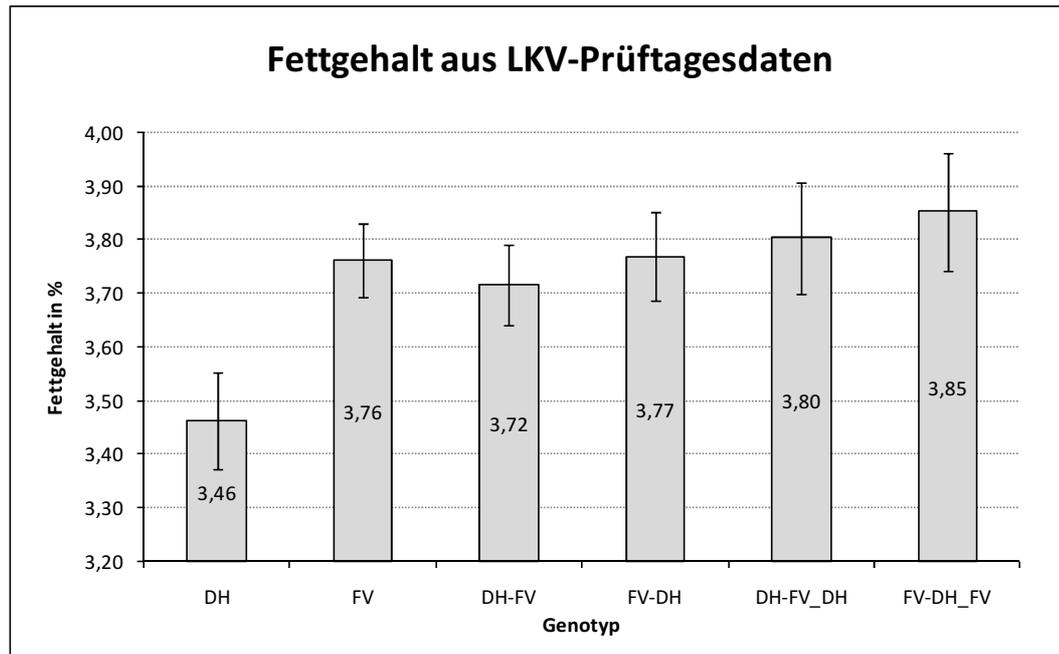


Abbildung 20: Fettgehalt in Prozent aus LKV-Prüftagesdaten

Den höchsten Fettgehalt erreichte FV-DH_FV (3,85 %). Es folgten mit geringen Unterschieden DH-FV_DH (3,80 %), FV-DH (3,77 %), FV (3,76 %) und DH-FV (3,72 %). Zwischen diesen Genotypen bestand kein signifikanter Unterschied. Alle unterschieden sich jedoch signifikant von DH, die erwartungsgemäß mit 3,46 % den niedrigsten Fettgehalt aufwiesen. Die Heterosis für die F₁-Generation war positiv und betrug 0,13 Prozentpunkte Fettgehalt (3,61 %), die Heterosis der R₁-Generation lag um 0,15 Prozentpunkte (4,09 %) über dem Erwartungswert.

2.2.3. Eiweißgehalt in Prozent

Alle für die Berechnung des Eiweißgehaltes aus den LKV-Prüftagesleistungen berücksichtigten Effekte waren signifikant. Für die Schätzung des durchschnittlichen Eiweißgehaltes in Prozent kamen 3.204 Datensätze zur Auswertung.

Für den Eiweißgehalt entstand ein ähnliches Bild wie für den Fettgehalt. Die DH unterschieden sich mit dem niedrigsten gemessenen Eiweißgehalt (3,36 %) signifikant von allen anderen Genotypen, die sich untereinander nicht signifikant unterschieden. Der höchste Eiweißgehalt wurde bei FV-DH_FV (3,57 %) gemessen. Es folgten mit geringen Unterschieden DH-FV_DH (3,55 %), FV-DH (3,52 %), DH-FV (3,48 %) und FV (3,48 %). Die Heterosis für die F₁-Generation betrug 0,08 Prozentpunkte Eiweißgehalt (2,37 %), die R₁-Generation übertraf die berechnete Heterosis um 0,10 Prozentpunkte Eiweißgehalt (2,89 %).

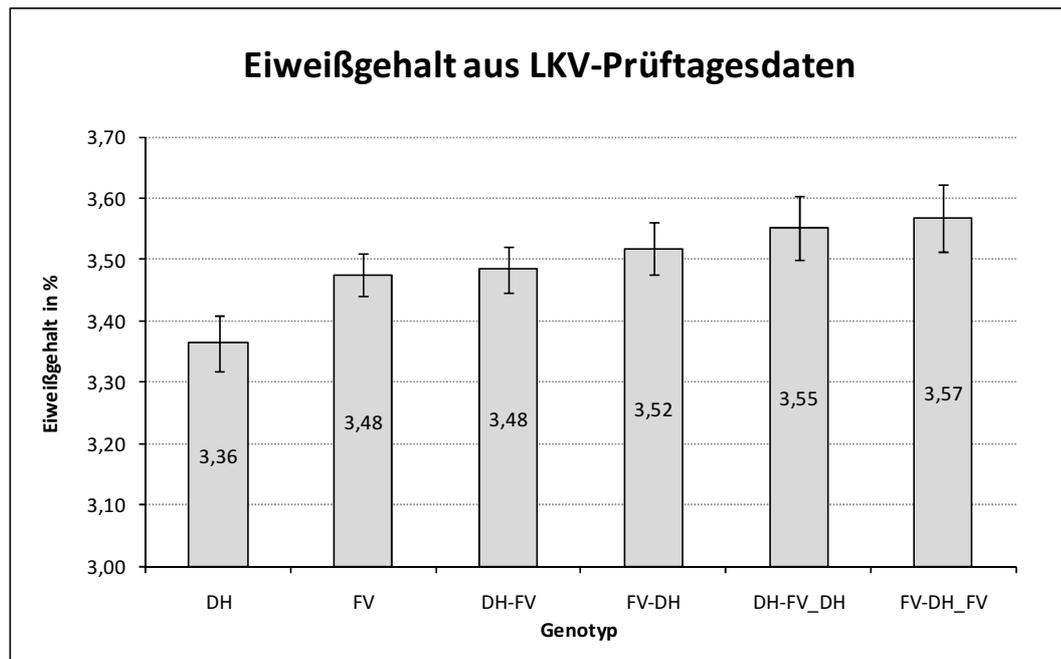


Abbildung 21: Eiweißgehalt in Prozent aus LKV-Prüftagesdaten

2.2.4. Harnstoff

Der für die Berechnung des Harnstoffgehaltes aus den LKV-Prüftagesleistungen berücksichtigte fixe Effekt des Genotyps lag schon im F-Test über der Signifikanzgrenze von $p = 0,05$. Damit konnten trotz differierender durchschnittlicher Harnstoffgehalte keine statistisch signifikanten Unterschiede zwischen den einzelnen Genotypen für dieses Merkmal nachgewiesen werden. Alle anderen Effekte waren signifikant. Für die Schätzung des durchschnittlichen Harnstoffgehaltes kamen 3.204 Datensätze zur Auswertung.

Die mittleren Harnstoffgehalte aller Genotypen lagen sehr dicht beieinander. Den niedrigsten Wert zeigten DH (291 mg/l), gefolgt von DH-FV_DH (300 mg/l) und FV-DH (300 mg/l) mit gleichen Werten. Geringfügig höhere Gehalte traten bei FV-DH_FV (303 mg/l), FV (306 mg/l) und DH-FV (311 mg/l) auf.

Die Heterosis für die F_1 -Generation betrug 7,20 mg/l (2,41 %), der Harnstoffgehalt der R_1 -Generation lag -1,02 mg/l (-0,34 %) unter dem erwarteten Wert.

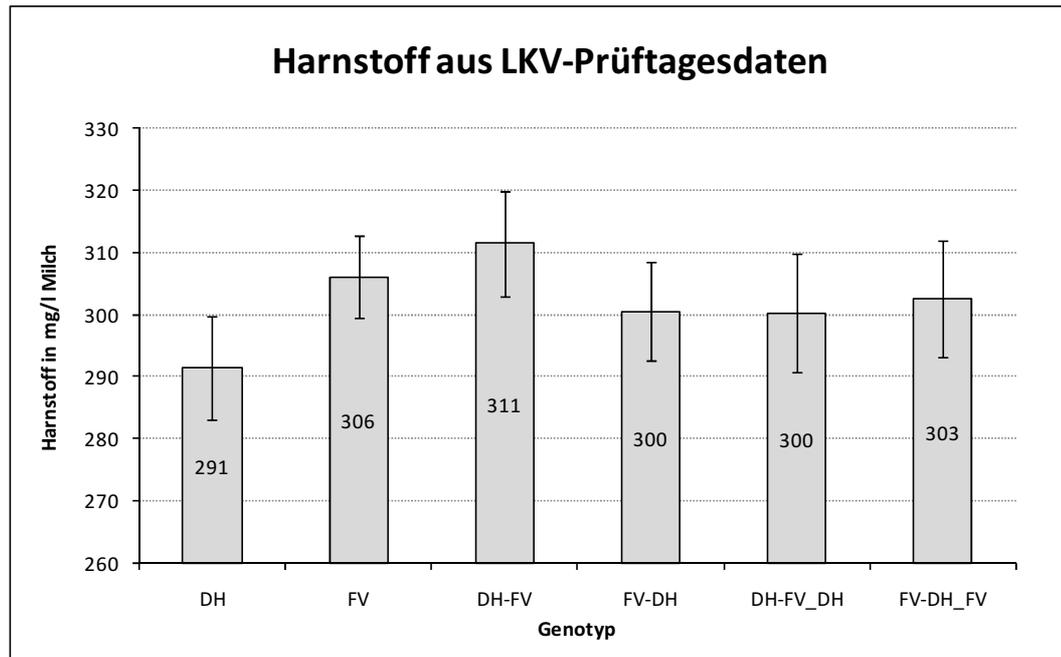


Abbildung 22: Harnstoffgehalt in mg/l Milch aus LKV-Prüftagesdaten

2.2.5. SCS und Zellzahl

Die Zellzahlen der Milch wurden wegen ihrer exponentiellen Verteilung für die Berechnung in den heute üblichen Standard des normalverteilten linearen somatic cell score (SCS) umgewandelt und anschließend für die grafische Darstellung wieder in Zellzahlen rücküberführt. Alle für die Berechnung des SCS aus den LKV-Prüftagesleistungen berücksichtigten Effekte waren signifikant. Für die Schätzung der durchschnittlichen SCS kamen 3.144 Datensätze zur Auswertung. Der weitaus höchste SCS wurde mit durchschnittlich 3,94/ml Milch (192T Zellen/ml Milch) bei den DH nachgewiesen, welche sich damit signifikant von allen anderen Genotypen unterschieden. Das FV mit einem SCS von 2,67/ml (80T Zellen/ml) lag im guten Mittelfeld und, wie erwartet, deutlich unter der 100.000er Marke. Der durchschnittliche SCS der reinrassigen Genotypen lag bei 3,31/ml, was einer Zellzahl von 124T/ml entspricht.

In der F₁-Generation hatten die FV-DH mit 2,97/ml (98T Zellen/ml) den zweithöchsten durchschnittlichen SCS. Sie unterschieden sich damit signifikant von den DH-FV, die mit einem SCS von 2,34/ml (63T Zellen/ml) den niedrigsten Zellgehalt im Feld aufwiesen. Der durchschnittliche SCS für die F₁-Generation lag bei 2,65/ml bzw. einem Zellgehalt von 80T Zellen/ml. Die Heterosis für den SCS war mit -0,65 bzw. -19,8 % sehr hoch. In der R₁-Generation unterschied sich der SCS von FV-DH_FV (2,83/ml bzw. 89T Zellen/ml) und DH-FV_DH

(2,56/ml bzw. 74T Zellen/ml) nicht signifikant. Der durchschnittliche SCS lag bei 2,70/ml bzw. 81T Zellen/ml. Die zu erwartende Heterosis wurde für den SCS mit -0,28/ml (-9,54 %) unterschritten, was -26,9T Zellen/ml Milch (-24,85 %) entspricht.

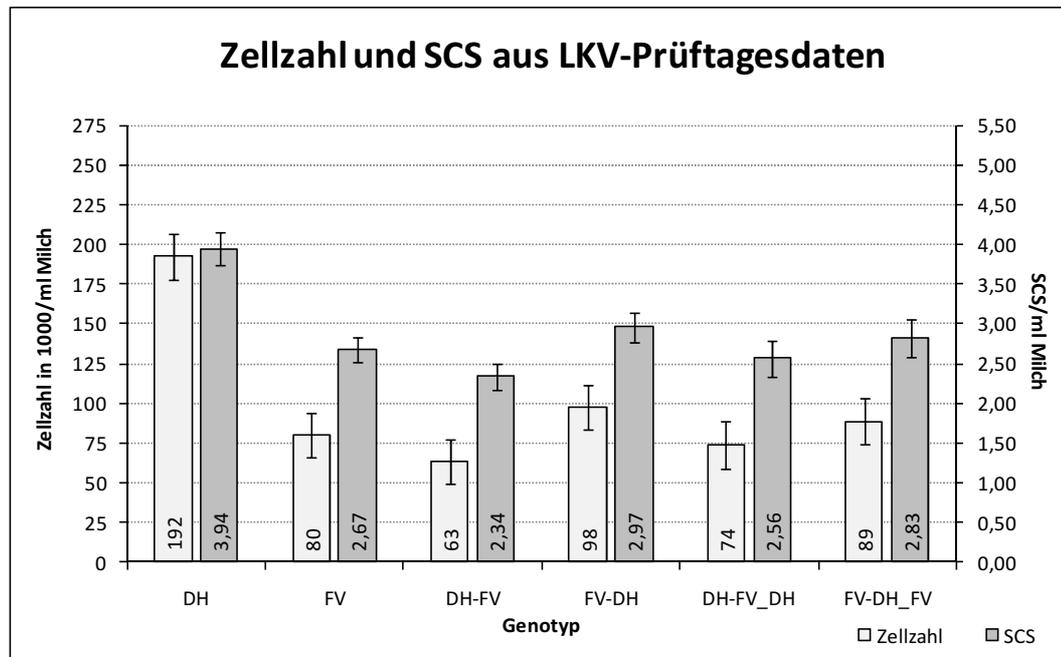


Abbildung 23: Zellzahl in 1000/ml Milch und somatic cell score (SCS)/ml Milch aus LKV-Prüftagesdaten

3. Fruchtbarkeit

Zur Berechnung der Fruchtbarkeitsparameter wurden die zur Verfügung stehenden 383 Datensätze der 193 ausgewerteten Kühe (siehe Abschnitt III.1.3.2 bzw. Tabelle 13) herangezogen. Der Versuchszeitraum wurde nicht geändert.

Eines der Kriterien für die Versuchstierauswahl für diese Arbeit war eine Mindestlaktationszeit von 100 Tagen (siehe Teil III Absatz 1.3.2). Bedingung für eine Laktation ist natürlich die vorausgehende, erfolgreiche Konzeption und Trächtigkeit. Die hier untersuchten Fruchtbarkeitsparameter beschränken sich demzufolge auf diejenigen Werte, deren Aussagekraft von einer in vorliegender Weise zusammengestellten Herde nicht eingeschränkt wird. Eine Diskussion der Werte Erstbesamungserfolg, Besamungsindex, Konzeptionsrate und Abkalberate ist für diese Arbeit wenig sinnvoll und wird deshalb nicht geführt.

3.1. Zwischenkalbezeit

Der für die Berechnung der durchschnittlichen Zwischenkalbezeit berücksichtigte fixe Effekt des AMS war nicht signifikant. Auch der fixe Effekt des Genotyps lag schon im F-Test über der Signifikanzgrenze von $p = 0,05$. Damit konnten trotz differierender durchschnittlicher Zwischenkalbezeiten keine statistisch signifikanten Unterschiede zwischen den einzelnen Genotypen für dieses Merkmal nachgewiesen werden. Desweiteren übten die zufälligen Effekte des Vaters innerhalb der Vaterrasse und des Erstkalbealters keinen statistisch nachweisbaren Einfluss auf die Zwischenkalbezeit aus. Für die Schätzung der durchschnittlichen Zwischenkalbezeit wurden 252 Datensätze in die Berechnungen einbezogen.

Die niedrigste durchschnittliche Zwischenkalbezeit wies das FV mit 389 Tagen auf. Mit einem geringen Abstand von 2 Tagen folgen DH-FV (391 Tage). FV-DH_FV (399 Tage) und FV-DH (404 Tage) erreichten mittlere Werte. Mit einem Abstand von 12 Tagen folgten DH-FV_DH (416 Tage) und mit weiteren 7 Tagen die DH (423 Tage). Trotz der nicht unerheblichen Zeitunterschiede ließen sich zwischen den Genotypen keine signifikanten Unterschiede nachweisen.

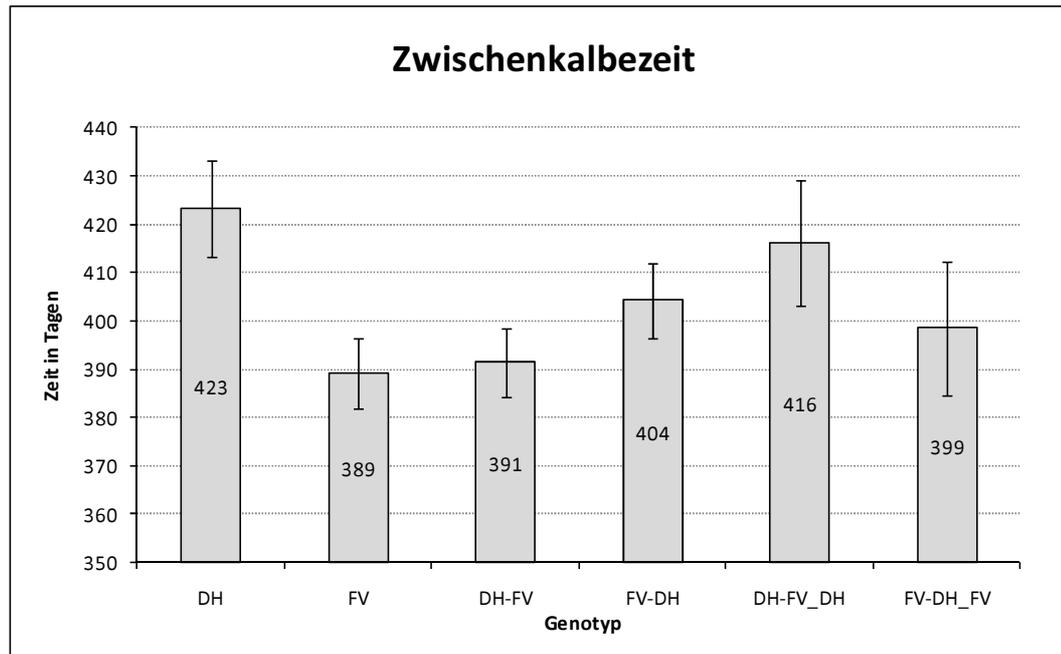


Abbildung 24: Zwischenkalbezeit in Tagen

Die Heterosis für die F_1 -Generation, bezogen auf die durchschnittliche Zwischenkalbezeit, betrug -8,42 Tage (-2,07 %). Die Zwischenkalbezeit für die R_1 -Generation differierte um 5,29 Tage (1,31 %) vom Erwartungswert.

3.2. Günstzeit

Der für die Berechnung der durchschnittlichen Günstzeit berücksichtigte fixe Effekt des AMS war nicht signifikant. Desweiteren übte der zufällige Effekt des Erstkalbealters keinen statistisch nachweisbaren Einfluss auf die Zwischenkalbezeit aus. Der Effekt des Genotyps, sowie alle anderen im Modell berücksichtigten Effekte waren signifikant. Für die Schätzung der durchschnittlichen Günstzeit wurden 302 Datensätze in die Berechnungen einbezogen.

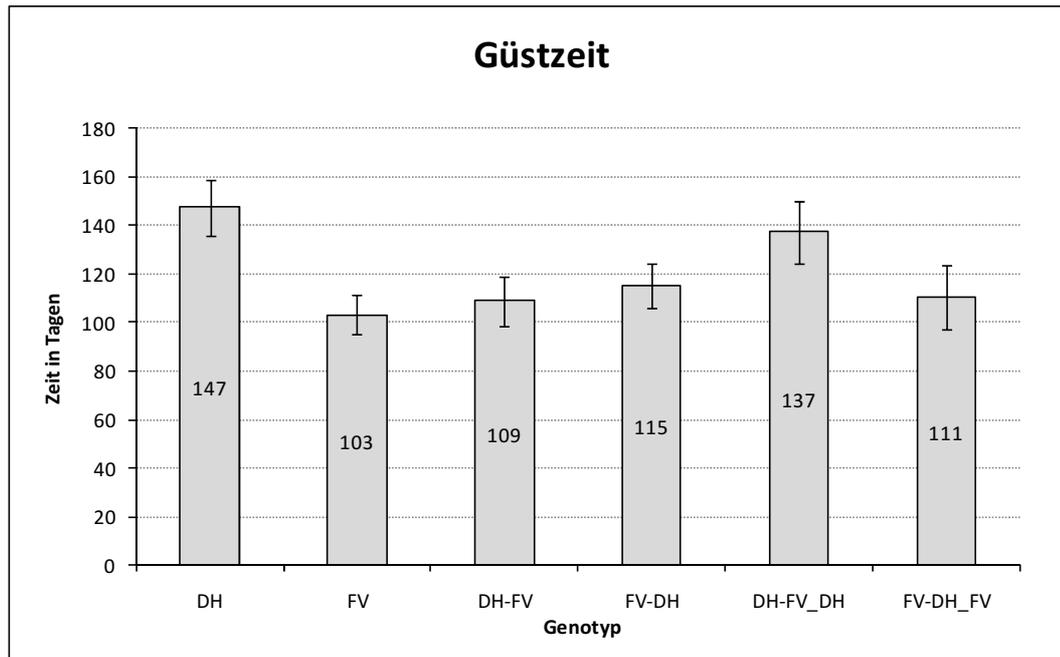


Abbildung 25: Güstzeit in Tagen

Durchschnittlich 147 Tage nach der letzten Kalbung nahm eine DH-Kuh in der untersuchten Herde auf. Damit unterschieden sich die DH in der Güstzeit bis auf DH-FV_DH (137 Tage) signifikant von allen anderen Genotypen. FV-DH (115 Tage) und FV-DH_FV lagen mit 115 bzw. 111 Tagen bereits innerhalb der gewünschten Höchstgrenze von 115 Tagen. Die kürzesten durchschnittlichen Güstzeiten ergaben sich für das FV (103 Tage) und DH-FV (109 Tage), die sich damit signifikant von DH-FV_DH unterschieden. Für die Güstzeit ergab sich somit die gleiche Genotypen-Reihenfolge wie bei der Zwischenkalbezeit (siehe Abbildung 27).

Die Heterosis für die F_1 -Generation, bezogen auf die durchschnittliche Güstzeit, betrug -13,29 Tage (-10,61 %), die Abweichung zur erwarteten Heterosis der R_1 -Generation betrug 5,28 Tage (4,45 %).

3.3. Rastzeit

Der für die Berechnung der durchschnittlichen Rastzeit berücksichtigte fixe Effekt des Genotyps war signifikant. Alle anderen fixen Effekte waren nicht signifikant. Desweiteren übte der zufällige Effekt des Erstkalbealters keinen statistisch nachweisbaren Einfluss auf die Rastzeit aus. Der Effekt des Genotyps, sowie alle anderen im Modell berücksichtigten Effekte waren signifikant. Für die Schätzung der durchschnittlichen Rastzeit wurden 352 Datensätze in die Berechnungen einbezogen.

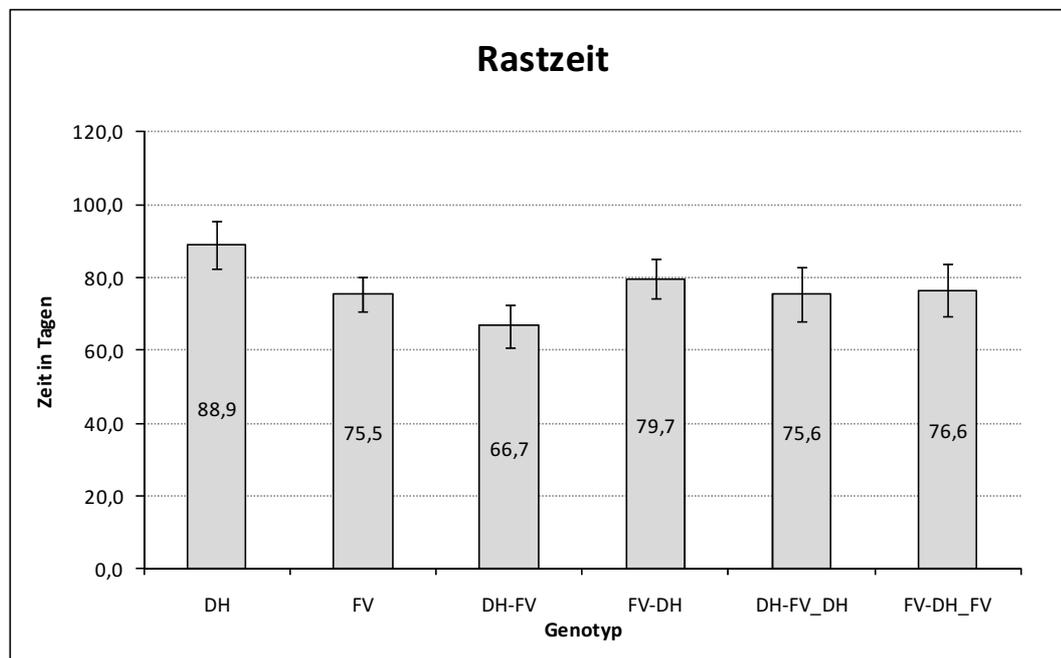


Abbildung 26: Rastzeit in Tagen

Die Rastzeit ist definiert als der Zeitraum zwischen Partus und Erstbesamung. Sie hängt entscheidend von der freiwilligen Wartezeit ab (vergleiche Abbildung 2).

Die DH wiesen erwartungsgemäß die längsten Rastzeiten auf und wurden nach durchschnittlich 88,9 Tagen das erste Mal besamt. FV-DH und FV-DH_FV folgten mit 79,7 Tagen bzw. 76,6 Tagen.

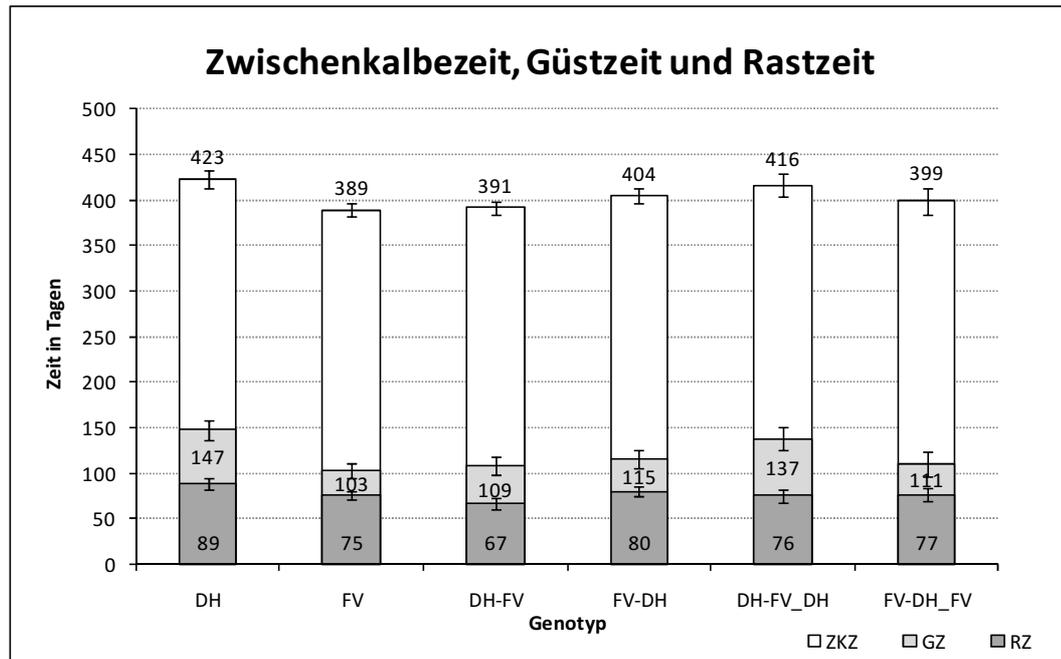


Abbildung 27: Zwischenkalbezeit (ZKZ), Gützeit (GZ) und Rastzeit (RZ) in Tagen

Nahezu identisch war der Zeitpunkt der ersten Besamung für DH-FV_DH und FV mit 75,6 Tagen und 75,5 Tagen. DH-FV wiesen die mit Abstand kürzeste Rastzeit von 66,7 Tagen auf und unterschieden sich damit signifikant von DH.

Die Heterosis für die F₁-Generation, bezogen auf die durchschnittliche Rastzeit, betrug -8,99 Tage (-10,94 %), die der R₁-Generation lag -1,60 Tage (-2,06 %) unter dem berechneten Wert.

3.4. Verzögerungszeit

Die durchschnittliche Verzögerungszeit wurde aus der geschätzten durchschnittlichen Gützeit und der geschätzten durchschnittlichen Rastzeit errechnet.

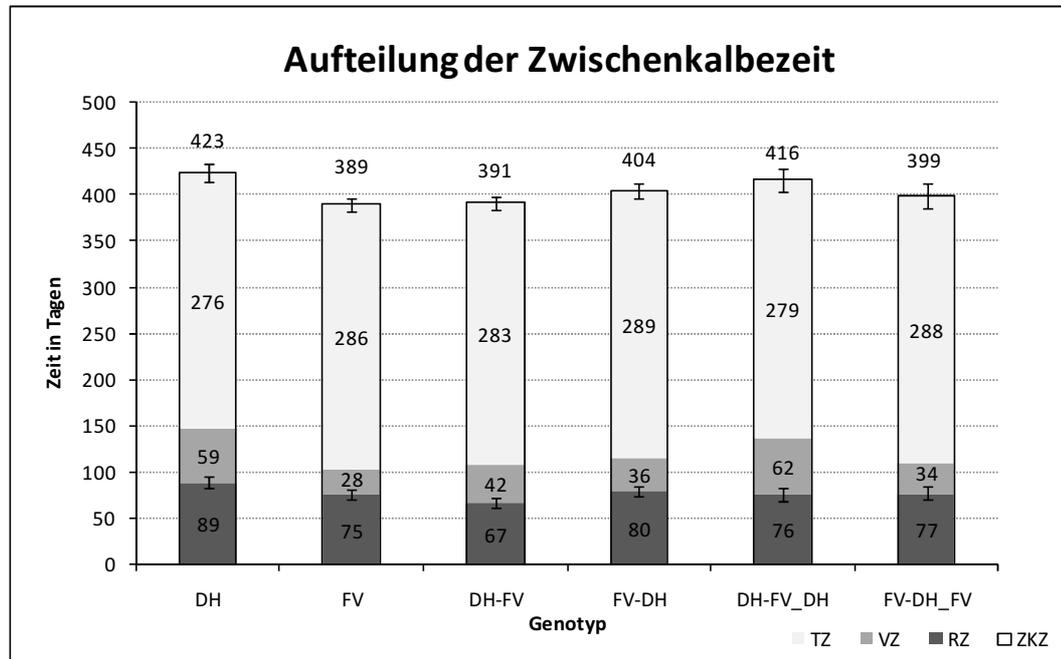


Abbildung 28: Aufteilung der Zwischenkalbezeit (ZKZ) in Tragezeit (TZ), Verzögerungszeit (VZ) und Rastzeit (RZ) in Tagen; ZKZ und RZ mit Standardabweichung

Die längste Verzögerungszeit war bei DH-FV_DH (62 Tage) und bei den DH (59 Tage) zu finden. Damit wurde bei beiden Genotypen durchschnittlich erst die dritte Brunst nach der Rastzeit erfolgreich genutzt. DH-FV wiesen eine deutlich niedrigere Verzögerungszeit von 42 Tagen auf, was durchschnittlich einer Zeitspanne von zwei Brunstzyklen nach der Rastzeit entsprach. FV-DH und FV-DH_FV folgten mit 36 bzw. 34 Tagen. Die niedrigste Verzögerungszeit mit 28 Tagen hatte das Fleckvieh. Die Heterosis für die F₁-Generation bezogen, auf die durchschnittliche Verzögerungszeit, betrug -4,30 Tage (-9,97 %), die Verzögerungszeit der R₁-Generation lag 6,88 Tage (16,79 %) über der erwarteten Heterosis.

Die ebenfalls errechneten Tragezeiten lagen dicht beieinander. Die für die DH (276 Tage) und das FV (286 Tage) gefundenen Werte deckten sich mit denen von Norman et al. (2009) und Kraßnitzer (2009). Zwischen DH und FV lagen DH-FV_DH mit 279 Tagen und DH-FV mit 283 Tagen. Beide Genotypen mit FV-Vätern, FV-DH_FV und FV-DH wiesen mit durchschnittlich 288 bzw. 289 Tagen höhere Tragezeiten als das reine FV auf.

3.5. Trächtigkeitsindex

Die Berechnung der Mittelwerte und Standardabweichungen des nicht zufällig verteilten Trächtigkeitsindex wurden in Access durchgeführt. Als durchschnittlicher Trächtigkeitsindex sollte für einen Bestand der Wert 1,8 angestrebt werden (Portal-Rind, 2010).

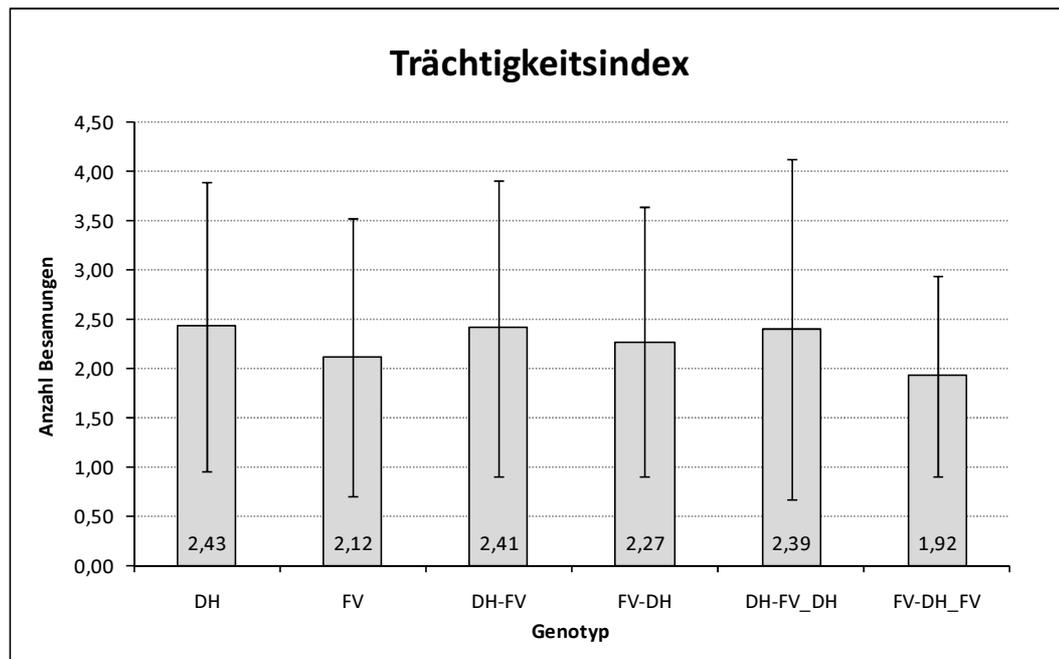


Abbildung 29: Trächtigkeitsindex

Den höchsten Trächtigkeitsindex wiesen die DH mit 2,43 Besamungen auf. In geringem Abstand folgten DH-FV (2,41) und DH-FV_DH (2,39). Etwas bessere Trächtigkeitsindices zeigten FV-DH mit 2,27 und FV mit 2,1. Das beste Ergebnis erreichten FV-DH_FV mit einem durchschnittlichen Trächtigkeitsindex von 1,92. Alle Genotypen überschritten deutlich den angestrebten Wert von 1,8 Besamungen pro erfolgreicher Konzeption.

Die Heterosis für den Trächtigkeitsindex in der F₁-Generation betrug 0,07 Besamungen (2,94 %), die für die R₁-Generation errechnete Heterosis verbesserte sich um -0,15 Besamungen (-6,32 %).

3.6. Erstkalbealter

Die DH zeigten das niedrigste Erstkalbealter mit 28,6 Monaten (857 Tage). Mit geringem Abstand folgten die F₁-Kreuzungen DH-FV mit 28,8 Monaten (865 Tage) und FV-DH mit 29,0 Monaten (869 Tage) sowie das FV mit ebenfalls 29,0 Monaten (869 Tage) und die FV-DH_FV mit 29,2 Monaten (876 Tage). Das

durchschnittlich höchste Erstkalbealter hatten mit 30,1 Monaten (903 Tage) die DH_FV_DH.

Insgesamt lagen alle Werte sehr dicht beieinander. Die Heterosis für die F₁-Generation betrug 0,13 Monate (0,44 %), die Heterosis der R₁-Generation lag 0,83 Monate (2,88 %) über den Berechnungen.

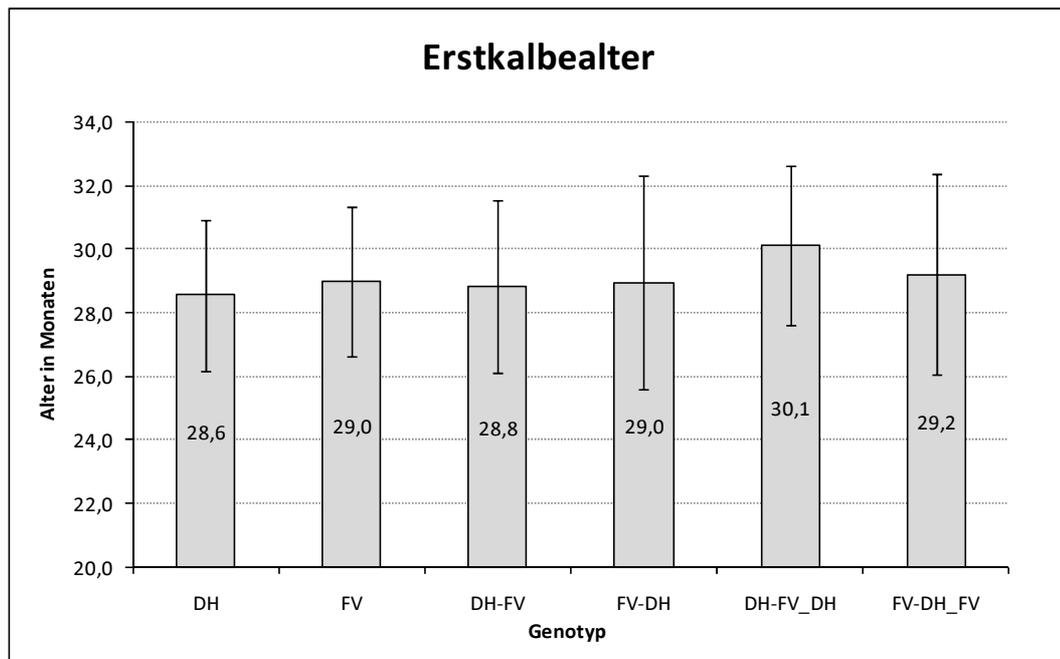


Abbildung 30: Erstkalbealter in Monaten

V. DISKUSSION

Ziel der vorliegenden Arbeit war es, kreuzungsspezifische Einflussfaktoren für Kühe der Rassen Deutsche Holsteins und Deutsches Fleckvieh auf die Merkmale Milchleistung und Fruchtbarkeit zu ermitteln. Ein besonderes Augenmerk lag dabei auf der Entwicklung der wirtschaftsrelevanten Leistungsmerkmale der im Wechselkreuzungsverfahren erzeugten Folgegenerationen in einem automatischen Melksystem. Für diesen Zweck wurden Milchleistungsdaten und Fruchtbarkeitsparameter der im AMS gemolkenen Milchviehherde des Lehr- und Versuchsgutes Oberschleißheim ausgewertet und verglichen. Die zur Untersuchung herangezogene Herde bestand aus sechs verschiedenen Genotypen aus drei aufeinander folgenden Generationen: Deutsche Holsteins und Deutsches Fleckvieh, deren wechselseitig durch KB erzeugte F₁-Generation und deren ebenfalls wechselseitig durch KB erzeugte R₁-Generation. Somit konnten F₁- und Rückkreuzungsgeneration sowohl von Deutschen Holsteins als auch von Deutschem Fleckvieh ausgewertet werden.

1. AMS-Daten

1.1. Tagesmilchmenge

Erwartungsgemäß war die durchschnittliche Tagesmilchmenge bei den DH mit 29,0 kg am höchsten und beim FV mit 24,2 kg am niedrigsten. Beide Rassen zeigten deutlich höhere Leistungen als der Durchschnitt dieser Rassen in Bayern (DH: 25,7 kg, FV: 21,2 kg) und der BRD (DH: 27,1 kg, FV 21,0 kg) (ADR, 2005 - 2008). Auch im Vergleich zum Versuchsabschnitt 2000 bis 2004 (siehe Schichtl, 2007) verbesserte sich die durchschnittliche Tagesmilchmenge der DH um 2,68 kg, die des FV um 1,56 kg und damit der Durchschnitt der reinrassigen Genotypen (26,6 kg) um 2,12 kg (8,64 %). Die F₁-Generation blieb hinter den Erwartungen zurück. Obwohl deren durchschnittliche Leistung (26,3 kg) im Vergleich zur Arbeit von Schichtl (2007) um 1,05 kg bzw. 4,17 % (DH-FV: 1,98 kg, FV-DH: 0,12 kg) anstieg, konnte die dort gefundene positive Heterosis der F₁-Generation von 0,74 kg (3,08 %) nicht bestätigt werden. Zwar zeigten DH-FV für sich allein eine positive Heterosis von 0,85 kg (3,15 %), die durchschnittliche Heterosis der F₁-Generation war jedoch durch den niedrigen Wert der FV-DH (-1,49 kg bzw. -

5,59 %) mit -0,32 kg (-1,20 %) negativ. Damit fanden die in der Literatur angegebenen positiven Heterosis-Werte von 1,8 % (Montgomerie, 2002) bis 8 % (McAllister, 2002) ebenfalls keine Bestätigung.

Die durchschnittliche Tagesmilchmenge der R_1 -Generation (26,4 kg) stieg im Vergleich zur F_1 -Generation mit 0,12 kg (0,45 %) wieder leicht an. Die DH-FV_DH zeigten eine positive Heterosis von 0,85 kg (3,15 %). Durch die geringe Leistung der FV-DH_FV (Abweichung zur errechneten Heterosis von -0,94 kg bzw. -3,63 %) verfehlte die R_1 -Generation insgesamt die erwartete Leistung nur um -0,04 kg bzw. -0,16 %. Alle Ergebnisse, bis auf die Werte innerhalb der F_1 -Generation waren signifikant. Aus den vorliegenden Daten konnte für die R_1 -Generation kein klarer negativer Trend herausgelesen werden.

Insgesamt lagen die durchschnittlichen Leistungen sowohl der F_1 - als auch der R_1 -Generation nahe den Durchschnittswerten der Elternrassen, zeigten jedoch eine leicht fallende Tendenz.

1.2. Milchmenge pro Gemelk und Besuchshäufigkeit

Die Milchmenge pro Gemelk hat separat betrachtet nur eine eingeschränkte Aussagekraft und kann erst in einem zeitlichen Kontext sinnvoll interpretiert werden. Als zeitlicher Bezug wurde hier die Besuchshäufigkeit im AMS bzw. die Anzahl der Gemelke pro Tag gewählt, welche, für sich allein stehend, ebenfalls nur beschränkt aussagekräftig sind. Aus der Verbindung beider Werte ergab sich mit der erreichten Tagesmilchmenge ein gut vergleich- und interpretierbarer Parameter.

Die Deutschen Holsteins gaben mit 10,44 kg die meiste Milch pro Gemelk. Die durchschnittliche Anzahl von 2,82 Gemelken pro Tag, welche der Besuchshäufigkeit im AMS entsprach, war jedoch die Zweitniedrigste im Feld. Sie korrespondierte gut mit der für die DH errechneten, zweithöchsten Zwischenmelkzeit von 8,68h. Dennoch schafften es die DH aufgrund der großen Gemelksmenge die höchsten Tagesmilchleistungen zu produzieren. Das FV erzeugte mit 8,33 kg die zweitniedrigste Gemelksmenge bei mittlerer Besuchshäufigkeit (2,94/Tag), was die niedrigste Tagesmilchmenge ergab. Die durchschnittliche Gemelksmenge lag in Bayern im Versuchszeitraum für die DH bei 13,73 kg und für das FV bei 11,60 kg (siehe Tabelle 5). Allerdings wurde die Milch in über 99 % der Betriebe konventionell und damit in der Regel zweimal täglich entzogen (LKV-Bayern, 2005 - 2008). Die Gemelksmengen waren somit nicht vergleichbar. Durchschnitt-

lich erreichten die reinrassigen Genotypen eine mittlere Gemelksmenge von 9,39 kg bei einer mittleren Besuchshäufigkeit von 2,88/Tag.

Mit annähernd gleichen Gemelksmengen (DH-FV: 9,15 kg, FV-DH: 9,19 kg) folgte die F₁-Generation. Dabei fiel auf, dass die Anzahl der Gemelke pro Tag bei DH-FV (3,07) und FV-DH (2,80) erheblich differierten. Dies zeigte sich auch in den korrespondierenden Zwischenmelkzeiten (DH-FV: 8,08h, FV-DH: 8,79h). Über die häufigeren Besuche im AMS erreichten DH-FV (3,07/Tag) eine um 2,4 kg höhere durchschnittliche Tagesmilchleistung als FV-DH (2,80/Tag). Die Besuchshäufigkeiten für die F₁-Generation deckten sich mit denen von Schichtl (2007) in 2000 - 2004 gefundenen Werte in eben diesem AMS. Auch die für die DH und das FV erhobenen Werte stimmten nahezu überein. Die durchschnittliche Gemelksmenge der F₁-Generation lag bei 9,17 kg, die negative Heterosis damit bei -0,22 kg (-2,33 %). Durch die positive Heterosis bei der Besuchshäufigkeit (0,06/Tag entspricht 1,94 %) glichen sich die Werte annähernd aus, sodass die mittlere Tagesmilchmenge der F₁-Generation nah bei denen der reinrassigen Genotypen lag (siehe Abschnitt V.1.1. Tagesmilch).

Die gleiche Tendenz war in der R₁-Generation zu beobachten, wo auch der Erwartungswert für die Heterosis der Milchmenge pro Gemelk um -0,40 kg (-4,31 %) abwich, jedoch analog zur F₁-Generation eine positive Differenz zur errechneten Heterosis von 0,13 Gemelken pro Tag (4,50 %) bestand. Auch die R₁-Generation produzierte damit in etwa die gleiche mittlere Tagesmilchmenge wie die reinrassigen Genotypen.

Auffällig waren hier die großen und signifikanten Unterschiede in den Tagesmilchmengen innerhalb der reinrassigen Genotypen und der R₁-Generation sowie die steigenden Unterschiede der Besuchshäufigkeiten von den reinrassigen Genotypen über die F₁- zur R₁-Generation.

1.3. Milchfluss

Die DH erreichten mit 2,64 kg/min das höchste DMHG bei dem höchsten HMF (3,80 kg/min). Durch diese großen Flussraten erbrachten sie die höchste Gemelksmenge innerhalb kürzester Zeit. Das FV lag beim DMHG und HMF (1,91 kg/min bzw. 3,13 kg/min) im unteren Bereich und unterschied sich in beiden Parametern signifikant von den DH. Die niedrigen Gemelksmengen wurden vom FV daher in mittleren Melkzeiten erbracht. Die reinrassigen Genotypen er-

reichten ein mittleres DMHG von 2,28 kg/min und einen mittleren HMF von 3,47 kg/min. Für den gleichen Zeitraum lag in Bayern das DMHG für die DH bei 2,24 kg/min und für das FV bei 1,88 kg/min, der HMF für die DH bei 3,44 kg/min und für das FV bei 2,85 kg/min (siehe Tabelle 4). Die Vergleichsbetriebe in Bayern arbeiteten allerdings zu über 99 % im konventionellen Milchentzug (LKV-Bayern, 2005 - 2008).

In der F₁-Generation erreichten die DH-FV (3,55 kg/min) und die FV-DH (3,58 kg/min) nahezu gleiche HMF. Die DMHG waren mit 2,47 kg/min (DH-FV) und 2,24 kg/min (FV-DH) ebenfalls nicht signifikant verschieden. Es ergab sich ein mittleres DMHG von 2,36 kg/min und damit eine Heterosis von 0,08 kg/min (3,47 %). Beide Genotypen der F₁-Generation unterschieden sich in ihrer Leistung signifikant von der der DH und dem FV. Der HMF lag in der F₁-Generation durchschnittlich bei 3,57 kg/min und entsprach einer Heterosis von 0,10 kg/min (2,94 %). Die in der F₁-Generation leicht zurückgehende Gemelksmenge wurde demnach in kürzerer Zeit und mit höherer Geschwindigkeit ermolken. Diese erwünschte Steigerung des DMHG führte in der Konsequenz zu kürzeren Melkzeiten und einer besseren Auslastung der Melksysteme.

In der R₁-Generation war diese Tendenz wieder rückläufig. Das mittlere DMHG in der R₁-Generation betrug 2,05 kg/min, was einer Unterschreitung der erwarteten Heterosis von 0,26 kg/min (-11,39 %) entsprach. Der mittlere HMF betrug 3,07 kg/min und wich von der berechneten Heterosis noch einmal um -0,45 kg/min (-12,70 %) ab. Die in der R₁-Generation durchschnittlich niedrigeren Gemelksmengen wurden mit geringeren Geschwindigkeiten langsamer ermolken, was zu einer niedrigeren Auslastung des AMS führte.

1.4. Melkdauer

Die Melkdauer wurde für alle Viertel separat bestimmt. Das zeitlimitierende Viertel war jedoch bei allen Genotypen das rechte Hinterviertel, welches teils deutlich längere Melkzeiten aufwies als alle anderen Viertel. Dies scheint aus der Ansatzreihenfolge der Melkbecher zu resultieren, die dem Schema hinten rechts, hinten links, vorne links und vorne rechts folgte. Der Melkvorgang an den Zitzen begann sofort nach dem Ansetzen. Kam es zu einer Störung während des Ansetzens der Melkbecher, z.B. durch Abschlagen oder Unruhe der Kuh, wurde der komplette Arbeitsgang wiederholt, was zu einer Melkzeitakkumulation bei dem zuerst ange-

setzten Zitzenbecher führte. An dieser Stelle sollen deshalb die absoluten Werte in den Hintergrund treten.

Die F_1 -Generation zeigte eine negative Heterosis und damit eine gewünschte Melkzeitverkürzung. Dies galt sowohl für die einzelnen Zitzen als auch für die Durchschnittswerte der Vorder- und Hinterviertel sowie den Durchschnitt aller Viertel. Damit wurde in der F_1 -Generation die leicht zurückgegangene Tagesmilchmenge in häufigeren Melkvorgängen mit größerer Geschwindigkeit ermolken als bei den reinrassigen DH und FV.

Für die R_1 -Generation wurde die erwartete Heterosis überschritten, sodass die durchschnittliche Melkzeit noch über die der reinrassigen Genotypen anstieg. Die in der R_1 -Generation gemessenen niedrigeren Tagesmilchmengen wurden im Vergleich zu den reinrassigen Genotypen während häufigerer Melkvorgänge in einer längeren Zeitspanne ermolken, was zu einer geringeren Auslastung des AMS führte.

1.5. Leitfähigkeit

Die LF-Werte der DH waren für jedes Viertel fast ausnahmslos signifikant höher als die der anderen Genotypen. Für das FV ergaben sich mittlere Werte. Beide Genotypen der F_1 -Generation zeigten ähnliche LF-Werte, die im mittleren Bereich lagen. Die FV-DH_FV der R_1 -Generation wiesen die niedrigsten LF-Werte auf und unterschieden sich damit, wenn auch nicht signifikant von den DH-FV_DH, die mit ihren Werten im oberen Bereich lagen. Keiner der Genotypen erreichte Werte über 6,5 mS/cm oder zeigte Abweichungen zwischen den einzelnen Vierteln in einer Größenordnung, die annähernd 15 % erreichten, womit nach Krömker (2006) ein deutlicher Hinweis auf ein Entzündungsgeschehen gegeben wäre. Eine höhere Entzündungstendenz für ein bestimmtes Euterviertel konnte mit Hilfe des LF-Wertes hier bei keinem der Genotypen festgestellt werden.

Der signifikant erhöhte LF-Wert wurde für die DH gleichzeitig mit einem signifikant erhöhten SCS von 3,94 (192T Zellen/ml) nachgewiesen. Mit diesem Hinweis auf eine veränderte Milchqualität und einem gehäuftem Auftreten eines Entzündungsgeschehens konnte eine erhöhte Inzidenz von Mastitiden vermutet werden. Auch die LF-Werte der übrigen Genotypen korrelierten mit den gefundenen SCS-Werten und deckten sich damit mit den Ergebnissen von Scholz et al. (2001a) und

Schichtl (2007). Ein signifikanter Unterschied in den LF-Werten von Vorder- und Hintervierteln konnte nicht gefunden werden.

2. LKV-Daten

2.1. LKV-Laktationsdaten

Die für die LKV-Laktationsdaten berücksichtigten 316 Tiere hatten als Datengrundlage alle eine abgeschlossene Laktation, die wenigstens 250 Laktationstage aufwies. Die Laktationsdatensätze wurden vom LKV über die Prüftagesleistungen der entsprechenden Tiere errechnet. Die resultierenden Datensätze wurden als Berechnungsgrundlage für diese Arbeit weiterverwendet. Infolge der unterschiedlichen Stichprobenzusammensetzung und Berechnungsmethoden der LKV-Prüftagesleistungen konnten die Ergebnisse von denen der LKV-Laktationsleistungen abweichen, die dann ggf. bei den jeweiligen Merkmalen diskutiert wurden.

2.1.1. Milchleistung

Die in der Auswertung der Milchleistung aus den LKV-Laktationsdaten gefundenen Daten standen in guter Übereinstimmung mit den über das AMS erhobenen Tagesmilchleistungen und wurden durch diese bestätigt. Wie bei der über die AMS-Daten berechneten Tagesmilchmenge, stieg auch hier die Milchleistung mit zunehmendem DH-Genanteil an.

Erwartungsgemäß erbrachten die DH mit 10.091 kg die höchste 305-Tage-Milchleistung, das FV mit 8.225 kg die niedrigste. Beide lagen damit deutlich über den für den gleichen Zeitraum in Bayern (DH: 7.841 kg, FV: 6.475 kg) und der BRD (DH: 8.257 kg, FV: 6.420 kg) erhobenen durchschnittlichen Daten für diese Rassen (ADR, 2005 - 2008). Die durchschnittliche 305-Tage-Laktationsleistung der reinrassigen Genotypen betrug 9.158 kg Milch. Bei der auf Fett- und Eiweißgehalt korrigierten Milchmenge ergab sich für die DH mit 9.523 kg Milch ebenfalls die höchste Leistung. Damit konnte in dieser Arbeit die Aussage verschiedener Autoren (Touchberry, 1992; VanRaden, 1992; McAllister et al., 1994; Heins et al., 2006c) bestätigt werden, dass die höchste Leistung in kg Milch pro Laktation immer noch von den reinen Holsteins erbracht wird. Das FV hatte mit 8.384 kg Milch die niedrigste auf Fett und Eiweiß korrigierte 305-Tage-

Laktationsleistung. Damit lag der Leistungsdurchschnitt der korrigierten 305-Tage-Laktationsleistung der reinrassigen Genotypen bei 8.953 kg Milch.

Die F₁-Generation blieb hinter den an sie gestellten Erwartungen zurück. DH-FV erbrachte eine 305-Tage-Laktationsleistung von 9.451 kg Milch und FV-DH eine von 8.872 kg Milch. Beide lagen damit im Mittelfeld und leisteten durchschnittlich 9.162 kg Milch. Zwar war die Heterosis damit immer noch positiv, lag aber mit 0,04 % (3,55 kg) eher im Promillebereich. Gegenüber den reinrassigen Genotypen produzierte die F₁-Generation jedoch mehr Inhaltsstoffe. Bei der korrigierten Milchmenge ergaben sich deshalb höhere Werte. Die DH-FV kamen auf eine 305-Tage-Laktationsleistung von 9.387 kg Fett und Eiweiß korrigierter Milch, FV-DH auf 8.928 kg. Zwar wurde damit die absolute Milchmenge auch in der F₁-Generation mit durchschnittlich 9.157 kg noch leicht nach unten korrigiert, die Heterosis lag dennoch bei 204 kg (2,28 %) Fett und Eiweiß korrigierter Milch.

Für F₁-Kreuzungen zwischen Red-Holsteins x Fleckvieh gab Fürst (2005) eine Mehrleistung von über 1.000 kg Milch gegenüber der Durchschnittsleistung von reinem Fleckvieh an. Diese Größenordnung wurde auch in diesem Versuch bei der nicht korrigierten Laktationsleistung mit 937 kg annähernd erreicht. Schichtl (2007) konnte jedoch unter gleichen Bedingungen für die nicht korrigierte Laktationsleistung eine Heterosis von 276 kg Milch (3,7 %) nachweisen und für die korrigierte Laktationsleistung sogar eine Heterosis von 516 kg (6,9 %) Fett und Eiweiß korrigierter Milch. Auch andere Autoren gaben für die Laktationsleistung bei F₁-Kreuzungen zwischen *Bos taurus* x *Bos taurus* mit Holsteinbeteiligung unter verschiedenen Haltungsbedingungen Heterosiswerte zwischen 1,8 % und 6,1 % an (Ahlborn-Breier & Hohenboken, 1991; McAllister, 2002; Montgomerie, 2002; VanRaden & Sanders, 2003; Walsh et al., 2007). Für Kreuzungen von *Bos taurus* x *Bos indicus* wurden in der Literatur erheblich höhere Werte für die Heterosis angegeben.

In der R₁-Generation produzierten die DH-FV_DH 9.488 kg Milch, die FV-DH_FV 8.580 kg und es ergab sich eine durchschnittliche Laktationsleistung von 9.212 kg Milch. Die Milchmenge fiel im Vergleich zu den reinrassigen Genotypen um 124 kg (-1,35 %) und zur F₁-Generation um 127 kg (-1,39 %). Die erwartete Heterosis wurde um 125 kg Milch (-1,37 %) unterschritten.

Zwar gingen in der R₁-Generation gegenüber der F₁-Generation der durchschnittliche Fettgehalt und die Fettmenge minimal zurück, der Eiweißgehalt und die Ei-

weißmenge stiegen jedoch weiter an. Die korrigierte Milchleistung lag für die DH-FV_DH bei 9.518 kg und für die FV-DH_FV bei 8.907 kg, was einer durchschnittlichen 305-Tage-Laktationsleistung von 9.212 kg Fett und Eiweiß korrigierter Milch für die R₁-Generation entsprach. Die Heterosis der R₁-Generation wich positiv um 157 kg (1,73 %) Fett und Eiweiß korrigierter Milch vom Erwartungswert ab. Die Steigerung der Fett und Eiweiß korrigierten Milch gegenüber den reinrassigen Genotypen betrug damit 259 kg (2,89 %), gegenüber der F₁-Generation immerhin noch 55 kg (0,60 %).

Berichte von McDowell (1985), Touchberry (1992) und Zarnecki et al. (1993), wonach die R₁-Generation bzw. Rückkreuzungen teils über mehrere Generationen eine nennenswerte Heterosis bei der absoluten Milchleistung aufwiesen, wurden hier nicht bestätigt. Forschungsergebnisse anderer Autoren (Syrstad, 1989; Demeke et al., 2000; Ahmed et al., 2007) deuteten auf eine sinkende absolute Milchleistung in Rückkreuzungs- bzw. Folgegenerationen hin. Da diese Daten an Kreuzungen von *Bos taurus* x *Bos indicus* erhoben wurden, können die Ergebnisse jedoch lediglich hinweisenden Charakter haben.

Eine Steigerung der Fett und Eiweiß korrigierten Milchleistung kann in dieser Arbeit für die Wechselkreuzung zwischen DH und FV über die F₁-Generation hinaus nachgewiesen werden. Ob sich davon für Wechselkreuzungen zwischen DH und FV eine wirtschaftlichere Milchproduktion ableiten lässt, wie von Lopez-Villalobos et al. (2000b) für Neuseelands Weidewirtschaft beschrieben oder von Van Raden und Sanders (2003) für bestimmte Preismodelle errechnet wurde, kann jedoch an dieser Stelle nicht geklärt werden.

2.1.2. Fettgehalt in Prozent

Obwohl deutliche Unterschiede zwischen den Milchfettgehalten der einzelnen Genotypen bestanden, konnte für die aus den LKV-Laktationsdaten geschätzten Werte keine signifikanten Unterschiede festgestellt werden. Erwartungsgemäß wurde bei den DH mit 3,64 % der niedrigste Fettgehalt in der Milch nachgewiesen; das FV befand sich mit 3,79 % lediglich im Mittelfeld. Beide Rassen lagen deutlich unter den für den gleichen Zeitraum in Bayern (DH: 4,10 %, FV: 4,14 %) und der BRD (DH: 4,08 %, FV: 4,12 %) erhobenen Daten für diese Rassen (ADR, 2005 - 2008). Die reinrassigen Genotypen DH und FV erreichten einen durchschnittlichen Milchfettanteil von 3,72 %.

In der F_1 -Generation lagen die DH-FV mit 3,77 % Milchfettgehalt knapp unter der Leistung vom FV, die FV-DH wiesen mit 3,87 % den höchsten Fettgehalt in der Milch auf. Der durchschnittliche Milchfettanteil in der F_1 -Generation betrug 3,82 %. Daraus ergab sich eine Heterosis von 0,11 Fettgehaltsprozent (2,83 %) in der Milch, die sich zwar mit dem von Schichtl (2007) gefundenen Wert unter gleichen Versuchsbedingungen deckte aber ebenfalls nicht signifikant war. Niedrigere Fettgehalte für reine Holsteins gegenüber den F_1 -Kreuzungen gaben auch Heins et al. (2006c; 2008) und Swalve et al. (2008) an. Freyer et al. (2008) berichteten ebenfalls über niedrigere Fettgehalte in der Milch von Holsteins gegenüber Jersey x Holstein - Kreuzungen, welche allerdings eine negative Heterosis von 4,2 % bei diesem Merkmal aufwiesen. Die von Buchberger et al. (1986) beschriebenen niedrigeren Fettgehalte für alle Kreuzungen von Red-Holsteins x Fleckvieh gegenüber reinrassigem Fleckvieh waren hier nicht erkennbar. Wolf et al. (2005) konnten für Kreuzungen von Tschechischem Fleckvieh x Holsteins nahezu keine Kreuzungseffekte für das Merkmal Milchfettgehalt nachweisen. Rincon et al. (1982) fanden hingegen eine leicht negative Heterosis für F_1 -Kreuzungen von Brown Swiss x Holsteins und Ayrshires x Holsteins.

Die R_1 -Generation erreichte einen durchschnittlichen Milchfettanteil von 3,81 %. Dabei lagen DH-FV_DH mit 3,84 % und FV-DH_FV mit 3,78 % nahe den Werten der F_1 -Generation. Der durchschnittliche Fettgehalt der Milch lag um 0,1 Fettgehaltsprozent (2,57 %) über dem der reinrassigen Genotypen. Bei einer leichten Verbesserung von 0,04 Fettgehaltsprozent (1,14 %) gegenüber der erwarteten Heterosis blieb der Milchfettanteil damit in etwa auf dem Niveau der F_1 -Generation. Die für den Milchfettgehalt ausgewerteten Daten der LKV-Prüftage ergaben zwar nur signifikante Unterschiede zwischen den DH und den restlichen Genotypen, die Verbesserung der Heterosis in Bezug auf den Erwartungswert betrug für die R_1 -Generation jedoch 0,15 Fettgehaltsprozent (4,09 %). Gegenüber den reinrassigen Genotypen stieg der Milchfettanteil damit um 0,22 % (5,97 %) und gegenüber der F_1 -Generation immerhin noch um 0,09 % (2,27 %). Ein genereller Abfall des Fettgehaltes von der F_1 - auf die R_1 -Generation, wie er bei McDowell et al. (1996) und Barbosa et al. (2008) ermittelt wurde, war hier nicht festzustellen. Es sei noch einmal ausdrücklich darauf hingewiesen, dass für die vorliegenden Daten keine signifikanten Unterschiede zwischen den einzelnen Ge-

notypen bestanden und damit die Diskussion der Daten mit entsprechender Vorsicht zu behandeln ist.

2.1.3. Eiweißgehalt in Prozent

Signifikante Unterschiede im Eiweißgehalt der Milch traten nur zwischen den DH und den restlichen Genotypen auf. Erwartungsgemäß lieferte die Milch der DH mit 3,27 % den niedrigsten Eiweißgehalt. Das FV zeigte mit 3,53 % den zweitbesten Wert. Zusammen erreichten die reinrassigen Genotypen einen durchschnittlichen Milcheiweißanteil von 3,40 %. Das FV lag damit über den für den gleichen Zeitraum in Bayern (FV: 3,48 %) und der BRD (FV: 3,47 %) erhobenen Daten für diese Rasse, die DH (Bayern: 3,34 %, BRD: 3,36 %) lagen darunter (ADR, 2005 - 2008).

Beide Genotypen der F₁-Generation hatten Milcheiweißgehalte im mittleren Bereich (DH-FV: 3,44 %, FV-DH: 3,48 %). Durchschnittlich erreichten sie 3,46 %. Das entsprach einer Heterosis von 0,06 Eiweißgehaltsprozent (2,83 %) in der Milch. Wie von Buchberger et al. (1986) beschrieben, haben die F₁-Kreuzungen weniger Eiweißgehalt in der Milch als das FV, wobei diese Unterschiede allerdings nicht signifikant waren. Signifikant niedrigere Eiweißgehalte gegenüber der F₁-Generation wiesen jedoch die DH auf, womit sowohl Heins et al. (2006c; 2008) als auch Swalve et al. (2008) und Schichtl (2007) bestätigt wurden. Schichtl (2007) fand ebenfalls eine leicht positive Heterosis in der F₁-Generation. Wolf et al. (2005) konnten für Kreuzungen von Tschechischem Fleckvieh x Holsteins nahezu keine Kreuzungseffekte für das Merkmal Milcheiweißgehalt nachweisen. Auch Freyer et al. (2008) berichteten von nahezu fehlender Heterosis für das Merkmal Milcheiweißgehalt bei Jersey x Holstein - Kreuzungen.

Die R₁-Generation erreichte einen durchschnittlichen Milcheiweißgehalt von 3,52 %. DH-FV_DH lagen mit 3,46 % im mittleren Bereich, FV-DH_FV erreichten mit 3,58 % den höchsten Wert. Der durchschnittliche Eiweißgehalt der Milch lag um 0,12 Eiweißprozent (3,66 %) über dem der reinrassigen Genotypen und um 0,06 Eiweißprozent (1,73 %) über dem der F₁-Generation. Diese Unterschiede waren jedoch nicht signifikant. Die erwartete Heterosis für den Eiweißgehalt der Milch der R₁-Generation wurde um 0,09 % (2,68 %) überschritten. Die gleiche Tendenz war auch aus den LKV-Prüftagesdaten herauszulesen. Ein genereller Abfall des Eiweißgehaltes in den Nachfolgenerationen, wie ihn Madalena et al.

(1990a) berichteten, war hier nicht festzustellen. Bei der Interpretation der Daten ist zu berücksichtigen, dass sich lediglich die errechneten Eiweißgehalte von den DH signifikant von allen anderen Genotypen unterschieden.

2.1.4. Fettmenge in kg

Trotz eines im mittleren Bereich liegenden Fettgehaltes zeigte das FV mit 310 kg die niedrigste Fettmenge und unterschied sich damit signifikant von den anderen Genotypen. Die DH erbrachten mit 364 kg die höchste Fettmenge. Für beide Rassen war die Fettmengenleistung anhand der erbrachten Milchleistung nachvollziehbar. Sie lagen damit deutlich über den für den gleichen Zeitraum in Bayern (DH: 319,3 kg, FV: 266,6 kg) und der BRD (DH: 337,0 kg, FV: 264,5 kg) erhobenen Daten für ihre Rassen (ADR, 2005 - 2008). DH und FV produzierten eine durchschnittliche Fettmenge von 337 kg.

In der F₁-Generation erreichten die DH-FV eine Fettmenge von 356 kg, die FV-DH von 337 kg. Die durchschnittliche Milchfettmenge in der F₁-Generation betrug 346 kg und die Heterosis 9,05 kg (2,68 %). Damit war sie deutlich niedriger als die von Schichtl (2007) mit 7,2 % unter gleichen Versuchsbedingungen gefundene Heterosis. Auch die von Van Raden und Sanders (2003) mit 4,4 % genannte Heterosis wurde nicht erreicht. Im Gegensatz zu den Ergebnissen von Heins et al. (2008), Ahlborn-Breier und Hohenboken (1991) und Schichtl (2007) zeigten die DH eine deutlich höhere Fettmengenleistung als der Durchschnitt der F₁-Kreuzungen. Diese Werte waren allerdings nicht signifikant. Signifikant war aber die Überlegenheit der F₁-Generation gegenüber dem reinrassigen FV und bestätigte damit die Angaben von Buchberger et al. (1986).

Die R₁-Generation erreichte eine durchschnittliche Fettmenge von 345 kg. DH-FV_DH kamen mit 362 kg annähernd an die Leistungen von DH heran und FV-DH_FV auf 328 kg. In der R₁-Generation lag die Milchfettmenge 7,58 kg (2,25 %) über der durchschnittlichen Leistung der reinrassigen Tiere. Bei einer geringen Überschreitung der zu erwartenden Heterosis um 3,06 kg (0,90 %) fiel der Milchfettanteil nur minimal gegenüber der F₁-Generation ab. Die reinen Holsteins waren in der Fettmengenleistung auch der R₁-Generation überlegen. Swalve et al. (2008) fand ähnliche Daten für die zweite Laktation der R₁-Generation von Schwedischen Rotbunten x Holsteins, wobei die Fettmenge der R₁-Generation

stärker gegenüber der F₁-Generation abfiel und damit eine Studie von Ahlborn-Breier und Hohenboken (1991) bestätigte.

Bei der Berechnung der Fettleistung unterschieden sich die gefundenen Werte nur teilweise signifikant voneinander. Auch die an dieser Stelle getroffenen Aussagen sind deshalb mit Vorsicht zu interpretieren.

2.1.5. Eiweißmenge in kg

Obwohl die DH die signifikant niedrigsten Eiweißgehalte aufwiesen, waren die Eiweißmengen mit 330 kg absolut die höchsten im Feld. Wie schon bei der Fettmenge, war diese Leistung der hohen Milchlaktationsleistung geschuldet. Das FV hatte trotz der zweithöchsten Eiweißgehalte mit 288 kg die niedrigste Eiweißmenge und unterschied sich damit signifikant von den DH. Beide Rassen lagen über den für den gleichen Zeitraum in Bayern (DH: 261,1 kg, FV: 225,0 kg) und der BRD (DH: 277,5 kg, FV: 222,5 kg) erhobenen Daten für ihre Rassen (ADR, 2005 - 2008) und produzierten eine durchschnittliche Eiweißmenge von 309 kg.

Die Leistung der F₁-Genotypen divergierte. Die DH-FV erreichten mit 324 kg annähernd die Leistung der DH, die FV-DH mit 306 kg knapp den Durchschnitt der reinrassigen Genotypen. Diese Ergebnisse waren ebenfalls in erster Linie auf die unterschiedlich hohen Milchleistungen zurückzuführen. Die durchschnittliche Eiweißmenge in der F₁-Generation betrug 315 kg, die Heterosis 5,44 kg (1,76 %). Sie war damit weitaus niedriger als die von Schichtl (2007) gefundenen 6,4 %, die bei Dechow et al. (2007) erwähnten 5,63 % und die von Van Raden und Sanders (2003) genannten 4,1 %. Die geringe Heterosis in Verbindung mit fehlender Signifikanz nahezu aller Werte ließ eher einen Schluss in Richtung fehlender Kreuzungsvorteile zu, wie sie von Wolf et al. (2005) für Kreuzungen von Tschechischem Fleckvieh x Holsteins gefunden wurden.

Die R₁-Generation erreichte eine durchschnittliche Milcheiweißmenge von 316 kg. Sowohl DH-FV_DH (325 kg) als auch FV-DH_FV (306 kg) produzierten die gleichen Mengen Eiweiß in einer Laktation wie DH-FV bzw. FV-DH. Die durchschnittliche Eiweißmenge lag um 6,26 kg (2,02 %) über der der reinrassigen Genotypen. Bei einer positiven Abweichung zur erwarteten Heterosis um 3,54 kg Eiweiß (1,13 %) stieg der Gehalt damit minimal gegenüber der F₁-Generation an. Wie bei Buchberger et al. (1986), waren damit alle Kreuzungstiere in ihren Leistungen dem FV überlegen, kamen aber nicht an die Ergebnisse der DH heran. De-

chow et al. (2007) berichteten ebenfalls von besseren Leistungen der Holsteins gegenüber den Rückkreuzungen von Browns Swiss x Holsteins. Allerdings zeigten die Rückkreuzungen einen signifikanten Leistungsabfall gegenüber der F₁-Generation. Die Überlegenheit der Holsteins gegenüber den Folgegenerationen beobachteten auch Swalve et al. (2008) in der zweiten Laktation für die Kreuzung von Schwedischen Rotbunten x Holsteins.

Wie auch schon bei den zuvor diskutierten Merkmalen, ist auch hier zu berücksichtigen, dass sich nur wenige Genotypen signifikant in ihrer Leistung unterscheiden, sodass die Interpretation der Daten mit Vorsicht vorgenommen werden muss.

2.1.6. Harnstoff

Die Harnstoffgehalte aller Genotypen lagen im Bereich von 290 mg/l - 306 mg/l und damit sehr dicht beieinander. Es konnten keine signifikanten Unterschiede zwischen den einzelnen Genotypen nachgewiesen werden. Alle Milchwarnstoffgehalte lagen innerhalb der in der Literatur angegebenen Referenzbereiche und erlaubten den Rückschluss auf eine Fütterung mit einem ausgewogenen Verhältnis von Energie- und Proteinversorgung.

Eine in der Literatur beschriebene negative Korrelation zwischen Milchwarnstoffgehalt und Zellgehalt der Milch (Rossow & Richardt, 2003) konnte aufgrund der fehlenden signifikanten Unterschiede im Harnstoffgehalt der Genotypen weder bestätigt noch widerlegt werden. Auch die beschriebene positive Korrelation zwischen Milchwarnstoffgehalt und Eiweißmenge konnte durch die vorliegenden Daten ebenso wenig beurteilt werden wie ein Zusammenhang zwischen Milchwarnstoffgehalt und Fruchtbarkeitsparametern.

2.1.7. SCS Zellzahl

Der weitaus höchste SCS wurde mit durchschnittlich SCS 4,32 (250T Zellen/ml Milch) bei den DH nachgewiesen und unterschied sich damit bis auf FV_DH signifikant von allen anderen Genotypen. Dieser weit über der physiologischen Zellgehaltsgrenze von SCS 3,00 (100T Zellen/ml Milch) liegende Durchschnittswert legte die Vermutung nahe, dass unter den DH gehäuft subklinische bis klinische Mastitiden auftraten. Das FV lag mit einem SCS von 3,26 (119T Zellen/ml) im guten Mittelfeld und damit deutlich unter dem bayerischen Durchschnittswert für diese Rasse im gleichen Zeitraum. Die DH entsprachen in etwa dem bayerischen

Durchschnittswert (vergleiche Tabelle 9). Die reinrassigen Genotypen erreichten eine durchschnittliche Zellzahl von SCS 3,79 (173T Zellen/ml Milch). Es wird hier noch einmal ausdrücklich darauf hingewiesen, dass die durchschnittliche Zellzahl als Mittelwert des SCS berechnet und erst anschließend wieder in Zellzahlen umgerechnet wurde.

Die F₁-Generation zeigte wie die reinrassigen Genotypen signifikant unterschiedliche Zellzahlen. DH-FV wiesen die niedrigsten Zellzahlen mit SCS 3,05 (104T Zellen/ml) auf und lagen damit als einziger Genotyp annähernd im Bereich der physiologischen Zellzahlgrenze. Die FV-DH übertrafen diese mit SCS 3,81 (175T Zellen/ml) deutlich. Die FV-DH unterschieden sich damit nicht signifikant von den DH, jedoch von den meisten anderen Genotypen. Durchschnittlich erreichte die F₁-Generation einen SCS von 3,43 (135T Zellen/ml Milch) und damit eine Heterosis von -0,36 (-9,44 %) bzw. -45T Zellen/ml (-24,51 %). Schichtl (2007) fand eine noch höhere negative Heterosis für die Zellzahl bei Kreuzungen von DH x FV. Egger-Danner und Fürst (2005) sowie Penasa et al. (2007) schätzen die Heterosis für die von ihnen untersuchten Kreuzungen mit -6,4 % und -1,2 % zwar erheblich niedriger ein, dennoch lagen sie ebenfalls im erwünschten negativen Bereich. Auch für F₁-Kreuzungen zwischen Holsteins x Jerseys gibt Montgomery (2005) eine negative Heterosis an. Prendiville et al. (2010) konnten für Holsteins, Jerseys und deren Kreuzungen keine Unterschiede im SCS nachweisen; Gleiches fand Begley et al. (2008; 2010) für Kreuzungen von Norwegischem Rotvieh x Holsteins. Die - wenn auch nicht signifikant positive - Heterosis von Van Raden und Sanders (2003), Caraviello (2004) und Walsh et al. (2007) konnte genauso wenig bestätigt werden wie die positive Heterosis für den SCS bei Holstein x Jersey - Kreuzungen von der Freyer et al. (2008) berichteten.

Sowohl DH-FV_DH mit einem SCS von 3,22 (116T Zellen/ml Milch) als auch FV-DH_FV mit einem SCS von 3,21 (115T Zellen/ml Milch) lagen ohne signifikante Unterschiede sehr dicht beieinander. Die Milch der R₁-Generation hatte einen durchschnittlichen SCS von 3,21 (116T Zellen/ml Milch) und zeigte eine negative Abweichung der erwarteten Heterosis von -0,40 (-10,99 %) bzw. -46T Zellen/ml Milch (28,49 %). Die Veränderung des SCS zum Durchschnitt der reinrassigen Genotypen betrug -0,58 (-15,20 %). Die Milch der R₁-Generation beinhaltete damit signifikant weniger Zellen als die der reinrassigen DH. Swalve et al. (2008) kamen für die erste von zwei Laktationen auch zu diesem Ergebnis,

welches allerdings nicht signifikant war. Dechow et al. (2007) fanden für Rückkreuzungen von Brown Swiss x Holsteins ein ähnliches Ergebnis. Die in der F₁-Generation erreichte Heterosis (-7,78 %) konnte in der Folgegeneration jedoch nicht gehalten werden, lag aber nur minimal unter dem erwarteten Wert.

Der SCS stabilisierte sich damit sowohl in der F₁-, als auch in der R₁-Generation auf einem niedrigeren Niveau.

2.2. LKV-Prüftagesleistungen

Die Prüftagesleistungen sind über die nach den Versuchsbedingungen ausgesuchten Kühe an den jeweiligen LKV-Prüftagen erhoben worden. Diese Tiere hatten nicht notwendigerweise eine ausreichende Anzahl an Prüftagen für eine vollständige Laktationsberechnung. Damit unterschieden sich die Stichproben der LKV-Laktationsdaten und die LKV-Prüftagesdaten. Desweiteren lagen die LKV-Laktationsdaten nicht als Rohdaten vor, sondern in bereits vom LKV statistisch bearbeiteter Form der Prüftagesdaten der entsprechenden Tiere. Diese wurden erst danach in dieser Arbeit über ein eigenes statistisches Modell berechnet. Auch die Stichproben der LKV-Prüftagesdaten und der AMS-Daten unterschieden sich, wenn auch minimal (vergleiche Tabelle 13 und Tabelle 14).

Trotz der unterschiedlichen Stichprobenzusammensetzung, Datengrundlagen und unterschiedlichen Berechnungsmodellen sollen die LKV-Prüftagesleistungen an dieser Stelle als alternative Information zu den jeweiligen AMS- und LKV-Laktationsdaten diskutiert werden.

2.2.1. Tagesmilchmenge

Die Auswertung der Tagesmilchmenge aus den LKV-Prüftagesleistungen zeigte ein ähnliches Bild wie das der AMS-Daten. Durchschnittlich gaben die reinrassigen DH und FV geschätzte 30,1 kg Milch pro Tag und damit die höchste Durchschnittsleistung. Die Leistung der DH wurde auch hier von keinem der anderen Genotypen erreicht.

Der Durchschnitt der F₁-Generation bewegte sich mit 29,8 kg Milch pro Tag analog zu den über das AMS erhobenen Werten, sodass die gefundene negative Heterosis mit -0,36 kg (0,19 %) beider Stichproben übereinstimmte. Die R₁-Generation erbrachte eine durchschnittliche Tagesmilchmenge von 28,5 kg. Die Abweichung zur berechneten Heterosis der R₁-Generation für dieses Merkmal war, wie schon bei den AMS-Daten, negativ und betrug -1,47 kg (4,92 %) Milch

pro Tag. Im Gegensatz zu den AMS-Daten sank auch die durchschnittliche Tagesmilchmenge im Vergleich zur F₁-Generation um 1,29 kg (-4,35 %). Damit konnte der in den AMS-Daten gefundene leichte Abwärtstrend der Tagesmilchmenge durch die Prüftagesdaten bestätigt werden.

2.2.2. Fettgehalt in Prozent

Im Gegensatz zu den LKV-Laktationsdaten unterschieden sich die DH signifikant von allen anderen Genotypen, welche untereinander keine signifikanten Unterschiede zeigten. Den niedrigsten Fettgehalt der Milch hatten auch hier mit 3,46 % die DH. Das FV lag mit seiner Leistung (3,76 % Fett) analog zu den LKV-Laktationsdaten im Mittelfeld. Beide reinrassigen Genotypen lagen ebenfalls deutlich unter den für den gleichen Zeitraum in Bayern und der BRD erhobenen Daten für diese Rassen (siehe Tabelle 6) und erreichten einen durchschnittlichen Fettgehalt von 3,61 %.

DH-FV und FV-DH lagen mit durchschnittlich 3,72 % bzw. 3,77 % Fettgehalt kurz unter bzw. über der Leistung vom FV. Durchschnittlich erreichte die F₁-Generation einen Fettgehalt in der Milch von 3,74 % und eine Heterosis von 0,13 Fettgehaltsprozenten (3,61 %). Die Daten der F₁-Generation entsprachen damit in etwa den LKV-Laktationsdaten.

DH-FV_DH und FV-DH_FV hatten die höchsten Milchfettanteile mit 3,80 % und 3,85 %. Die R₁-Generation erreichte einen durchschnittlichen Fettgehalt der Milch von 3,83 % und dadurch eine Steigerung der erwarteten Heterosis um 0,15 Fettgehaltsprozent (4,09 %). Der durchschnittliche Fettgehalt der Milch stieg damit um knapp 6 % gegenüber dem Durchschnitt der reinrassigen Genotypen und, anders als bei den LKV-Laktationsdaten, um 2,29 % gegenüber der F₁-Generation. Dennoch konnte damit eine positive Heterosis sowohl für die F₁- als auch für die R₁-Generation durch die LKV-Prüftagesdaten bestätigt werden.

2.2.3. Eiweißgehalt in Prozent

Anders als bei den LKV-Laktationsdaten wiesen DH (3,36 %) und FV (3,48 %) die niedrigsten Eiweißgehalte im Versuchsfeld auf, dennoch lagen beide im bayesischen bzw. bundesdeutschen Durchschnitt (vergleiche Tabelle 7). Wie auch bei den LKV-Laktationsdaten, erreichten DH-FV und FV-DH mittlere Eiweißgehalte und als F₁-Generation eine positive Heterosis von 0,08 Eiweißprozent (2,37 %). Beide Genotypen der R₁-Generation zeigten, anders als bei den LKV-Laktations-

daten, die höchsten Milcheiweißanteile (DH-FV_DH: 3,55 %, FV-DH_FV: 3,57 %). Die Leistung in der R₁-Generation war dennoch mit der aus den LKV-Laktationsdaten zu vergleichen.

Die in den LKV-Laktationsdaten gefundene positive Heterosis für das Merkmal Milcheiweißgehalt konnte damit durch die LKV-Prüftagesdaten sowohl für die F₁- als auch für die R₁-Generation bestätigt werden.

2.2.4. Harnstoff

Wie auch bei den LKV-Laktationsdaten wurden für keinen der Genotypen signifikante Unterschiede festgestellt. Alle Werte lagen in sehr engen Grenzen, womit die gefundenen Unterschiede aufgrund der fehlenden Signifikanzen auch zufälliger Natur sein konnten. Damit zeigten die LKV-Prüftagesdaten die gleichen Ergebnisse wie die LKV-Laktationsdaten.

2.2.5. Zellzahl und SCS

Der augenfälligste Unterschied zu den LKV-Laktationsdaten war die absolute Höhe des SCS, die hier alleine für die DH über der physiologischen Grenze von 3,00 (100T Zellen/ml Milch) lag. Damit waren die DH der einzige Genotyp, für den nach LKV-Prüftagesdaten eine statistisch gesicherte Häufung von subklinischen Mastitiden unterstellt werden konnte. Die unterschiedliche Höhe der SCS bzw. Zellzahlen kann darin vermutet werden, dass die vom LKV zur Verfügung gestellten Laktationsdaten für die Zellzahlen nicht in Form von SCS aus den Prüftagesdaten gemittelt wurden und, da nicht normalverteilt, wesentlich höher ausfallen können. Erst nach Erhalt der prozessierten Daten wurden die übermittelten Zellzahlen für diese Arbeit in SCS umgewandelt, als LKV-Laktationsdaten berechnet und wieder in Zellzahlen überführt. Nach LKV-Prüftagesdaten erreichten sowohl das FV als auch die DH wesentlich niedrigere SCS bzw. Zellzahlen als der Durchschnitt der Rassen in Bayern (vergleiche Tabelle 9). Unabhängig von der absoluten Höhe war der durchschnittliche SCS der reinrassigen Genotypen, genau wie bei den LKV-Laktationsdaten, höher als in der F₁- und der R₁-Generation.

Die F₁-Generation zeigte eine Heterosis von -0,65 (-19,79 %) beim SCS und -56T Zellen/ml (-40,85 %) bei den Zellzahlen. Von der F₁- zur R₁-Generation fiel der SCS nicht mehr ab sondern stieg, analog zu den LKV-Laktationsdaten, wieder minimal an. Der Erwartungswert für den SCS bzw. die Zellzahlen wurde in der

R₁-Generation jedoch noch einmal um -0,28 (-9,54 %) bzw. -27T Zellen/ml (-24,85 %) unterschritten.

Da sich in beiden Berechnungen die Genotypen der F₁- und der R₁-Generation nicht signifikant unterschieden, konnte die in den LKV-Laktationsdaten gefundene negative Heterosis beider Generationen durch die hier geschätzten Werte bestätigt werden.

3. Fruchtbarkeit

Die Fruchtbarkeit wird durch einen kaum übersehbaren Komplex von Einflüssen bestimmt, der von Management-, Haltungs- und Fütterungseinflüssen über die Durchführung der Besamung, des Klimas und der Infektionen bis zur Erblichkeit reicht. Nicht zuletzt muss auch die Fruchtbarkeit des Bullen erwähnt werden (Lotthammer & Wittkowski, 1994). Diese Arbeit erhebt nicht den Anspruch, eine vollständige und detaillierte Fruchtbarkeitsanalyse der untersuchten Tiergruppe durchzuführen. Dafür wäre eine gemeinsame Auswertung aller Fruchtbarkeitsparameter notwendig. Vielmehr wurden die Aspekte der Fruchtbarkeit herausgegriffen und betrachtet, die im Rahmen der Versuchstiergruppe möglich waren und sinnvoll erschienen. So waren durch die Auswahl von Tieren mit einer Mindestanzahl an Laktationstagen von vornherein die Erhebung bestimmter Fruchtbarkeitsparameter, wie z.B. der Besamungsindex, der Erstbesamungserfolg oder die Konzeptionsrate, ausgeschlossen.

Bei der Interpretation der Ergebnisse waren auch die besonderen Bedingungen auf dem Lehr- und Versuchsgut Oberschleißheim zu berücksichtigen. Das LVG musste einerseits möglichst optimale Bedingungen für die zahlreich laufenden Versuche sicherstellen, andererseits war es aber auch verpflichtet, seinen Aufgaben in der Lehr-, Fort- und Weiterbildung nachzukommen. Dadurch wurden zum einen Tiere gehalten, die unter kommerziellen Gesichtspunkten den Betrieb schon längst verlassen hätten, zum anderen wurde die tägliche Routine durch den Lehrbetrieb häufig unterbrochen, wodurch eine gewisse Unruhe im Bestand auftrat. Zudem wurde das Fruchtbarkeitsmanagement zwar zentral geleitet, die Brunstkontrollen und Besamungen wurden jedoch häufig von Anfängern durchgeführt. Die damit auftretenden Einflüsse auf die Fruchtbarkeit der Herde waren nicht zu unterschätzen.

3.1. Rastzeit

Die DH wiesen die mit Abstand höchsten Rastzeiten auf. Sie wurden mit 88,9 Tagen post partum das erste Mal erneut besamt. Das FV wies mit 75,5 Tagen mittlere Rastzeiten auf. Durchschnittlich erfolgte die erste Besamung der reinrassigen Genotypen mit 82,2 Tagen post partum.

DH-FV wurde mit 66,7 Tagen p.p. am schnellsten wieder belegt und unterschied sich damit als einziger Genotyp signifikant von den DH. FV-DH zeigten mit 79,7 Tagen von allen Kreuzungen die längste Rastzeit. Die Heterosis für die F₁-Generation betrug -8,99 Tage (-10,94 %). Diese erwünschte Verkürzung der Rastzeit war jedoch statistisch nicht abgesichert. Allerdings musste sie vor dem Hintergrund einer gegenüber den reinrassigen Genotypen etwa gleichen absoluten Milchleistung und einer um 2,28 % gestiegenen korrigierten Milchleistung bewertet werden.

Die Rastzeit der R₁-Generation (DH-FV_DH: 75,6 Tage, FV-DH_FV: 76,6 Tage) lag bei 76,1 Tagen, woraus eine Verbesserung der zu erwartenden Heterosis von -1,60 Tagen (-2,06 %) resultierte. Zwar konnten statistisch keine Unterschiede zwischen den Generationen festgestellt werden, es ließ sich jedoch ein deutlicher Trend in Richtung verkürzter Rastzeit erkennen. Alle Genotypen lagen damit innerhalb der von verschiedenen Autoren als optimal betrachteten Rastzeit von 60 - 100 Tagen.

Die Rastzeit der Tiere ist maßgeblich von der ihnen gewährten freiwilligen Wartezeit abhängig (siehe Abbildung 2). Bei Einsatzleistungen über 45 kg Milch/Tag, wurde die freiwillige Wartezeit im Versuchszeitraum teilweise bis auf 100 Tage erhöht, was bei Genotypen mit hohen Laktations-Milchleistungen die Rastzeit entscheidend beeinflusste. Um das Bild der Rastzeit zu vervollständigen, müssten natürlich auch die unfreiwillige Wartezeit und damit die Qualität der Brunstbeobachtung sowie der Gesundheitszustand der Tiere in die Betrachtung der Daten einbezogen werden. Zur Interpretation der vorgestellten Rastzeiten sind diese Überlegungen daher mit einzubeziehen.

3.2. Verzögerungszeit

Die Dauer der Verzögerungszeit hängt, neben Besamungsfehlern und mangelnder Brunstbeobachtung, im Wesentlichen von den Faktoren der allgemeinen Brunstqualität und der allgemeinen Fruchtbarkeit ab. Sie beträgt im idealen Fall der

Erstbesamungs-Trächtigkeit null Tage. Sind die Brunstanzeichen schwach oder nicht vorhanden, geht Zeit durch die ungenutzte Brunst verloren. Ist die Fruchtbarkeit anderweitig gestört, bleibt bei erkannter und genutzter Brunst die Konzeption aus. Da die Verzögerungszeit erst nach erfolgter Trächtigkeit vorliegt, kann der Trächtigkeitsindex in Verbindung mit der Verlustzeit in der Verzögerungszeit (VZ_V) als Interpretationshilfe herangezogen werden und so einen Rückschluss auf eine verlängerte Verzögerungszeit geben.

Das FV wies mit 28 Tagen die geringste Verzögerungszeit auf und lag damit als einziger Genotyp unter den von Jahnke et al. (2002) als Mittelwert angegebenen 30 Tagen. Neuere Angaben in der Literatur lagen idealerweise bei 25 Tagen (Portal-Rind, 2010) bzw. 18 Tagen (DeKruif et al., 2006), wurden aber von keinem der Genotypen erreicht. Bei einem Trächtigkeitsindex von 2,12 ergab sich für das FV eine VZ_V von 4,3 Tagen, was darauf schließen ließ, dass die aufgetretenen Brünste erkannt und genutzt wurden. In abgeschwächter Form galt dies auch für FV-DH mit einer mittleren Verzögerungszeit von 36 Tagen bei einer VZ_V von 8,9 Tagen (Trächtigkeitsindex: 2,27). Bei ebenfalls mittleren Verzögerungszeit erreichten DH_FV (42 Tage, Trächtigkeitsindex: 2,41) und FV-DH_FV (34 Tage, Trächtigkeitsindex: 1,92) eine VZ_V von 12,6 Tagen bzw. 14,6 Tagen. Eine mögliche Erklärung dafür könnten Fruchtbarkeitsstörungen wie z.B. geringe Brunstanzeichen sein. Die Genotypen DH und DH-FV_DH hatten mit 59 Tagen bzw. 62 Tagen nicht nur lange Verzögerungszeiten, sondern mit 28,6 Tagen (Trächtigkeitsindex: 2,43) bzw. 32,5 Tagen (Trächtigkeitsindex: 2,39) auch lange VZ_V . Die Gründe dafür können vielfältig sein und nicht eindeutig zugeordnet werden. Neben Fruchtbarkeitsstörungen wie kaum oder nicht vorhandene Brunstsymptome sowie mangelnde Brunstbeobachtung können auch Fruchtresorptionen im frühen Trächtigkeitsstadium als Ursachen in Betracht gezogen werden (Mansfeld et al., 2006b).

Im Mittel lag die Verzögerungszeit der reinrassigen Genotypen bei 43,1 Tagen. Die Verzögerungszeit verkürzte sich in der F_1 -Generation gegenüber dem Mittel der reinrassigen Genotypen um 4,3 Tage, was einer erwünschten negativen Heterosis von -9,97 % entsprach. Sie deckte sich in etwa mit den von Schichtl (2007) gefundenen Werten.

Der Erwartungswert für die R_1 -Generation lag bei 41 Tagen und wurde um durchschnittlich 6,88 Tage (16,79 %) überschritten. Die R_1 -Generation hatte damit eine

um 4,7 Tage (10,97 %) erhöhte Verzögerungszeit gegenüber den reinrassigen Genotypen und sogar eine um 9,03 Tage (23,26 %) erhöhte Verzögerungszeit gegenüber der F₁-Generation. Da die Verzögerungszeit aus der Differenz von Günstzeit und Rastzeit errechnet wurde, kann an dieser Stelle keine Aussage zu Signifikanzen erfolgen.

3.3. Günstzeit

Die Günstzeit ist definiert als der Zeitraum zwischen Kalbung und erfolgter Konzeption, also dem erstem Trächtigkeitstag. Sie setzt sich aus der Rastzeit und der Verzögerungszeit zusammen (siehe Abbildung 2). Aufgrund ihrer ökonomischen Relevanz ist sie die bedeutendste Fruchtbarkeitskennziffer, ist aber auch zu großen Teilen von der Qualität des Managements abhängig.

Die höchste Günstzeit wiesen die DH (147 Tage) auf und unterschieden sich bis auf die DH-FV_DH signifikant von allen anderen Genotypen. Das FV zeigte mit 103 Tagen die niedrigste Günstzeit. Für die Rastzeiten von DH und FV lagen keine signifikanten Unterschiede vor; die Differenz in der Verzögerungszeit war jedoch sehr groß. Die mittlere Günstzeit der beiden reinrassigen Genotypen lag bei 125 Tagen, womit sie in guter Übereinstimmung mit den Ergebnissen von Schichtl (2007) stand.

DH-FV und FV-DH lagen mit ihren Günstzeiten dicht beieinander (109 Tage bzw. 115 Tage), wobei sich ihre Rastzeiten deutlich, wenn auch nicht signifikant, voneinander unterschieden. Für die F₁-Generation ergab sich bei einer mittleren Günstzeit von 112 Tagen eine erwünschte negative Heterosis von -13,29 Tagen (-10,61 %), womit die Untersuchungsergebnisse von McDowell (1982), Rincon et al. (1982) und Dechow et al. (2007) bestätigt wurden. Im Gegensatz zu Heins et al. (2006b) wurde die Verbesserung der Günstzeit in der F₁-Generation allerdings ohne Milchleistungsverlust gegenüber den reinrassigen Genotypen erreicht. Kürzere Günstzeiten für die DH gegenüber deren Kreuzungsprodukten, wie sie von Touchberry (1992) berichtet werden, konnten durch diese Arbeit nicht bestätigt werden.

Die Günstzeit innerhalb der R₁-Generation divergierte mit 137 Tagen für DH-FV_DH und mit 111 Tagen für FV-DH_FV wieder stärker als in der F₁-Generation. Es ergab sich eine mittlere Günstzeit von 124 Tagen und damit eine unerwünschte Abweichung der erwarteten Heterosis von 5,28 Tagen (4,45 %),

womit die Gstzeit der R₁-Generation wieder auf das Niveau der reinrassigen Genotypen anstieg. Dies entsprach den Ergebnissen von Dechow et al. (2007) fr Rckkreuzungen von Brown Swiss x Holsteins, die ebenfalls in etwa wieder die Gstzeiten der Elternrassen aufwiesen. Die von Demeke et al. (2004) gefundene negative Heterosis fr nicht wechselgekreuzte *Bos taurus* x *Bos indicus* in hheren Kreuzungsstufen als F₁ traf hier nicht zu. In Anlehnung an die reinrassigen Genotypen waren die Differenzen zwischen den DH-FV_DH und FV-DH_FV bei den Verzgerungszeiten sehr hoch.

Sowohl DH als auch DH-FV_DH erbrachten, bei hohen Gst- und verhltnismig niedrigen Rastzeiten, die hchsten Milchleistungen. Als Grund fr die daraus resultierenden hohen Verzgerungszeiten knnen Fruchtbarkeitsstrungen durch zu kurze Rastzeiten in Frage kommen. Im Gegensatz dazu erreichten die DH-FV bei annhernd gleicher Milchleistung und trotz sehr niedriger Rastzeit eine relativ kurze Verzgerungszeit. Dies fhrte zu einer signifikant niedrigeren Gstzeit, was auf eine verbesserte Fruchtbarkeit hinweist.

3.4. Zwischenkalbezeit

Die Zwischenkalbezeit setzt sich aus der Gstzeit und der Tragezeit zusammen (vergleiche Abbildung 2) und beinhaltet den gesamten reproduktionsbiologischen Zeitraum.

Fr die Zwischenkalbezeit wurden je nach Autor Zeitrume zwischen 365 Tagen und 395 Tagen genannt, unter Einbeziehung der Milchleistung auch bis zu 405 Tage. Fr den Versuchszeitraum lagen die Zwischenkalbezeiten fr die DH und das FV in Bayern bei 414 Tagen bzw. 394 Tagen und in der BRD bei 394 Tagen bzw. 408 Tagen (vergleiche Tabelle 11). Die geringsten Schwankungen in der Zwischenkalbezeit entstehen durch Variationen der Tragezeiten. Die in dieser Arbeit fr die verschiedenen Genotypen angegebenen Tragezeiten wurden aus den geschtzten Zwischenkalbezeiten und den Gstzeiten in Access berechnet. Sie lagen maximal 13 Tage auseinander und damit innerhalb der von Bleul (2008; persnliche Mitteilung Bleul, 2010) angegebenen Zeitspannen.

Der grte Einfluss auf die Zwischenkalbezeit geht, wie schon besprochen, von der Gstzeit aus. Wie erwartet, korrelierten die beiden Werte positiv, sodass die Gstzeit und die Zwischenkalbezeit der einzelnen Genotypen annhernd parallel verliefen.

Von den reinrassigen Genotypen erreichte das FV mit 389 Tagen den niedrigsten Wert, die DH mit 423 Tagen den höchsten. Die DH überschritten sowohl die angegebenen Empfehlungen, als auch den bayerischen und bundesdeutschen Durchschnitt und lagen damit klar im Trend der weiter steigenden Zwischenkalbezeiten. Im Mittel dauerte ein Reproduktionszyklus bei den reinrassigen Genotypen 406 Tage.

Die F₁-Generation (DH-FV: 391 Tage, FV-DH: 404 Tage) zeigte mit 398 Tagen die niedrigste Zwischenkalbezeit. Die Heterosis betrug -8,42 Tage (-2,07 %), womit sowohl die Heterosis als auch die Zwischenkalbezeit in etwa den von Schichtl (2007) gefundenen Werten entsprachen. Die R₁-Generation (DH-FV_DH: 416 Tage, FV-DH_FV: 399 Tage) wies mit 407 Tagen eine höhere Zwischenkalbezeit auf als die reinrassigen Genotypen. Die Abweichung von der erwarteten Heterosis betrug 5,29 Tage (1,31 %). Auch McDowell (1985) fand für F₁-Kreuzungen von *Bos taurus* x *Bos indicus* eine Heterosis zwischen -7,5 % und -22,1 %, jedoch eine längere Zwischenkalbezeit für die R₁-Kreuzungen. Demeke et al. (2004) beschrieben für Kreuzungen zwischen *Bos taurus* x *Bos indicus* kürzere Zwischenkalbezeit für alle Kreuzungsgenerationen.

3.5. Trächtigkeitsindex

Der Trächtigkeitsindex sagt aus, wie viele Besamungen durchschnittlich pro erfolgreicher Konzeption nötig waren, wobei Doppelbesamungen unberücksichtigt bleiben. Der angestrebte Trächtigkeitsindex liegt bei 1,8 Besamungen (Portal-Rind, 2010), der aber von keinem der Genotypen erreicht wurde. Nicht ungewöhnlich für den Trächtigkeitsindex waren die bei allen Genotypen auftretenden hohen Standardabweichungen.

Mit einem Trächtigkeitsindex von 2,43 brauchten die DH die meisten Besamungen für eine erfolgreiche Konzeption. Das FV hingegen lag mit einem Trächtigkeitsindex von 2,12 im unteren Bereich. Der Unterschied wird deutlicher, wenn die Verzögerungszeit und die Verlustzeit der Verzögerungszeit (VZ_V) zur Interpretation hinzugezogen werden. Unter optimalen Bedingungen macht ein Unterschied im Trächtigkeitsindex von 0,30 Besamungen eine Differenz von 6,3 Tagen aus. Für die DH (Verzögerungszeit: 59 Tage) errechnete sich eine VZ_V von 28,6 Tagen, für das FV (Verzögerungszeit: 28 Tage) eine VZ_V von 4,3 Tagen. Das bedeutet, dass bei den DH gehäuft Brünste nicht genutzt wurden, was auf eine

herabgesetzte Fruchtbarkeit hinweist. Die reinrassigen Genotypen erreichten einen mittleren Trächtigkeitsindex von 2,27.

Der Trächtigkeitsindex in der F_1 -Generation lag mit 2,41 für DH-FV und mit 2,27 für FV-DH näher beisammen als bei den reinrassigen Genotypen. Beide Genotypen lagen deutlich über dem empfohlenen Trächtigkeitsindex von 1,8 Besamungen. Anhand der VZ_V (DH-FV: 12,6 Tage, FV-DH: 8,9 Tage) kann aber davon ausgegangen werden, dass trotz einer hohen Anzahl von Besamungen die Brünste zufriedenstellend genutzt wurden. Für die F_1 -Generation ergab sich bei einem mittleren Trächtigkeitsindex von 2,34 eine unerwünschte Heterosis von 0,07 Besamungen (2,94 %). Zwar war damit der Anstieg des Trächtigkeitsindex für die F_1 -Generation eher gering, dennoch konnten die Beobachtungen von Touchberry (1992) und Schichtl (2007) bestätigt werden.

In der R_1 -Generation trat eine Abweichung von der erwarteten Heterosis um -0,15 Besamungen (-6,32 %) auf. Damit wies die R_1 -Generation im Durchschnitt 0,18 Besamungen (-7,66 %) weniger auf als die F_1 -Generation und 0,11 Besamungen (-4,94 %) weniger als die reinrassigen Genotypen. Anhand der VZ_V (DH-FV_DH: 32,5 Tage, FV-DH_FV: 14,6 Tage) wurde deutlich, dass zumindest für DH-FV_DH Gleiches zutrifft wie für DH.

3.6. Erstkalbealter

Das von den Zuchtverbänden empfohlene durchschnittliche Erstkalbealter liegt für die DH bei mindestens 22 Monaten, für das FV bei mindestens 24 - 26 Monaten. Für den Versuchszeitraum lag der Durchschnitt des Erstkalbealters in Bayern bzw. der BRD für die DH bei 28,5 bzw. 28,6 Monaten und für das FV bei 29,6 bzw. 29,8 Monaten.

Die DH kalbten erwartungsgemäß mit 28,6 Monaten am jüngsten, das FV gebar erstmals mit durchschnittlich 29,0 Monaten. Beide Rassen lagen im Bereich des in der Literatur empfohlenen Erstkalbealters. Das Erstkalbealter der DH deckte sich mit den Durchschnittswerten in Bayern und der BRD, das Erstkalbealter vom FV lag leicht darunter. Im Mittel ergab sich für die reinrassigen Genotypen ein Erstkalbealter von 28,8 Monaten.

Die ersten Kalbungen der F_1 -Kreuzungen DH-FV mit 28,8 Monaten und FV-DH mit 29,0 Monaten lagen nahe den Werten der Elternrassen. Das mittlere Erstkalbealter der F_1 -Generation betrug 28,9 Monate. Die gefundene unerwünschte

Heterosis von 0,13 Monaten (0,44 %) bzw. 3,78 Tagen war damit als nicht nennenswerte Veränderung zu bezeichnen, was den Ergebnissen von Ruvuna et al. (1986) entsprach.

Die R_1 -Generation kalbte erstmals mit durchschnittlich 29,7 Monaten (DH-FV_DH: 30,1 Monate, FV-DH_FV: 29,2 Monate). Die Erstkalbung in der R_1 -Generation erfolgte damit um 0,77 Monate (2,65 %) später als in der F_1 -Generation und 0,89 Monate (3,10 %) später als bei den reinrassigen Genotypen. Die erwartete Heterosis der R_1 -Generation wurde damit um weitere 0,83 Monate (2,88 %) überschritten. Ein Anstieg des Erstkalbealters in der R_1 -Generation wurde auch von Demeke et al. (2004) bei Kreuzungen von *Bos taurus* x *Bos indicus* beschrieben.

VI. ZUSAMMENFASSUNG

In der vorliegenden Arbeit wurden drei Generationen einer Milchvieh-Kreuzungsherde am Lehr- und Versuchsgut Oberschleißheim der Tiermedizinischen Fakultät der Ludwig-Maximilians-Universität München in einem automatischen Melksystem vergleichend auf produktive sowie einzelne reproduktive und gesundheitliche Merkmale untersucht. Für alle 193 Kühe der Versuchstiergruppe mit ihren insgesamt 383 Laktationen wurden über den gesamten Zeitraum der Datenerfassung, der sich von Januar 2004 bis Oktober 2007 erstreckte, nahezu gleichbleibende Umweltbedingungen gewährleistet.

Die reinrassige Generation bestand aus 27 reinrassigen Deutsch-Holstein-Kühen (DH) mit 47 Laktationen und aus 53 reinrassigen Deutsch-Fleckvieh-Kühen (FV) mit 103 Laktationen. 42 DH-FV-Kühe (DH-Vater, FV-Mutter) mit 90 Laktationen und 32 FV-DH-Kühe (FV-Vater, DH-Mutter) mit 77 Laktationen bildeten die durch künstliche Befruchtung (KB) erzeugte erste Kreuzungsgeneration (F_1 -Generation). Aus den Kühen der F_1 -Generation wurde durch Rückkreuzung mittels KB die erste Wechselkreuzungs-Generation erzeugt. Diese als R_1 bezeichnete Generation wurde durch 18 DH-FV_DH-Kühe (DH-Vater, FV-DH-Mutter) und 21 FV-DH_FV-Kühe (FV-Vater, DH-FV-Mutter) mit jeweils 33 Laktationen repräsentiert.

Für die Milch-Laktationsleistung konnten nahezu keine Effekte für die F_1 -Generation nachgewiesen werden und nur geringe für die R_1 -Generation. Bei den prozentualen Inhaltsstoffen Fett und Eiweiß zeigte die F_1 -Generation eine Heterosis von 2,83 % bzw. 1,89 %. Die Leistungen der R_1 -Generation lagen noch einmal über den errechneten Erwartungswerten (Fett: +1,14 %, Eiweiß: +2,68 %). Auch wenn die Leistungsunterschiede im Fettgehalt nicht signifikant waren, ergab sich sowohl in der F_1 -, als auch in der R_1 -Generation eine gegenüber der Elterngeneration gesteigerte Fett- und Eiweiß-Laktationsleistung. Dadurch konnte die korrigierte Laktations-Milchleistung gegenüber der Elterngeneration (8.953 kg) in der F_1 -Generation um +204 kg und in der R_1 -Generation um weitere +157 kg gesteigert werden. Obwohl die F_1 - und die R_1 -Generation bei den Milchinhaltsstoffen eine bessere Laktationsleistung zeigten als die reinrassige Generation, waren die DH bei der Betrachtung jeder einzelnen Mengeneigenschaft allen anderen Genotypen überlegen.

In der F₁-Generation verbesserte sich die Melkbarkeit gegenüber der reinrassigen Generation. Die Milch wurde durch ein höheres Minutenhauptgemelk (+3,47 %) infolge einer höheren maximalen Milchflussrate (+2,94 %) schneller ermolken. Die absolut kürzere Melkdauer (-3,96 %) kam allerdings durch eine geringere Gemelksmenge (-2,33 %) zustande. In der R₁-Generation verschlechterte sich die Melkbarkeit deutlich. Wenn auch keine durchgehend signifikanten Unterschiede bestanden, blieb die R₁-Generation beim Minutenhauptgemelk und der maximalen Milchflussrate weit hinter den erwarteten Werten zurück (-11,39 % und -12,70 %). Die Melkdauer stieg an (+24,87 %), obwohl die Gemelksmenge gegenüber der F₁-Generation noch einmal um 4,31 % abnahm. Trotz einer verbesserten Melkbarkeit der F₁-Generation gegenüber der Elterngeneration waren wiederum die DH allen anderen Genotypen in der Melkbarkeit überlegen.

Für den SCS (somatic cell score) bzw. die Zellzahlen ergaben sich in der F₁-Generation außerordentlich gute Werte gegenüber der reinrassigen Generation. Die Verbesserung lag hier für den SCS bei -19,79 %, was -56T Zellen/ml Milch entspricht. Die erwartete Heterosis konnte in der R₁-Generation noch einmal um -27T Zellen/ml Milch (SCS: -9,54 %) verbessert werden. Hauptgrund für die hohen SCS-Werte der reinrassigen Generation war der signifikant schlechtere Wert der DH. Sie wiesen auch bei der Leitfähigkeit, einem weiteren Indikator der Eutergesundheit, die signifikant höchsten Werte auf, weshalb bei den DH eine erhöhte Inzidenz von Mastitiden vermutet werden kann.

Bei den reproduktiven Leistungen konnte für die F₁-Generation eine bemerkenswerte Verbesserung bei der Rastzeit, der Verzögerungszeit und der Günstzeit (-10,94 %, -9,97 %, -10,61 %) festgestellt werden, die eine erwünschte Verkürzung der Zwischenkalbezeit von 2,07 % (8,42 Tage) bewirkte. Die R₁-Generation zeigte nicht die erwartete Verbesserung. Zwar verkürzte sich die erwartete Rastzeit gegenüber der F₁-Generation noch einmal um 2,06 %, die Verzögerungszeit und die Günstzeit stiegen jedoch stark an (+16,79 % und +4,45 %). Mit ihrer Zwischenkalbezeit lag die R₁-Generation sogar noch einen Tag über der reinrassigen Generation. Das Erstkalbealter stieg über die Generationen an (F₁: +4 Tage, R₁: +25 Tage). Der Trächtigkeitsindex erhöhte sich in der F₁-Generation unerwünscht um +2,94 %, verbesserte sich aber in der R₁-Generation um -6,32 %.

Auf Basis der Ergebnisse dieser Arbeit scheinen Verbesserungen der Milchhaltsstoffe und der Zellzahlen durch Kreuzungen sowohl in der F₁- als auch in der

R_1 -Generation möglich zu sein. Positive Effekte für die Melkbarkeit sind nur in der F_1 -Generation zu erwarten. Für die Fruchtbarkeit kann anhand der vorliegenden Ergebnisse keine eindeutige Aussage getroffen werden, was auch auf fehlende signifikante Unterschiede zwischen den Genotypen bei diesen Merkmalen zurückzuführen ist. Dies könnte Aufgabe von weiterführenden Untersuchungen sein, deren Fokus die reproduktiven Merkmale noch stärker berücksichtigt.

VII. SUMMARY

This thesis compares and analyzes productive, single reproductive and fitness traits for three generations of a crossbred dairy cattle herd in an automatic milking system at the “Lehr- und Versuchsgut Oberschleißheim”, the Livestock Center of the Veterinary Faculty of the Ludwig Maximilians University of Munich. For all 193 cows of the trial group with a total of 383 lactations, almost identical environmental conditions have been provided over the entire data gathering period of time, which lasted from January 2004 until October 2007.

The purebred generation consisted of 27 German Holstein cows (DH) with 47 lactations and of 53 German Fleckvieh cows (FV) with 103 lactations. A number of 42 DH-FV cows (DH father, FV mother) with 90 lactations and 32 FV-DH cows (FV father, DH mother) with 77 lactations represent the first crossbred generation (F_1 generation), which was produced by artificial insemination (AI). Through backcrossing by means of AI, the first criss-cross generation was produced out of the F_1 cows. This so called “ R_1 generation” was represented through 18 DH-FV_DH cows (DH father, FV-DH mother) and 21 FV-DH_FV cows (FV father, DH-FV mother) with 33 lactations each.

Almost no effects were observed for milk yield of the F_1 and only limited ones for the R_1 . The F_1 indicated a heterosis of 2.83 % respectively +1.89 % for the fat percentage and protein yield. The performances of the R_1 were once again above the calculated expected values (Fat: +1.14 %, Protein: +2.68 %). Even though the performance differences in fat content were not significant, both the F_1 and the R_1 showed an increased fat and protein yield compared with the parent generation. Thereby the corrected lactation-milk yield compared with the parent generation (8953 kg) could be increased +204 kg for the F_1 and further +157 kg for the R_1 . Even though the F_1 and the R_1 displayed for the milk constituents a better lactation output than the purebred generation, the DH were superior to any other genotype when considering every single quantity trait.

The F_1 showed improved milkability performance compared to the purebred generation. The milking was faster with regard to a higher average milk flow rate (+3.47 %) as a consequence of a higher maximum milk flow rate (+2.94 %). The absolute shorter milking time (-3.96 %) was, however, the result of lower milk yields per milking (-2.33 %). The milkability deteriorated considerably for the R_1 .

Even though no continuous significant differences were found, the R_1 results for average milk flow rate and the maximum milk flow rates remained far behind the expected values (-11.39 % and -12.70 %). The milking time increased (+24.87 %) despite an additional 4.31 % reduction of the milk yield compared with the F_1 . In spite of improved milkability of the F_1 compared with the parent generation, the DH were once again superior regarding milkability to all other genotypes.

For the SCS (somatic cell score) respectively cell count, the F_1 achieved outstanding favoured values compared with the purebred generation. The SCS improvement was -19.79 % representing -56T cells/ml milk. The R_1 improved further the expected heterosis of -27T cells/ml Milk (SCS: -9.54 %). The main reason for the high SCS values of the purebred generation were the significantly lower values of the DH. They showed also the highest values for conductivity, a further indicator for udder health, which is why a higher mastitis incidence can be assumed for the DH.

Concerning the reproductive traits, a remarkable improvement of calving to first service, first to successful service and calving to conception was observed for F_1 (-10.94 %, -9.97 %, -10.61 %) leading to a favorable shortening of the calving interval of 2.07 % (8.42 days). R_1 did not achieve the anticipated improvement. Even though calving to first service decreased as expected by 2.06 % compared with the F_1 , first to successful service and calving to conception rose strongly (+16.79 % and +4.45 %). The calving interval of R_1 was even one day longer than that of the purebred generation. The age at first calving rose over the generations (F_1 : +4 days, R_1 : +25 days). The services per conception increased unfavorably by 2.94 % for F_1 but improved by -6.32 % for R_1 .

Based on the results of this research, improvements both of lactation milk yield and cell count seem to be possible through crossbreeding as well for the F_1 as for the R_1 . Positive effects on milkability can only be expected for the F_1 . On the basis of the results at hand no explicit conclusion can be made on fertility, what is caused to some extent by missing significant differences among the genotypes. This could be the objective of follow-up studies focusing more on reproductive traits.

VIII. LITERATURVERZEICHNIS

- ADR (2005) Rinderproduktion in Deutschland 2004, Ausgabe 2005 edn. Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V., Bonn.
- ADR (2006) Rinderproduktion in Deutschland 2005, Ausgabe 2006 edn. Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V., Bonn.
- ADR (2007) Rinderproduktion in Deutschland 2006, Ausgabe 2007 edn. Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V., Bonn.
- ADR (2008) Rinderproduktion in Deutschland 2007, Ausgabe 2008 edn. Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V., Bonn.
- ADR (2009) Rinderproduktion in Deutschland 2008, Ausgabe 2009 edn. Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V., Bonn.
- ADR (2011) ADR-Empfehlungen und Richtlinien. Arbeitsgemeinschaft Deutscher Rinderzüchter e.V.: http://www.adr-web.de/empfehlungen_und_richtlinien.html, 04.01.2011.
- Ahlborn-Breier, G., W. D. Hohenboken (1991) Additive and Nonadditive Genetic Effects on Milk Production in Dairy Cattle: Evidence for Major Individual Heterosis, *Journal of Dairy Science* 74 (2): 592-602.
- Ahmed, M. K. A., A. B. Teirab, L. M. A. Musa, K. J. Peters (2007) Milk production and reproduction traits of different grades of zebu x Friesian crossbreds under semi-arid conditions, *Archiv für Tierzucht - Archives of Animal Breeding* 50 (3): 240-249.
- Amos, H. E., T. Kiser, M. Loewenstein (1985) Influence of Milking Frequency on Productive and Reproductive Efficiencies of Dairy Cows, *Journal of Dairy Science* 68 (3): 732-739.
- Andersen, Henry, Mogens Plum (1965) Gestation Length and Birth Weight in Cattle and Buffaloes: A Review, *Journal of Dairy Science* 48 (9): 1224-1235.
- ASR (2009) Deutsches Fleckvieh. Arbeitsgemeinschaft Süddeutscher Rinderzucht- und Besamungsorganisationen e.V.: <http://www.asr-rind.de/masked/masked.html>, 17.11.2009.
- Bansal, B. K., J. Hamann, N. T. Grabowski, K. B. Singh (2005) Variation in the composition of selected milk fraction samples from healthy and mastitic quarters, and its significance for mastitis diagnosis, *Journal of Dairy Research* 72 (02): 144-152.
- Barbosa, S. B. P., R. P. Ramalho, H. G. Monardes, F. M. Dias, D. C. dos Santos, A. M. V. Batista (2008) Milk and fat production of crossbred Holstein-Gir cows (*Bos taurus taurus*-*Bos taurus indicus*) in the Agreste region of the Brazilian state of Pernambuco, *Genetics and Molecular Biology* 31 (2): 468-474.
- Barnes, M. A., R. E. Pearson, A. J. Lukes-Wilson (1990) Effects of Milking Frequency and Selection for Milk Yield on Productive Efficiency of Holstein Cows, *Journal of Dairy Science* 73 (6): 1603-1611.
- Barr, H. L. (1975) Influence of Estrus Detection on Days Open in Dairy Herds, *Journal of Dairy Science* 58 (2): 246-247.
- Barth, K., M. Graupner (1999) Experimentelle Untersuchungen zur Eutergesundheits- und Milchqualitätskontrolle auf der Basis der Leitfähigkeitsmessung während des Melkens, *Milchwissenschaft* 54, S.66-69.

- Baumung, R. (2005) Genetische Grundlagen und Methoden der Kreuzungszucht. In: Kreuzungszucht und Heterosis, Seminar des Ausschusses für Genetik der zentralen Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter (ZAR), Salzburg.
- Bayern-Genetik (2011) Fleckvieh - Das Zuchtziel. Bayern-Genetik GmbH: http://www.fleckvieh.de/Deutsch/Fleckvieh_Zuchtziel.htm, 24.01.2011.
- Begley, N., K. Pierce, F. Buckley. (2008) Milk production, udder health, body condition score and fertility performance of Holstein-Friesian, Norwegian Red and Norwegian Red×Holstein-Friesian cows on Irish dairy farms. In: Klopčič, M., Reents R., Philipsson J., Kuipers A. (Hrsg.): Breeding for robustness in cattle - EAAP publication No. 126, Wageningen Academic Publishers, Netherlands.
- Begley, N., F. Buckley, K.M. Pierce, R.D. Evans (2010) Breed difference and heterosis estimates for milk production and udder health among Holstein, Friesian and Norwegian Red dairy cattle, *Advances in Animal Biosciences* (1): 341-341.
- Bleul, U. (2008) Einfluss der Rasse auf die Gestation und Geburt beim Rind, *Tierärztliche Praxis Ausgabe Grosstiere/Nutztiere* 36 (3): 171-178.
- Blowey, R., P. Edmondson (2000) The environment and mastitis, *In Practice* 22 (7): 382-+.
- BMELF (1956) Statistisches Handbuch über Landwirtschaft und Ernährung der Bundesrepublik Deutschland. Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz: http://www.bmelv-statistik.de/fileadmin/sites/010_Jahrbuch/Stat_Jb_1956.pdf, 09.12.2009.
- Bostedt, Hartwig (2003) Fruchtbarkeitsmanagement beim Rind, 4., Neubearb. Aufl. edn. DLG-Verlags-GmbH, Frankfurt am Main.
- Bousquet, D., E. Bouchard, D. DuTremblay (2004) Decreasing fertility in dairy cows: Myth or reality?, *Medecin Veterinaire du Quebec* 34 (1-2): 59-61.
- Bryant, J. R., N. Lopez-Villalobos, J. E. Pryce, C. W. Holmes, D. L. Johnson, D. J. Garrick (2007) Short Communication: Effect of Environment on the Expression of Breed and Heterosis Effects for Production Traits, *Journal of Dairy Science* 90 (3): 1548-1553.
- Buchanan, D. S., S. L. Northcutt (1999) The Genetic Principles of Crossbreeding. <http://www.iowabeefcenter.org/pdfs/bch/01400.pdf>, 09.01.2009.
- Buchberger, J., R. Graml, H. Klostermeyer (1986) Einfluss der Rassen Fleckvieh und Pinzgauer, der Kreuzung Fleckvieh x Pinzgauer und Fleckvieh x Red Holstein sowie pleiotrophe Wirkung von Milchproteingenotypen auf Milchleistungseigenschaften, *Bayerisches Landwirtschaftliches Jahrbuch* 63 (7): 817-832.
- Burris, M. J., C. T. Blunn (1952) Some Factors Affecting Gestation Length and Birth Weight of Beef Cattle, *Journal of Animal Science* 11 (1): 34-41.
- Busch, W. (1989) Fortpflanzungs- und Geburtsstörungen. In: Busch, W., Elze K., Lange W. (Hrsg.): *Grundriss der Tiergesundheitslehre*, G. Fischer Verlag, Jena, S. 191-234.
- Butler, W. R. (2003) Energy balance relationships with follicular development, ovulation and fertility in postpartum dairy cows, *Livestock Production Science* 83 (2-3): 211-218.
- Caraviello, D. Z. (2004) Crossbreeding Dairy Cattle, *Reproduction and Genetics* No. 610, Dairy Updates.

- Carlén, E., E. Strandberg, A. Roth (2004) Genetic Parameters for Clinical Mastitis, Somatic Cell Score, and Production in the First Three Lactations of Swedish Holstein Cows, *Journal of Dairy Science* 87 (9): 3062-3070.
- Castillo-Juarez, H., P. A. Oltenacu, E. G. Cienfuegos-Rivas (2002) Genetic and phenotypic relationships among milk production and composition traits in primiparous Holstein cows in two different herd environments, *Livestock Production Science* 78 (3): 223-231.
- Cecchinato, A., M. Povinelli, M. Cassandro, P. Carnier, R. Dal Zotto, L. Gallo (2007) Relations between different objective milking speed recording systems, *Italian Journal of animal science* 6 (2): 195 - 204.
- Coffey, M. P., G. C. Emmans, S. Brotherstone (2001) Genetic evaluation of dairy bulls for energy balance traits using random regression, *Animal Science* 73: 29-40.
- Da, Y., M. Grossman, I. Misztal, G. R. Wiggans (1992) Estimation of Genetic Parameters for Somatic Cell Score in Holsteins, *Journal of Dairy Science* 75 (8): 2265-2271.
- Dechow, C. D., H. D. Norman (2007) Within-Herd Heritability Estimated with Daughter-Parent Regression for Yield and Somatic Cell Score, *J. Dairy Sci.* 90 (1): 482-492.
- Dechow, C. D., G. W. Rogers, J. B. Cooper, M. I. Phelps, A. L. Mosholder (2007) Milk, Fat, Protein, Somatic Cell Score, and Days Open Among Holstein, Brown Swiss, and Their Crosses, *Journal of Dairy Science* 90 (7): 3542-3549.
- DeKruif, A., R. Mansfeld, M. Hoedemaker. (2006) Erarbeitung eines betriebsspezifischen Betreuungsprogramms. In: DeKruif, A., Mansfeld R., Hoedemaker M. (Hrsg.): *Tierärztliche Bestandsbetreuung beim Milchrind*, 2. Auflage, Ferdinand Enke Verlag, Stuttgart, S. 11-27.
- Demeke, S., F. W. C. Naser, S. J. Schoeman, G. J. Erasmus, J. B. van Wyk, A. Gebrewolde (2000) Crossbreeding Holstein-Friesian with Ethiopian Boran cattle in a tropical highland environment: preliminary estimates of additive and heterotic effects on milk production traits, *South African Journal of Animal Science* 30 (Supplement 1).
- Demeke, S., F. W. C. Naser, S. J. Schoeman (2004) Estimates of genetic parameters for Boran, Friesian and crosses of Friesian and Jersey with the Boran cattle in the tropical highlands of Ethiopia: reproduction traits. In: *Journal of Animal Breeding and Genetics*. Wiley-Blackwell. 57-65.
- DHV (2011) Zuchtziel Deutsche Holsteins. Deutscher Holstein Verband e.V.: <http://www.holstein-dhv.de/zuchtziel.html>, 24.01.2011.
- Dodenhoff, J., D. Sprengel, J. Duda, L. Dempfle (1999) Zucht auf Eutergesundheit mit Hilfe des LactoCorders, *Züchtungskunde* 71 (6): S. 459-472.
- Dolf, G. (2006) *Allgemeine Tierzucht*. Institut für Genetik, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern: http://www.zbinwagrl.ethz.ch/people/cschelli/FS2008_Allgemeine_Tierzucht, 30.10.2009.
- Druet, T., F. Jaffrezic, D. Boichard, V. Ducrocq (2003) Modeling Lactation Curves and Estimation of Genetic Parameters for First Lactation Test-Day Records of French Holstein Cows, *J. Dairy Sci.* 86 (7): 2480-2490.
- Echternkamp, S. E., K. E. Gregory (1999) Effects of twinning on gestation length, retained placenta, and dystocia, *Journal of Animal Science* 77 (1): 39-47.
- Egger-Danner, C., C. Fürst (2005) Analyse von Heterosiseffekten in österreichischen Rinderpopulationen. In: *Kreuzungszucht und Heterosis*, Seminar des

- Ausschusses für Genetik der zentralen Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter (ZAR), Salzburg.
- Emanuelson, U., B. Danell, J. Philipsson (1988) Genetic Parameters for Clinical Mastitis, Somatic Cell Counts, and Milk Production Estimated by Multiple-Trait Restricted Maximum Likelihood, *Journal of Dairy Science* 71 (2): 467-476.
- Engelhardt, Wolfgang von, G. Breves (2005) *Physiologie der Haustiere* 2. edn. Enke, Stuttgart.
- Ettema, J. F., J. E. P. Santos (2004) Impact of Age at Calving on Lactation, Reproduction, Health, and Income in First-Parity Holsteins on Commercial Farms, *Journal of Dairy Science* 87 (8): 2730-2742.
- Falconer, D. S., T. F. C. Mackay (1996) *Introduction to Quantitative Genetics*, 4. edn, Harlow, UK.
- Farin, P. W., B. D. Slenning. (2001) Managing reproductive efficiency in dairy herds. In: Radostits, O. M. (Hrsg.): *Herd health - food animal production medicine*, 3rd edition, W. B. Saunders Company, Philadelphia, S. 255-289.
- Fohrman, M. H., R. E. McDowell, C. A. Matthews, R. H. Hilder (1954) A crossbreeding experiment with dairy cattle, *U S Dept Agric Tech Bull* 1074: 1-127.
- Freitas, A. F., C. J. Wilcox, C. N. Costa (1998) Breed Group Effects on Milk Production of Brazilian Crossbred Dairy Cows, *Journal of Dairy Science* 81 (8): 2306-2311.
- Freyer, G., S. König, B. Fischer, U. Bergfeld, B. G. Cassell (2008) Invited Review: Crossbreeding in Dairy Cattle From a German Perspective of the Past and Today, *Journal of Dairy Science* 91 (10): 3725-3743.
- Fritze, H. J. (2003) Einfluss der Körperkondition von Milchkühen zu verschiedenen Zeitpunkten während des Reproduktionszyklus auf das Fruchtbarkeitsgeschehen, *Tierklinik für Fortpflanzung*. Freie Universität, Berlin.
- Funk, D. A. (2006) Major Advances in Globalization and Consolidation of the Artificial Insemination Industry, *Journal of Dairy Science* 89 (4): 1362-1368.
- Fürll, M. (2005) Spezielle Untersuchung beim Wiederkäuer. In: W. Kraft, u. U. M. D. H. (Hrsg.): *Klinische Labordiagnostik in der Tiermedizin*, 6. Auflage, Schattauer Verlag Stuttgart, New York, 444-474.
- Fürst-Waltl, B. (2005) Kreuzungszucht bei Fleischrindern. In: *Kreuzungszucht und Heterosis*, Seminar des Ausschusses für Genetik der zentralen Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter (ZAR), Salzburg.
- Fürst, C. (2005) Züchterische Strategien hinsichtlich zukünftiger Anforderungen an Milch und Milchinhaltsstoffe, 32. Viehwirtschaftliche Fachtagung, HBLFA Raumberg-Gumpenstein.
- Grabowski, N. Th. (2000) Körpergewichtsentwicklung, Milchinhaltsstoffe und Milchmengenleistung als Kriterien zur laktationsbegleitenden Beurteilung des Gesundheitszustandes hochleistender DSB-Kühe in Laufstallhaltung. *Tierärztlichen Hochschule, Hannover*.
- Graff, K. (2005) Untersuchungen von Zusammenhängen zwischen morphologischen Merkmalen des Euters, der Eutergesundheit und melktechnischen Parametern bei Tieren der Rasse Deutsches Holstein, *Dissertation, Institut für Tierzucht und Tierhaltung mit Tierklinik der Landwirtschaftlichen Fakultät. Martin-Luther-Universität, Halle Wittenberg*.

- Grunert, E. (1999) Ovarielle Dysfunktionen. In: Grunert, E., DeKruif A. (Hrsg.): Fertilitätsstörungen beim weiblichen Rind, 3. Auflage, Paul Parey Verlag, Berlin.
- Gutjahr, S., J. Schulz, A. Muniem, K. Beck (1997) Influence of udder health on urea content of cow milk samples, *Praktischer Tierarzt* 78 (7): 573-580.
- Halm, H. (2003) Zum Einfluss eines automatischen Melkverfahrens auf Milchmengenleistung und Milchinhaltstoffe hochleistender DH-Kühe unter Berücksichtigung von Laktationsstadium und Eutergesundheit, Dissertation, Zentrum für Lebensmittelwissenschaften - Zentrumsabteilung Hygiene und Technologie der Milch. Tierärztliche Hochschule, Hannover.
- Hamann, J., W. Heeschen (1995) Bovine mastitis – significance for milk yield, composition and hygiene. In: 9th International conference on production diseases in farm animals, Berlin.
- Hamann, J. (1996) Somatic Cells: Factors of Influence and Practical Measures to Keep a Physiological Level. In: Newsletter 144 - Mastitis Newsletter N°21. International Dairy Federation (IDF).
- Hamann, J., I. Claessens, V. Krömker, K. Nogai (1998) Kompendium der Milchhygiene. Zentrumsabteilung Hygiene und Technologie der Milch der Tierärztlichen Hochschule Hannover, Hannover.
- Hamann, J., A. Zecconi (1998) Evaluation of the electrical conductivity of milk as a mastitis indicator, *Bulletin* 334, S. 5-22.
- Hamann, J., K. Fehlings (2002) Leitlinien zur Bekämpfung der Mastitis des Rindes als Bestandsproblem. 4. Auflage, DVG., Deutsche Veterinärmedizinische Gesellschaft e. V., Gießen.
- Hansen, L. B. (2000) Consequences of Selection for Milk Yield from a Geneticist's Viewpoint, *Journal of Dairy Science* 83 (5): 1145-1150.
- Hansen, M., M. S. Lund, M. K. Sørensen, L. G. Christensen (2002) Genetic Parameters of Dairy Character, Protein Yield, Clinical Mastitis, and Other Diseases in the Danish Holstein Cattle, *Journal of Dairy Science* 85 (2): 445-452.
- Hansen, M., M. S. Lund, J. Pedersen, L. G. Christensen (2004) Gestation length in Danish Holsteins has weak genetic associations with stillbirth, calving difficulty, and calf size, *Livestock Production Science* 91 (1-2): 23-33.
- Hare, E., H. D. Norman, J. R. Wright (2006) Trends in Calving Ages and Calving Intervals for Dairy Cattle Breeds in the United States, *Journal of Dairy Science* 89 (1): 365-370.
- Heins, B. J., L. B. Hansen, A. J. Seykora (2006a) Calving Difficulty and Stillbirths of Pure Holsteins versus Crossbreds of Holstein with Normande, Montbeliarde, and Scandinavian Red, *Journal of Dairy Science* 89 (7): 2805-2810.
- Heins, B. J., L. B. Hansen, A. J. Seykora (2006b) Fertility and Survival of Pure Holsteins Versus Crossbreds of Holstein with Normande, Montbeliarde, and Scandinavian Red, *Journal of Dairy Science* 89 (12): 4944-4951.
- Heins, B. J., L. B. Hansen, A. J. Seykora (2006c) Production of Pure Holsteins Versus Crossbreds of Holstein with Normande, Montbeliarde, and Scandinavian Red, *Journal of Dairy Science* 89 (7): 2799-2804.
- Heins, B. J., L. B. Hansen, A. J. Seykora, D. G. Johnson, J. G. Linn, J. E. Romano, A. R. Hazel (2008) Crossbreds of Jersey x Holstein Compared with Pure Holsteins for Production, Fertility, and Body and Udder

- Measurements During First Lactation, *Journal of Dairy Science* 91 (3): 1270-1278.
- Heins, B. J., L. B. Hansen, A. J. Seykora, A. R. Hazel, D. G. Johnson, J. G. Linn (2011) Short communication: Jersey \times Holstein crossbreds compared with pure Holsteins for production, mastitis, and body measurements during the first 3 lactations, *Journal of Dairy Science* 94 (1): 501-506.
- Hentschel, Erwin J., Günther H. Wagner (2004) Wörterbuch der Zoologie. Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg.
- Heringstad, Bjørg, Gunnar Klemetsdal, John Ruane (2000) Selection for mastitis resistance in dairy cattle: a review with focus on the situation in the Nordic countries, *Livestock Production Science* 64 (2-3): 95-106.
- Heuwieser, W. (2000) Fit für die nächste Generation: Hohe Leistungen bedeuten nicht automatisch eine schlechte Fruchtbarkeit, *DLZ Sonderheft* 13: S.102-106.
- Hill, W. G. (1971) Theoretical aspects of crossbreeding, *Genet. Sel. Evol.* 3 (1): 23-34.
- Hoedemaker, M., R. Mansfeld, A. DeKruif, W. Heuwieser. (2006a) Fruchtbarkeit. In: DeKruif, A., Mansfeld R., Hoedemaker M. (Hrsg.): Tierärztliche Bestandsbetreuung beim Milchrind, 2. Auflage, Ferdinand Enke Verlag, Stuttgart, S. 11-27.
- Hoedemaker, M., R. Mansfeld, A. DeKruif. (2006b) Eutergesundheit und Milchqualität. In: DeKruif, A., Mansfeld R., Hoedemaker M. (Hrsg.): Tierärztliche Bestandsbetreuung beim Milchrind, 2. Auflage, Ferdinand Enke Verlag, Stuttgart, S. 72-104.
- Hoffmann, B. (1999) Regulation der Sexualfunktionen. In: Grunert, E., DeKruif A. (Hrsg.): Fertilitätsstörungen beim weiblichen Rind, 3. Neubearb. Auflage, Parey, Berlin, S. 13-26.
- Hömberg, D. (2002) Wirtschaftlichkeit automatischer und konventioneller Melksysteme im Vergleich, Dissertation, Lehrstuhl für Wirtschaftslehre des Landbaues der Fakultät Wissenschaftszentrum Weihenstephan für Ernährung, Landnutzung und Umwelt. Technische Universität, München.
- Jahnke, B., J. Wolf, E. Kobus (2002) Sicherung einer guten Fruchtbarkeit in Hochleistungsherden, Institut für Tierproduktion Dummerstorf. Landesforschungsanstalt für Landwirtschaft und Fischerei Mecklenburg-Vorpommern.
- Karacaören, B., F. Jaffrezic, H. N. Kadarmideen (2006) Genetic Parameters for Functional Traits in Dairy Cattle from Daily Random Regression Models, *J. Dairy Sci.* 89 (2): 791-798.
- Kieler, K.C. (2003) The Effects of Crossbreeding on Dairy Cattle Reproduction, Master-Thesis. University of Wisconsin-Platteville.
- Kielwein, Gerhard (1994) Leitfaden der Milchkunde und Milchhygiene, 3., Neubearb. Aufl. edn. Blackwell-Wiss.-Verl., Berlin u.a.
- Kirst, E., U. Jacobi (2002) Harnstoff- und Acetongehalt der Milch – Indikatoren zur Beurteilung der Fütterung laktierender Rinder, *Praktischer Tierarzt* 83 (4): 362-372.
- Klee, W. (2009) Klinische Labordiagnostik und klinische Pathophysiologie in der Buiatrik. Klinik für Wiederkäuer mit Ambulanz und Bestandsbetreuung: <http://www.rinderskript.net/skripten/labor/7.4%20Harnstoff.htm>, 27.08.2009.
- Kraßnitzer, Anita (2009) Die Trächtigkeitsdauer als mögliches Hilfsmerkmal für die Zuchtwertschätzung Kalbeverlauf und Totgeburtenrate beim Rind,

- Master-Thesis, Institut für Nutztierwissenschaften, Department für Nachhaltige Agrarsysteme. Universität für Bodenkultur Wien, Wien.
- Kräußlich, H. (1999) Gibt es alternativen zur Reinzucht?, *Züchtungskunde* 71 (6): 495 - 506.
- Krömker, Volker (2006) *Kurzes Lehrbuch Milchkunde und Milchhygiene*. Parey Verlag.
- Lacy-Hulbert, S. J., M. W. Woolford, G. D. Nicholas, C. G. Prosser, K. Stelwagen (1999) Effect of Milking Frequency and Pasture Intake on Milk Yield and Composition of Late Lactation Cows, *Journal of Dairy Science* 82 (6): 1232-1239.
- Lederer, Josef A. (2005) Kreuzungszucht bei Milch- und Zweinutzungsrassen. In: Kreuzungszucht und Heterosis, Seminar des Ausschusses für Genetik der zentralen Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter (ZAR), Salzburg.
- Lengerken, Gerhard von (2006) *Tierzucht*. Ulmer, Stuttgart. 582 S.
- Lesmeister, K. E., A. H. Kellogg, A. H. Brown Jr., Z. B. Johnson, A. G. Lane (2000) Effects of crossbreeding and season of calving on production of milk fat and protein of primiparous dairy cows, *Journal of Animal Science* 78 (Supplement 1, Breeding and Genetics): 52 (213).
- LIC (2008) 2007/2008 New Zealand Dairy Statistics. Livestock Improvement cooperative: www.lic.co.nz, 23.10.2010.
- Linzell, J. L., M. Peaker (1971) Permeability of mammary ducts, *Journal of Physiology-London* 216 (3): 701-&.
- LKV-Bayern (2005) Jahresbericht Milchleistungsprüfung in Bayern 2004. Landeskuratorium der Erzeugerringe für tierische Veredelung in Bayern e.V. (LKV): http://www.lkv.bayern.de/media/mlp_jahresbericht2004.pdf, 24.10.2009.
- LKV-Bayern (2006) Jahresbericht Milchleistungsprüfung in Bayern 2005. Landeskuratorium der Erzeugerringe für tierische Veredelung in Bayern e.V. (LKV): http://www.lkv.bayern.de/media/mlp_jahresbericht2005.pdf, 24.10.2009.
- LKV-Bayern (2007) Jahresbericht Milchleistungsprüfung in Bayern 2006. Landeskuratorium der Erzeugerringe für tierische Veredelung in Bayern e.V. (LKV): http://www.lkv.bayern.de/media/mlp_jahresbericht2006.pdf, 24.10.2009.
- LKV-Bayern (2008) Jahresbericht Milchleistungsprüfung in Bayern 2007. Landeskuratorium der Erzeugerringe für tierische Veredelung in Bayern e.V. (LKV): http://www.lkv.bayern.de/media/mlp_jahresbericht2007.pdf, 24.10.2009.
- Lopez-Villalobos, N., D. J. Garrick, C. W. Holmes, H. T. Blair, R. J. Spelman (2000a) Effects of Selection and Crossbreeding Strategies on Industry Profit in the New Zealand Dairy Industry, *Journal of Dairy Science* 83 (1): 164-172.
- Lopez-Villalobos, N., D. J. Garrick, C. W. Holmes, H. T. Blair, R. J. Spelman (2000b) Profitabilities of Some Mating Systems for Dairy Herds in New Zealand, *Journal of Dairy Science* 83 (1): 144-153.
- Lopez-Villalobos, N., D. J. Garrick, H. T. Blair, C. W. Holmes (2000c) Possible Effects of 25 Years of Selection and Crossbreeding on the Genetic Merit and Productivity of New Zealand Dairy Cattle, *Journal of Dairy Science* 83 (1): 154-163.

- Lopez-Villalobos, N., D. J. Garrick (2002) Economic Heterosis and Breed Complementarity for Dairy Cattle in New Zealand. In: 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France
- Lotthammer, K. H., G. Wittkowski (1994) Fruchtbarkeit und Gesundheit der Rinder. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart.
- Lucy, M. C. (2001) Reproductive Loss in High-Producing Dairy Cattle: Where Will It End?, *Journal of Dairy Science* 84 (6): 1277-1293.
- Madalena, F. E., R. L. Teodoro, A. M. Lemos, J.B.N. Monteiro, R. T. Barbosa (1990a) Evaluation of Strategies for Crossbreeding of Dairy Cattle in Brazil, *Journal of Dairy Science* 73 (7): 1887-1901.
- Madalena, F. E., A. M. Lemos, R. L. Teodoro, R. T. Barbosa, J.B.N. Monteiro (1990b) Dairy Production and Reproduction in Holstein-Friesian and Guzera Crosses, *Journal of Dairy Science* 73 (7): 1872-1886.
- Mansfeld, R., M. Metzner (1992) Tierärztliche Betreuung von Milcherzeugerbetrieben Teil 2, *Praktischer Tierarzt* (9): 800-814.
- Mansfeld, R., M. Hoedemaker, R. Martin, A. DeKruif. (2006a) Jungviehaufzucht und Färsenmanagement. In: DeKruif, A., Mansfeld R., Hoedemaker M. (Hrsg.): Tierärztliche Bestandsbetreuung beim Milchrind, 2. Auflage, Ferdinand Enke Verlag, Stuttgart, S. 145-167.
- Mansfeld, R., A. DeKruif, M. Hoedemaker. (2006b) Datenverarbeitung und -auswertung. In: DeKruif, A., Mansfeld R., Hoedemaker M. (Hrsg.): Tierärztliche Bestandsbetreuung beim Milchrind, 2. Auflage, Ferdinand Enke Verlag, Stuttgart, S. 253 - 263.
- Martin, R., R. Mansfeld, M. Hoedemaker, A. DeKruif. (2006) Milchleistung und Fütterung. In: DeKruif, A., Mansfeld R., Hoedemaker M. (Hrsg.): Tierärztliche Bestandsbetreuung beim Milchrind 2. Auflage, Ferdinand Enke Verlag, Stuttgart, S. 105-138.
- McAllister, A. J., A. J. Lee, T. R. Batra, C. Y. Lin, G. L. Roy, J. A. Vesely, J. M. Wauthy, K. A. Winter (1994) The Influence of Additive and Nonadditive Gene Action on Lifetime Yields and Profitability of Dairy Cattle, *Journal of Dairy Science* 77 (8): 2400-2414.
- McAllister, A. J. (2002) Is Crossbreeding the Answer to Questions of Dairy Breed Utilization?, *Journal of Dairy Science* 85 (9): 2352-2357.
- McDowell, R. E., J. A. Velasco, L. D. VanVleck, J. C. Johnson, G. W. Brandt, B. F. Hollon, B. T. McDaniel (1974) Reproductive Efficiency of Purebred and Crossbred Dairy Cattle, *Journal of Dairy Science* 57 (2): 220-234.
- McDowell, R. E. (1982) Crossbreeding as a system of mating for dairy production, Southern cooperative series Bulletin No. 259, Louisiana Agricultural Experiment Station, Baton Rouge, LA.
- McDowell, R. E. (1985) Crossbreeding in Tropical Areas with Emphasis on Milk, Health, and Fitness, *Journal of Dairy Science* 68 (9): 2418-2435.
- McDowell, R. E., J. C. Wilk, C. W. Talbott (1996) Economic Viability of Crosses of *Bos taurus* and *Bos indicus* for Dairying in Warm Climates, *Journal of Dairy Science* 79 (7): 1292-1303.
- Montgomerie, W.A. (2002) Experiences with dairy cattle crossbreeding in New Zealand. In: 53rd Annual Meeting of the European Association for Animal Production. Ed Livestock Improvement Corporation, A. E. U., Hamilton, New Zealand, Cairo.

- Montgomerie, W.A. (2005) Ten Years Experience of Multi-Breed-Evaluation and Crossbreeding in New Zealand. In: Bulletin 33, Proceedings of the Interbull meeting, UPPSALA, Sweden June 2-4.
- Neuhaus, U. (2001) Einführung eines Automatischen Melksystems in einen Betrieb: Erfahrungen mit Kühen der Rasse Deutsches Fleckvieh und Deutsche Holsteins, Dissertation, Institut für Tierzucht der Veterinärmedizinischen Fakultät. Ludwig-Maximilians-Universität, München.
- Nielsen, U.S., G. A. Pedersen, J. Pedersen, J. Jensen (1997) Genetic correlations among health traits in different lactations., Proceedings of the international workshop on genetic improvement of functional traits in cattle; health. Uppsala, Sweden. Interbull Bull Bulletin (15): 68-77.
- Norman, H. D., J. R. Wright, M. T. Kuhn, S. M. Hubbard, J. B. Cole, P. M. VanRaden (2009) Genetic and environmental factors that affect gestation length in dairy cattle, Journal of Dairy Science 92 (5): 2259-2269.
- Pabst, W. (2005) Rinderproduktion. In: Weiß, J., Pabst W., Strack K. E., Granz S. (Hrsg.): Tierproduktion, 13. überarb. Aufl., Paul Parey Verlag.
- Penasa, M., R. Dal Zotto, A. Cecchinato, G. de Jong, M. Cassandro (2007) Effect of crossbreeding on milk yield traits and somatic cell score in dairy cattle. Avenue Media: 186-188.
- Peter, W.F., B. D. Slenning. (2001) Managing reproductive efficiency in dairy herds. In: Radostits, O. M. (Hrsg.): Herd health - food animal production medicine, 3. Aufl., W. B. Saunders Co., Philadelphia, S. 255-289.
- Platen, M. (1997) Physiologie und Management der Beziehungen zwischen Fruchtbarkeit und Milchproduktion bei Hochleistungskühen, Dissertation, Landwirtschaftlich-Gärtnerischen Fakultät. Humboldt-Universität, Berlin.
- Platen, M. (2001) Fruchtbarkeit bei Hochleistungskühen: Ihr Management hat den größten Einfluss!, Top Agrar Spezial (1): S. 16 - 18.
- Portal-Rind (2010) Definition der Kennziffern der Besamung und Fruchtbarkeit. Portal-Rind: http://www.portal-rind.de/besam_fru.htm, 17.04.2010.
- Prendiville, R., K. M. Pierce, F. Buckley (2010) A comparison between Holstein-Friesian and Jersey dairy cows and their F1 cross with regard to milk yield, somatic cell score, mastitis, and milking characteristics under grazing conditions, Journal of Dairy Science 93 (6): 2741-2750.
- Prentice, J. H. (1962) Conductivity of milk - Effekt of volume and degree of dispersion of fat, Journal of Dairy Research 29 (2): 131-&.
- Reinecke, F. (2002) Untersuchungen zu Zellgehalt und N-Acetyl- β -D-glucosaminidase-aktivität (NAGase) in Viertelanfängsgemelken sowie zur Leistungsentwicklung von Kühen bei Anwendung eines konventionellen oder eines automatischen Melkverfahrens, Dissertation, Zentrum für Lebensmittelwissenschaften - Zentrumsabteilung Hygiene und Technologie der Milch. Tierärztliche Hochschule, Hannover.
- Richardt, W. (2004) Milhharnstoffgehalt. Portal-Rind: <http://www.portal-rind.de/index.php?name=News&file=article&sid=74>, 27.08.2009.
- Rincon, E. J., E. C. Schermerhorn, R. E. Mc Dowell, B. T. Mc Daniel (1982) Estimation of Genetic Effects on Milk Yield and Constituent Traits in Cross Dairy Cattle, Journal of Dairy Science 65 (5): 848-856.
- Rosow, N., W. Richardt (2003) Nutzung der Ergebnisse der Milchleistungsprüfung für die Fütterungs- und Stoffwechselkontrolle. Portal-Rind: <http://www.portal-rind.de/index.php?name=News&file=article&sid=68>, 26.08.2009.

- Rossow, N. (2003) Warum nehmen Fruchtbarkeitsprobleme in Milchkuhbeständen mit hoher Leistung zu? Portal-Rind: <http://www.portal-rind.de/index.php?name=News&file=article&sid=47>, 26.08.2009.
- Rovai, M., M. T. Kollmann, R. M. Bruckmaier (2007) Incontinentia Lactis: Physiology and Anatomy Conducive to Milk Leakage in Dairy Cows, *Journal of Dairy Science* 90 (2): 682-690.
- Rudolphi, B. (2004) Sind lange Zwischenkalbezeiten ökonomisch vertretbar? Landesforschungsanstalt für Landwirtschaft und Fischerei M-V: <http://www.lfamv.de/index.php?/content/view/full/2401>, 17.04.2010.
- Rupp, R., D. Boichard (1999) Genetic Parameters for Clinical Mastitis, Somatic Cell Score, Production, Udder Type Traits, and Milking Ease in First Lactation Holsteins, *Journal of Dairy Science* 82 (10): 2198-2204.
- Ruvuna, F., R. E. McDowell, T. C. Cartwright, B. T. McDaniel (1986) Growth and Reproduction Characteristics of Purebred and Crossbred Dairy Cattle in First Lactation, *Journal of Dairy Science* 69 (3): 782-793.
- Schichtl, V. (2007) Einfluss der Kreuzung von Deutschen Holsteins und Deutschem Fleckvieh auf Milchleistung, Milchqualität und allgemeine Gesundheitsmerkmale in einem automatischen Melksystem, Dissertation, Institut für Tierzucht der Veterinärmedizinischen Fakultät. Ludwig-Maximilians-Universität, München.¹
- Schmiedel, C. (2008) Einfluss ausgewählter Erkrankungen auf die Ökonomie in der Milchviehhaltung, Dissertation, Klinik für Klauentiere, Fachbereich Veterinärmedizin. Freie Universität, Berlin.
- Scholz, A., U. Neuhaus, S. Nüske, G. Kragenings, M. Förster (2001a) Milchqualität bei Kühen der Rasse Deutsche Holsteins und Deutsches Fleckvieh im Vergleich von konventioneller und Roboter-Melktechnik, *Züchtungskunde* 73 (1): 23-32.
- Scholz, A., U. Neuhaus, S. Nüske, G. Kragenings, M. Förster (2001b) Milchleistung und Besuchshäufigkeit von Kühen der Rassen Deutsches Fleckvieh und Deutsche Holsteins in einem automatischen Melksystem, *Züchtungskunde* 73 (1): 12-22.
- Schöne, A. (1993) Experimentelle Untersuchung zur Schaumentwicklung und zum Leitfähigkeitsverhalten der Milch beim maschinellen Melken, Dissertation. Technische Universität, München-Weihenstephan.
- Schulz, M. E., G. Sydow (1957) The "chloride- free" conductivity of milk and milk products, *Milchwissenschaft* 12 (6): 174-179.
- Schutz, M. M., P. M. VanRaden, G. R. Wiggans (1994) Genetic Variation in Lactation Means of Somatic Cell Scores for Six Breeds of Dairy Cattle, *Journal of Dairy Science* 77 (1): 284-293.
- Schwarzer, K. (2000) Auswirkung eines Melkroboters auf die Eutergesundheit und die Milchhygiene, Dissertation, Gynäkologische und Ambulatorische Tierklinik der Veterinärmedizinischen Fakultät. Ludwig-Maximilians-Universität, München.
- Schweigert, F. J. (2008) Laktationsleistung und Laktationskurve. In: Winter, P. (Hrsg.): *Praktischer Leitfaden Mastitis*, Paul Parey Verlag.

¹ Die Arbeit wurde publiziert unter: Verena Schwaiger (2008): Kreuzungszucht beim Milchvieh - ein Ausblick. Untertitel: Vor- und Nachteile der Kreuzungszucht zwischen Deutschem Fleckvieh und Deutschen Holsteins Vdm Verlag Dr. Müller

- Shoshani, E., M. Chaffer (2002) Robotic milking: A report of a field trial in Israel. In: First North American conference on robotic milking, Toronto, Kanada, 2002.
- Sorensen, M. K., E. Norberg, J. Pedersen, L. G. Christensen (2008) Invited Review: Crossbreeding in Dairy Cattle: A Danish Perspective, *Journal of Dairy Science* 91 (11): 4116-4128.
- Staufenbiel, R., G. Arndt, U. Schröder, C. C. Gelfert (2004) Körperkondition und Stoffwechselstabilität als Grundlage für eine hohe Milchleistung bei ungestörter Fruchtbarkeit von Milchkühen - ein Beitrag zur Ableitung von Referenzwerten, *Deutsche Tierärztliche Wochenschrift* (111): 173-228.
- Stockinger, Christian, Walter Zickgraf (2009) Rinderrassen (Kurzbeschreibung). Institut für Ländliche Strukturentwicklung, Betriebswirtschaft und Agrarinformatik der Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft: http://lb.landw.uni-halle.de/lehre/poe/kap09_1.pdf, 25.11.2009.
- Stufflebeam, C. E. (1989) *Genetics of domestic animals*. Prentice Hall, Englewood Cliffs, N.J. (USA).
- Sutter, Franz (2006) Optimales Erstkalbealter von Aufzuchtsrindern aus ökonomischer und physiologischer Sicht. In: 33. Viehwirtschaftliche Fachtagung. HBLFA Raumberg-Gumpenstein, Irnding, Österreich.
- Swalve, H. H. (1993) Zucht auf Milch, Fett und Eiweiß bleibt in der Diskussion., *Milchrind* (2): S. 35-36.
- Swalve, H. H., N. Gengler (1998) Genetics of lactation persistency. In: Proc. of the International Symposium on Metabolic Stress in Dairy Cows. Org. von British Society of Animal Science (BSAS), EU Concerted Action Group on Genetic Improvement of Functional Traits (GIFT) and British Cattle Veterinary Assoc. (BCVA), Edinburgh, UK.
- Swalve, H. H. (2004) Kreuzungszucht als alternativer Ansatz in der Milchrinderzucht, *Züchtungskunde* 76 (6): 412-420.
- Swalve, H. H. (2007) Crossbreeding in dairy cattle: International trends and results from crossbreeding data in Germany, *Lohmann Information* 42: 38-46.
- Swalve, H. H., N. Bergk, P. Solms-Lich (2008) Crossbreeding in dairy cattle - Results from a practical farm, *Züchtungskunde* 80 (6): 429-442.
- Swan, A. A., B. P. Kinghorn (1992) Evaluation and Exploitation of Crossbreeding in Dairy Cattle, *Journal of Dairy Science* 75 (2): 624-639.
- Syrstad, Ola (1989) Dairy cattle cross-breeding in the tropics: Performance of secondary cross-bred populations, *Livestock Production Science* 23 (1-2): 97-106.
- Syrstad, Ola (1996) Dairy cattle crossbreeding in the tropics: Choice of crossbreeding strategy, *Tropical Animal Health and Production* 28 (3): 223-229.
- Töpel, Alfred (2004) *Chemie und Physik der Milch* Naturstoff, Rohstoff, Lebensmittel, 3., neubearb. Aufl. edn. Behr, Hamburg.
- Touchberry, R. W. (1992) Crossbreeding Effects in Dairy Cattle: The Illinois Experiment, 1949 to 1969, *Journal of Dairy Science* 75 (2): 640-667.
- VanRaden, P. M. (1992) Accounting for Inbreeding and Crossbreeding in Genetic Evaluation of Large Populations, *Journal of Dairy Science* 75 (11): 3136-3144.
- VanRaden, P. M., A. H. Sanders (2003) Economic Merit of Crossbred and Purebred US Dairy Cattle, *Journal of Dairy Science* 86 (3): 1036-1044.

- Vesely, J. A., A. J. McAllister, A. J. Lee, T. R. Batra, C. Y. Lin, G. L. Roy, J. M. Wauthy, K. A. Winter (1986) Reproductive Performance of Crossbred and Purebred Dairy Cows, *Journal of Dairy Science* 69 (2): 518-526.
- Walsh, S., F. Buckley, D. P. Berry, M. Rath, K. Pierce, N. Byrne, P. Dillon (2007) Effects of Breed, Feeding System, and Parity on Udder Health and Milking Characteristics, *Journal of Dairy Science* 90 (12): 5767-5779.
- Wangler, A., E. Schimke (2001) Untersuchungen zu Milchhaltsstoffen und Gemelksmengen bei unterschiedlichen Melkfrequenzen und Milchmengenleistungen unter den Bedingungen automatischer Melkverfahren. Forschungsbericht, Landesforschungsanstalt für Landwirtschaft und Fischerei Mecklenburg-Vorpommern, Institut für Tierproduktion, Dummerstorf.
- Wangler, A. (2007) Effizienz der Milchkuh, *Nutztierpraxis Aktuell* (21): 12-13.
- Weigel, K.A., K.A. Barlass (2003) Results of a Producer Survey Regarding Crossbreeding on US Dairy Farms, *Journal of Dairy Science* 86 (12): 4148-4154.
- Winter, P. (2008) Gesunde Euter – Kriterien und Voraussetzungen. In: Die "Robuste" Kuh, Seminar des Ausschusses für Genetik der zentralen Arbeitsgemeinschaft österreichischer Rinderzüchter (ZAR), Salzburg.
- Wirtz, N., K. Oechtering, E. Pfeffer, E. Tholen, W. Trappmann (2003) Untersuchungen zum Einsatz des Automatischen Melkverfahrens (AMV). In: Schriftenreihe des Lehr- und Forschungsschwerpunktes USL. Landwirtschaftliche Fakultät der Universität Bonn, Bonn. 68.
- Wolf, J., L. Zavadilova, E. Nemcova (2005) Non-additive effects on milk production in Czech dairy cows, *Journal of Animal Breeding and Genetics* 122 (5): 332-339.
- Zarnecki, A., H. D. Norman, M. Gierdziewicz, J. Jamrozik (1993) Heterosis for Growth and Yield Traits from Crosses of Friesian Strains, *Journal of Dairy Science* 76 (6): P.: 1661-1670.
- Zelfel, S., U. Müller. (2007) Tierzüchterische und wirtschaftliche Bedeutung der Künstlichen Besamung. In: Busch, W., Waberski D. (Hrsg.): Künstliche Besamung bei Haus- und Nutztieren, Schattauer, Stuttgart ; New York.
- Zelfel, S. (2008) Sind hohe Milchleistungen mit guten Reproduktionsergebnissen bei Schwarzbunten Holsteins vereinbar? Portal-Rind: http://www.portal-rind.de/index.php?module=Downloads&func=prep_hand_out&lid=28, 17.04.2010.
- Zumbach, B. (1998) Schätzung von Kreuzungsparametern unter besonderer Berücksichtigung von epistatischen Effekten und einer Optimierung des Kreuzungszuchtverfahrens beim Meerschweinchen in Bolivien, Dissertation, Landwirtschaftlich-Gärtnerischen Fakultät. Humboldt Universität, Berlin.
- Zwald, N. R., K. A. Weigel, Y. M. Chang, R. D. Welper, J. S. Clay (2005) Genetic Evaluation of Dairy Sires for Milking Duration Using Electronically Recorded Milking Times of Their Daughters, *Journal of Dairy Science* 88 (3): 1192-1198.

IX. ANHANG

Tabellen der AMS-Daten

Tabelle 19: Tagesmilchmenge in kg

Tagesmilchmenge in kg		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	29,0	0,90
FV	24,2	0,69
DH-FV	27,5	0,90
FV-DH	25,1	0,69
DH-FV_DH	27,9	0,90
FV-DH_FV	24,9	0,70

Tabelle 20: Milchmenge pro Gemelk in kg

Milchmenge pro Gemelk in kg		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	10,44	0,31
FV	8,33	0,24
DH-FV	9,15	0,31
FV-DH	9,19	0,24
DH-FV_DH	10,02	0,31
FV-DH_FV	7,74	0,24

Tabelle 21: Gemelke pro Tag

Gemelke pro Tag		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	2,82	0,09
FV	2,94	0,07
DH-FV	3,07	0,10
FV-DH	2,80	0,07
DH-FV_DH	2,86	0,10
FV-DH_FV	3,22	0,07

Tabelle 22: Zwischenmelkzeit in Stunden

Zwischenmelkzeit in Stunden		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	8,68	0,28
FV	8,32	0,21
DH-FV	8,08	0,28
FV-DH	8,79	0,22
DH-FV_DH	8,68	0,28
FV-DH_FV	7,52	0,22

Tabelle 23: Melkdauer in Sekunden links vorne

Melkdauer in Sekunden links vorne		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	203	9,40
FV	208	7,21
DH-FV	187	9,40
FV-DH	218	7,22
DH-FV_DH	216	9,41
FV-DH_FV	224	7,24

Tabelle 24: Melkdauer in Sekunden rechts vorne

Melkdauer in Sekunden rechts vorne		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	203	10,16
FV	198	7,91
DH-FV	201	10,16
FV-DH	197	7,92
DH-FV_DH	238	10,17
FV-DH_FV	205	7,93

Tabelle 25: Melkdauer in Sekunden links hinten

Melkdauer in Sekunden links hinten		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	4,83	0,08
FV	4,57	0,06
DH-FV	4,48	0,08
FV-DH	4,65	0,06
DH-FV_DH	4,77	0,08
FV-DH_FV	4,56	0,06

Tabelle 26: Melkdauer in Sekunden rechts hinten

Melkdauer in Sekunden rechts hinten		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	240	14,76
FV	256	11,32
DH-FV	233	14,76
FV-DH	255	11,33
DH-FV_DH	291	14,77
FV-DH_FV	251	11,34

**Tabelle 27: Durchschnittliches Minuten-
gemelk in kg pro Minute**

Ø Minutenhauptgemelk in kg pro Minute		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	2,69	0,12
FV	1,95	0,09
DH-FV	2,52	0,12
FV-DH	2,29	0,09
DH-FV_DH	2,20	0,12
FV-DH_FV	1,99	0,09

**Tabelle 28: Höchster Milchfluss in kg pro
Minute**

höchster Milchfluss in kg pro Minute		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	3,88	0,16
FV	3,19	0,13
DH-FV	3,63	0,16
FV-DH	3,65	0,13
DH-FV_DH	3,28	0,16
FV-DH_FV	2,98	0,13

**Tabelle 29: Leitfähigkeit in mS/cm links
vorne**

Leitfähigkeit in mS/cm links vorne		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	5,01	0,07
FV	4,54	0,05
DH-FV	4,59	0,07
FV-DH	4,68	0,05
DH-FV_DH	4,79	0,07
FV-DH_FV	4,40	0,05

Tabellen der LKV-Laktationsdaten

Tabelle 33: Milch-Laktationsleistung

Milchleistung in kg		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	10.091	266,02
FV	8.225	200,76
DH-FV	9.451	220,86
FV-DH	8.872	239,00
DH-FV_DH	9.488	324,23
FV-DH_FV	8.580	366,51

**Tabelle 30: Leitfähigkeit in mS/cm rechts
vorne**

Leitfähigkeit in mS/cm rechts vorne		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	4,85	0,08
FV	4,45	0,06
DH-FV	4,49	0,08
FV-DH	4,60	0,06
DH-FV_DH	4,81	0,08
FV-DH_FV	4,39	0,06

**Tabelle 31: Leitfähigkeit in mS/cm links
hinten**

Leitfähigkeit in mS/cm links hinten		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	4,83	0,08
FV	4,57	0,06
DH-FV	4,48	0,08
FV-DH	4,65	0,06
DH-FV_DH	4,77	0,08
FV-DH_FV	4,56	0,06

**Tabelle 32: Leitfähigkeit in mS/cm rechts
hinten**

Leitfähigkeit in mS/cm rechts hinten		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	4,88	0,05
FV	4,59	0,04
DH-FV	4,51	0,05
FV-DH	4,68	0,04
DH-FV_DH	4,83	0,06
FV-DH_FV	4,54	0,04

**Tabelle 34: Milch-Laktationsleistung kor-
rigiert**

Milchleistung korrigiert in kg		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	9.523	253,24
FV	8.384	184,00
DH-FV	9.387	214,13
FV-DH	8.928	223,09
DH-FV_DH	9.518	294,34
FV-DH_FV	8.907	332,87

Tabelle 35: Fettgehalt in % aus Laktationsdaten

Fettgehalt in %		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	3,64	0,09
FV	3,79	0,07
DH-FV	3,77	0,07
FV-DH	3,87	0,08
DH-FV_DH	3,84	0,11
FV-DH_FV	3,78	0,12

Tabelle 38: SCS pro ml Milch aus Laktationsdaten

SCS pro ml		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	4,32	0,23
FV	3,26	0,17
DH-FV	3,05	0,19
FV-DH	3,81	0,20
DH-FV_DH	3,22	0,28
FV-DH_FV	3,21	0,32

Tabelle 36: Eiweißgehalt in % aus Laktationsdaten

Eiweißgehalt in %		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	3,27	0,04
FV	3,53	0,03
DH-FV	3,44	0,04
FV-DH	3,48	0,04
DH-FV_DH	3,46	0,05
FV-DH_FV	3,58	0,05

Tabelle 39: Zellzahl pro ml Milch aus Laktationsdaten

Zellzahl pro ml		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	250	14,67
FV	119	14,09
DH-FV	104	14,26
FV-DH	175	14,38
DH-FV_DH	116	15,17
FV-DH_FV	115	15,59

Tabelle 37: Harnstoff in mg/l aus Laktationsdaten

Harnstoff in mg pro Liter		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	290	6,83
FV	306	5,25
DH-FV	301	6,96
FV-DH	299	6,68
DH-FV_DH	296	8,14
FV-DH_FV	292	8,42

Tabellen der LKV-Prüftagesdaten

Tabelle 40: Tagesmilchmenge in kg aus Prüftagesdaten

Tagesmilchmenge in kg		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	31,5	0,95
FV	28,7	0,74
DH-FV	30,4	0,83
FV-DH	29,1	0,89
DH-FV_DH	29,7	1,10
FV-DH_FV	27,3	1,15

Tabelle 41: Fettgehalt in % aus Prüftagesdaten

Fettgehalt in %		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	3,46	0,09
FV	3,76	0,07
DH-FV	3,72	0,07
FV-DH	3,77	0,08
DH-FV_DH	3,80	0,10
FV-DH_FV	3,85	0,11

Tabelle 42: Eiweißgehalt in % aus Prüftagesdaten

Eiweißgehalt in %		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	3,36	0,05
FV	3,48	0,03
DH-FV	3,48	0,04
FV-DH	3,52	0,04
DH-FV_DH	3,55	0,05
FV-DH_FV	3,57	0,05

Tabelle 44: SCS pro ml Milch aus Prüftagesdaten

SCS pro ml		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	3,94	0,20
FV	2,67	0,15
DH-FV	2,34	0,17
FV-DH	2,97	0,19
DH-FV_DH	2,56	0,23
FV-DH_FV	2,83	0,24

Tabelle 43: Harnstoffgehalt in mg pro Liter aus Prüftagesdaten

Harnstoffgehalt in mg pro Liter		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	291	8,33
FV	306	6,62
DH-FV	311	8,42
FV-DH	300	7,90
DH-FV_DH	300	9,54
FV-DH_FV	303	9,35

Tabelle 45: Zellzahl pro ml Milch aus Prüftagesdaten

Zellzahl pro ml		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	192	14,39
FV	80	13,91
DH-FV	63	14,03
FV-DH	98	14,24
DH-FV_DH	74	14,71
FV-DH_FV	89	14,78

Tabellen der Fruchtbarkeitsdaten

Tabelle 46: Rastzeit in Tagen

Rastzeit in Tagen		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	88,9	6,42
FV	75,5	4,62
DH-FV	66,7	5,93
FV-DH	79,7	5,44
DH-FV_DH	75,6	7,38
FV-DH_FV	76,6	7,18

Tabelle 49: Erstkalbealter in Monaten

Erstkalbealter in Monaten			
Genotyp	mean value	Standard-Error	Tiere
DH	28,6	2,38	27
FV	29,0	2,36	53
DH-FV	28,8	2,71	42
FV-DH	29,0	3,36	32
DH-FV_DH	30,1	2,50	18
FV-DH_FV	29,2	3,13	21

Tabelle 47: Güstzeit in Tagen

Güstzeit in Tagen		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	147	11,28
FV	103	8,18
DH-FV	109	9,83
FV-DH	115	9,36
DH-FV_DH	137	12,72
FV-DH_FV	111	13,06

Tabelle 50: Erstkalbealter in Tagen

Erstkalbealter in Tagen			
Genotyp	mean value	Standard-Error	Tiere
DH	857	71	27
FV	869	71	53
DH-FV	865	81	42
FV-DH	869	101	32
DH-FV_DH	903	75	18
FV-DH_FV	876	94	21

Tabelle 48: Zwischenkalbezeit in Tagen

Zwischenkalbezeit in Tagen		
Genotyp	Estimate	Standard-Error
DH	423	9,99
FV	389	7,36
DH-FV	391	7,11
FV-DH	404	7,74
DH-FV_DH	416	12,92
FV-DH_FV	399	13,82

Tabelle 51: Verzögerungszeit in Tagen, errechnet aus Günstzeit minus Rastzeit

Verzögerungszeit in Tagen aus GZ - RZ			
Genotyp	GZ	RZ	VZ
DH	147,4	88,9	58,5
FV	103,2	75,5	27,8
DH-FV	108,8	66,7	42,1
FV-DH	115,2	79,7	35,6
DH-FV_DH	137,4	75,6	61,8
FV-DH_FV	110,5	76,6	33,9

Tabelle 52: Tragezeit in Tagen, errechnet aus Zwischenkalbezeit minus Günstzeit

Tragezeit in Tagen aus ZKZ - GZ			
Genotyp	ZKZ	GZ	TZ
DH	423,4	147,4	276
FV	389,2	103,2	286
DH-FV	391,4	108,8	283
FV-DH	404,3	115,2	289
DH-FV_DH	416,2	137,4	279
FV-DH_FV	398,6	110,5	288

Tabelle 53: Trächtigkeitsindex

Trächtigkeitsindex												
Genotyp	Anzahl Besamungen								Anzahl Tiere	Summe Besamungen	mean-value	Standard-Error
	1	2	3	4	5	6	7	8				
DH	12	16	1	7	2	2	0	0	40	97	2,43	1,47
FV	36	20	9	6	5	1	1	0	78	165	2,12	1,41
DH-FV	27	23	12	9	5	2	0	1	79	190	2,41	1,50
FV-DH	26	18	9	8	5	1	0	0	67	152	2,27	1,37
DH-FV_DH	11	8	4	1	1	2	1	0	28	67	2,39	1,73
FV-DH_FV	11	9	3	3	0	0	0	0	26	50	1,92	1,02
Gesamt	123	94	38	34	18	8	2	1	318	721		

X. DANKSAGUNG

Bei meinem Doktorvater, Herrn PD Dr. A. M. Scholz, möchte ich mich für die freundliche Überlassung des Dissertationsthemas bedanken. Ganz besonders aber danke ich ihm für seine jederzeit bereitwillig gewährte Unterstützung und Verfügbarkeit sowie die zahllosen Hilfestellungen, vor allem aber für die stets freundlichen und geduldigen Erklärungen und den kompetenten Beistand während der statistischen Auswertungen.

Herrn Richard Bätz danke ich sehr herzlich für die stete Hilfsbereitschaft und unermüdliche Unterstützung bei der Bewältigung der Datenflut, nicht zuletzt für seine aufmunternden Worte und so manchen starken Kaffee aus seiner „Espresso-küche“ die dem Konzentrationsverlust Paroli boten.

Den Mitarbeitern des Lehr- und Versuchsgutes Oberschleißheim möchte ich für ihre freundliche Unterstützung und das nette Arbeitsklima danken.

Bei Verena Schwaiger bedanke ich mich ganz herzlich für die Aktenordner von Informationen, die sie mir für diese Arbeit zur Verfügung gestellt hat.

Den Herren Christen und Opherden danke ich für die äußerst beharrliche Nachfrage zum Fertigstellungstermin.

Frau Nina Eschemann danke ich ganz herzlich für die Anregungen und Unterstützungen bei dieser Arbeit.

Meiner ganzen Familie danke ich für ihre fortwährende Hilfe und ihre aufmunternden Worte während der Promotionszeit sowie für ihre ehrliche Freude über das Gelingen dieser Arbeit. Ganz besonderer Dank gebührt meiner Mutter und meinem Bruder, die durch unermüdliche Hilfe zum Gelingen dieser Arbeit beigetragen haben.

Zu guter Letzt möchte ich meiner Frau Gaëlle für ihre großartige und liebevolle Unterstützung und das Teilen aller großen und kleinen Momente während der gesamten Studien- und Promotionszeit danken.