

**Milchflussskurven:** Zur Aufzeichnung von Milchflussskurven wird mittlerweile weltweit der Lactocorder als anerkanntes Gerät eingesetzt. Außer der Milchleistungsprüfung und Milchflussskurven zur Beurteilung der Melkarbeit lassen sich auch Nachmelkautomatik und Abnahmeautomatik mit diesem Gerät kontrollieren. Dabei sollte nicht außer Acht gelassen werden, dass das Gerät unter bestimmten Bedingungen selbst einen Einfluss auf die genannten Geräte ausüben kann. Sind jedoch die Abnahmezeitpunkte aller Geräte gleichmäßig bei einem bestimmten Milchfluss, der je nach Herde unter 200-250 ml/Minute liegen sollte, so kann bei gutem Ausmelkgrad mit hoher Sicherheit von ordnungsgemäßer Funktion ausgegangen werden. Dies kann ebenso auf das Einsetzen der Nachmelkfunktion bei ca. 800 ml/Minute angewandt werden.

### Eigenkontrolle und Wartung durch den Betreiber

Auch bei regelmäßiger Kontrolle der Melkanlage durch Fachpersonal gibt es gewichtige Punkte, die der Betreiber der Melkanlage selbst sicherzustellen hat. Dazu zählen unter anderem:

- tägliche Kontrolle der Vakuumbreite am Betriebsvakuummeter
- täglich Ölstand der Ölversorgung der Vakuumpumpe kontrollieren
- Sichtprüfung der Melkzeuge und Schläuche bei jedem Melken
- regelmäßiges Reinigen des Regelventils nach Bedienungsanleitung
- regelmäßiges Austauschen der Zitzengummi nach Herstellerangabe

## 3 Genetik und Züchtung (W. Brade)

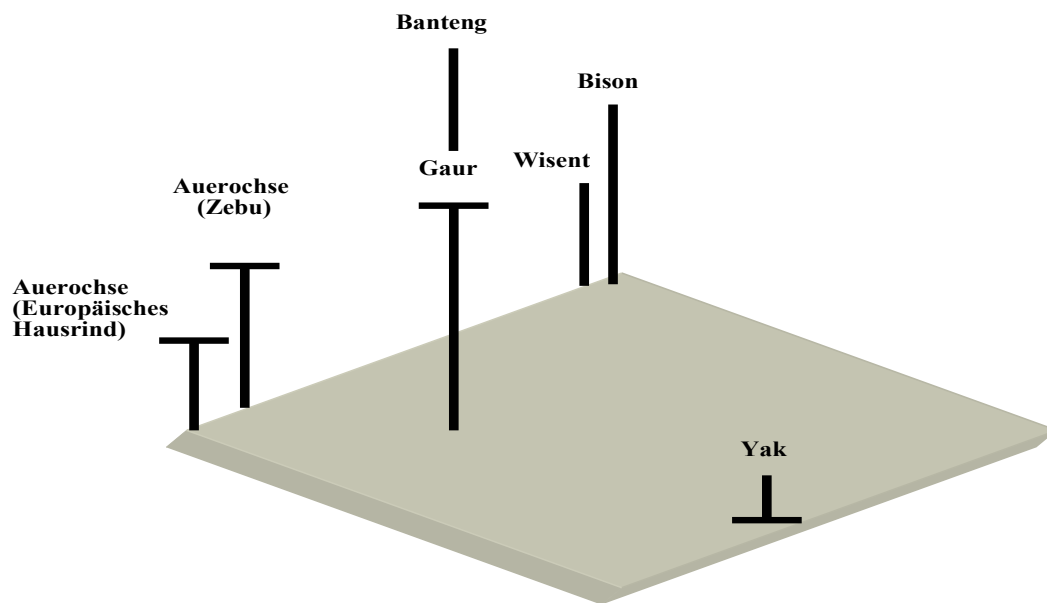
### 3.1 Zoologische Klassifizierung und Domestikation

Rinder bilden eine Unterfamilie innerhalb der großen Familie der Hornträger. Man kann klar zwischen Büffel-Arten und Nicht-Büffelarten differenzieren (Tab. 18).

**Tab. 18: Chromosomenzahlen einiger Haus- und Wildrinder**

Art	Chromosomenzahl
Hausrind, einschl. Zebu [ <i>Bos primigenius</i> f. dom.]	60
Hausyak [ <i>Bos mutus</i> f. grunniens]	60
Bali(haus)rind [ <i>Bos javanicus</i> f. domestica]	60
Gayal [ <i>Bos gaurus</i> f. frontalis]	58
Hausbüffel/Flussbüffel [ <i>Bubalus bubalis</i> ]	50
Afrik. Wildbüffel [ <i>Syncerus caffer</i> ]	52
Amerikanischer Bison	60

Hinsichtlich der Einordnung der verschiedenen Wild- und Hausrinderarten in das zoologische System werden nicht immer einheitliche Auffassungen vertreten. Bereits vor mehr als 10 Jahren wurde belegt, dass Wisente mit dem Yak näher verwandt sind als beide mit dem Ur (*Bos primigenius*). Wenn allerdings der Yak der Gattung *Bos* zugeordnet wird, gehören folglich auch Amerikanische Bison und Wisent dazu. Schließlich ergeben sowohl die Verpaarung Hausrind-Bulle x Yak-Kuh als auch die Verpaarung Hausrind-Bulle x Bison-Kuh lebensfähige Nachkommen, wobei in beiden Fällen nur die weiblichen Tiere fruchtbar sind. Demgegenüber sind Kreuzungen zwischen Hausrind und Büffel (*Bubalus*, *Syncerus*) bisher nicht gelungen. Die phylogenetischen Beziehungen zwischen verschiedenen Nicht-Büffel-Rinderarten sind nachfolgend gegeben (Abb. 8):



**Abb. 8: Phylogenetische Beziehungen zwischen verschiedenen Nicht-Büffel-Arten (Buntjes, 1997, modifiziert)**

Domestizierte Formen des Wasserbüffels sind in Form des Flussbüffels (Chromosomenzahl: 50) bzw. des Sumpfbüffels (Chromosomenzahl: 48) vorhanden. Ein wesentlicher äußerer Unterschied zwischen dem Wasserbüffel und dem Hausrind liegt im Hornquerschnitt. Er ist beim Hausrind rund bis oval, das Horn des Wasserbüffels dagegen hat einen dreieckigen Querschnitt. Der in Südost- bzw. in Südeuropa (Italien) beliebte Flussbüffel wird zur Milchgewinnung (Mozzarella-Produktion) gehalten („Milchbüffel“). Er erfreut sich einer zunehmenden Beliebtheit auch in Deutschland.

*Domestikation* ist ein Prozess bei dem eine Population von Tieren sich an den Menschen und an eine eingeschränkte Umwelt anpasst. Diese Anpassung erfolgt durch genetische Änderungen im Verlauf vieler Generationen und umweltinduzierter Entwicklungsereignisse (Prägung etc.), die sich in jeder Generation wiederholen. Im engeren Sinn ist Domestikation ein evolutionärer Prozess sowie ein Entwicklungsphänomen.

Die wohl ältesten Nachweise von Hausrindern sind Funde aus Griechenland (Argissa-Magula, ~ 6500 v. u. Z.; Nea-Nikomedea, ~ 6100 v. u. Z.). Weitere archäologische Nachweise liegen für Kreta (~ 6100 v. u. Z.) sowie Catar Hüyük, Türkei (~ 5800 v. u. Z.) vor.

Das Rind nimmt in der Geschichte der Domestikation eine besondere Rolle ein. Mit ihm wurde erstmalig die Arbeitskraft der Tiere erschlossen, ganz abgesehen von seiner Bedeutung als Nahrungs- und Rohstofflieferant. Im alten Mesopotamien spielte der Stier, ebenso wie in anderen frühen Kulturen eine wichtige Rolle in der Religion. Der Stierkult erreichte seinen frühen Höhepunkt in der minoischen Kultur Kretas (Zeuner, 1967). Noch heute werden aus religiösen Gründen im afrikanischen Raum Rinder gezielt auf halbmondförmige Hörner zu Ehren der Mondgöttin „Luna“ selektiert.

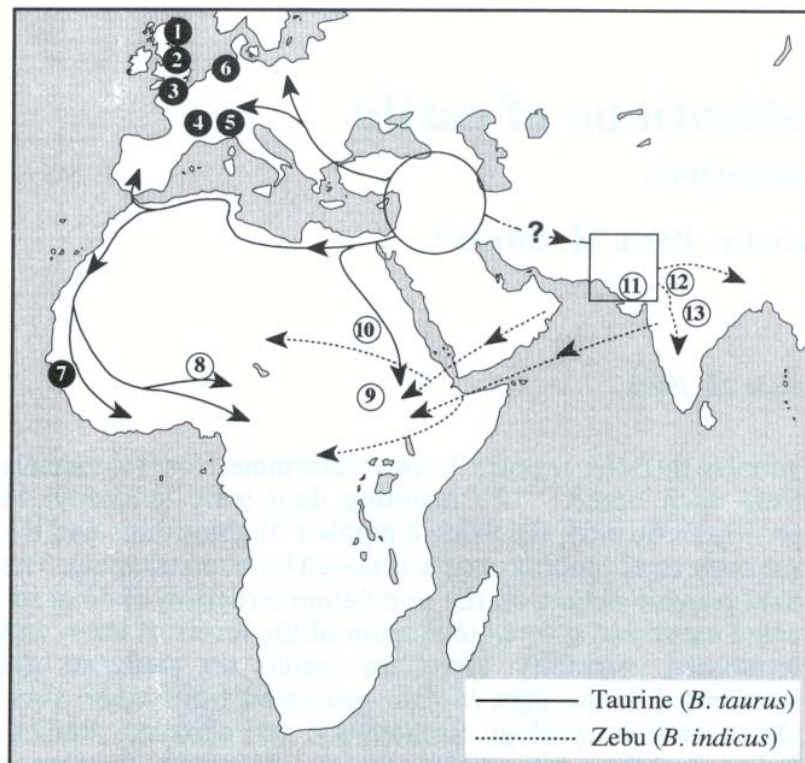
Neuere DNA-Analysen ergaben, dass bereits die Ahnen der Zebus bzw. taurinen Rinder genetisch differenziert waren. Diese Divergenz gilt als Beweis, dass mindestens zwei separate Domestikationsprozesse (einer im östlichen Mittelmeergebiet/Persien und ein zweiter in Vorderindien/indischer Subkontinent) unter Einbeziehung von zwei Unterarten des Auerochsen stattfanden (Abb. 9). Dafür sprechen auch zytogenetische Unterschiede im Y-Chromosom des europäischen und indischen Rindes. Neueste molekulargenetische

Untersuchungen schließen eine zusätzliche Domestikation von Rindern auf dem afrikanischen Kontinent (im Gebiet der östlichen Sahara) nicht mehr aus.

Aus den Wildtieren entstanden zahlreiche Rinderrassen, die sich in ihrer äußeren Erscheinung (Körperformen, Behornung, Farbe etc.) sowie in ihren Leistungen unterscheiden. Miteinander liegt die beobachtete Differenziertheit zwischen zwei Rassen lediglich in einem einzigen Genort (Farbe, Behornung) begründet, um eine Rassenzuordnung vorzunehmen.

**Rassenbildung:** Unter einer Rasse versteht man eine Fortpflanzungsgemeinschaft (Population) von domestizierten Tieren innerhalb der Art, die einander in wesentlichen morphologischen und physiologischen Merkmalen ähnlich sind und eine gemeinsame Zuchtgeschichte haben. Allerdings ist die Variation innerhalb der Rassen oft sehr erheblich. Man unterscheidet mehr als 800 Rinderrassen, die in Internetpräsentationen zwischenzeitlich gut dokumentiert sind (z. B.: [www.ansi.okstate.edu/breeds/cattle](http://www.ansi.okstate.edu/breeds/cattle) oder [www.tiho-hannover.de/einricht/zucht/eaap](http://www.tiho-hannover.de/einricht/zucht/eaap)).

Da Haustiere und damit Rassen einer ständigen züchterischen Beeinflussung durch den Menschen unterliegen, bleibt gleichzeitig eine hohe Dynamik sowohl zwischen als auch innerhalb der Rassen anzuerkennen. Mit anderen Worten: sowohl die einzelne Rasse als auch die vorhandene Rassenvielfalt unterliegen einer ständigen Veränderung.



**Abb. 9: Domestikationszentren und Migrationswege** (1= Aberdeen Angus, 2= Hereford, 3=Jersey, 4=Charolais, 5= Simmentaler 6=Friesian, 7= 'N'Dama, 8= White Fulani, 9= Kenana; 10= Butana, 11=Tharparkar, 12=Sahiwal 13=Hariana (entnommen: [Loftus et al., 1994](#))

### 3.2. Rinderrassen

In der Bundesrepublik hat sich die Rassenstruktur in den letzten 4 Jahrzehnten stark verändert. Die bereits weit verbreiteten Rassen haben in der Regel ihren Anteil zu Lasten zahlenmäßig kleinerer Milch- und Zweinutzungsrasen vergrößert.

Nach Nutzungsrichtungen können unterschieden werden:

- Milchrinderrassen
- Fleischrinderrassen
- Zweinutzungsrassen Milch-Fleisch
- Dreinutzungsrassen Milch-Fleisch-Arbeit.

Zu den in Deutschland vorhandenen Rinderrassen, die betont auf hohe Milchleistung selektiert werden, gehören:

- Deutsche Holsteins (= "holsteinisierte" Schwarz- /Rotbunte)
- Braunvieh (mit hohem Brown Swiss-Genanteil)
- Angler/Rotvieh (mit Einkreuzungen Schwedischen Rotviehs bzw. Red Holsteins)
- Jerseys (zunehmend mit US-Jersey-Genanteil).

Zu den in Deutschland verbreitetsten Zweinutzungsrassen Milch-Fleisch gehören:

- Deutsches Fleckvieh
- Deutsches Gelbvieh.

Interessante Internetbeiträge über die verschiedenen Zuchtziele findet man beispielsweise unter: [www.holstein-dhv.de](http://www.holstein-dhv.de); [www.fleckvieh.de](http://www.fleckvieh.de) oder [www.braunvieh.de](http://www.braunvieh.de).



**Abb. 10: Red Holstein-Kuh „Belinda 1021214397“.**  
Z.: GbR Lattwesen, Hohnhorst (Nordrind GmbH, Verden) Foto: KeLeKi

Eine Zusammenstellung bedrohter Rinderrassen enthält Tabelle 19.

**Tab. 19: Übersicht über bedrohte Rinderrassen in Deutschland**

extrem gefährdet	stark gefährdet	gefährdet	zur Bestandsbeobachtung
Limburger Vogtländer Rotvieh Murnau-Werdenfelser Glanvieh Ansbach-Triesdorfer Angler(alte Zuchtricht.)	Dt. Shorthorn Orig. Braunvieh	Hinterwälder Dt. Schwarzbuntes Niederungsrind Pinzgauer	Gelbvieh Vorderwälder Rotbunte (Doppelnutzung)

Die zahlenmäßig wichtigste Milchrinderrasse ist das Holstein-Rind. Das Fleckvieh ist die verbreitetste Zweinutzungsrasse (Milch-Fleisch). Nach der neuesten Rasseschätzung der ADR entfielen vom gesamten Rinderbestand in Deutschland im Jahr 2004 54,3 % auf die Rasse Holstein (schwarz- und rotbunte Farbrichtung), 24,8 % auf das Fleckvieh, 4,9 % auf das Braunvieh, 2,7 % auf andere Milch- und Zweinutzungsrasen und 13,4 % auf die Fleischrinderrassen (Tab. 20).

**Tab. 20: Anteile der Rinderrassen in Deutschland 1992 - 2004**

Jahr	Holstein (Schwarz- bunt)	Holstein (Rotbunt)	Fleck- vieh	Braun- vieh	sonstige Milchrinder- rasen	Fleisch- rinder- rasen
1992	48,4	11,6	27,8	6,1	2,1	4,0
1996	45,5	10,7	26,5	5,2	1,8	10,3
2000	45,2	8,3	25,9	5,1	1,8	13,7
2004	47,4	6,9	24,8	4,9	2,7	13,4

Quelle: ADR-Information 26/2005

Die Holsteins haben generell den höchsten Milchertrag. Die Jerseys weisen den höchsten Milchfett- und -eiweißgehalt auf. Das Braunvieh besitzt eine Milchproteinzusammensetzung, die eine gute Käseereitauglichkeit der Milch sicherstellt. Das Fleckvieh kombiniert Milch und Fleisch auf hohem Niveau.

### 3.3 Molekulargenetische Grundlagen

#### 3.3.1 Aufbau des Rindergenoms

Nukleinsäuren speichern und übertragen genetische Informationen. Es müssen zwei Nukleinsäuren unterschieden werden:

- die *Desoxyribonukleinsäure* (DNA)
- die *Ribonukleinsäure* (RNA).

Das Genom (= Gesamtheit der vorhandenen Erbinformationen) des Rindes besteht aus DNA-Molekülen. Die genetischen Informationen sind hier in der Reihenfolge der Basen (= Basensequenz) in den DNA-Strängen verschlüsselt.

Genetische Informationen liegen in den Zellen nicht als „Einzelstückchen“ vor. Vielmehr sind die DNA-Moleküle in „organisierter“ Form als Chromosomen vorhanden, d. h. sie sind verdichtete und verpackte Zellbestandteile (Tab. 21). Beim Hausrind besteht die im Zellkern vorhandene Chromosomenausstattung aus 60 Chromosomen: 58 Chromosomen liegen als homologe Paare vor (je eines von jedem Elter). Darüber hinaus besitzt jedes weibliche Rind in jeder Zelle zwei X-Chromosomen. Jedes männliche Tier trägt zusätzlich ein X- und ein Y-Chromosom. Die reifen Keimzellen (Spermien/Eizelle) enthalten nur einen einfachen (= haploiden) Chromosomensatz, da sich sonst die Genomgröße in jeder Generation verdoppeln würde. Man schätzt, dass etwa 35.000 Gene im Zellkern, verteilt auf 30 Chromosomenpaare vorhanden sind.

Die Mitochondrien-DNA (mt DNA) enthält insgesamt 37 Gene, die in gleicher Weise wie beim menschlichen mitochondrialen DNA-Molekül angeordnet sind. Da jedes Mitochondrium mehrere Kopien dieses ringförmigen DNA-Moleküls enthält und in einer einzelnen Zelle bis zu mehreren hundert Mitochondrien vorhanden sein können, kann die gesamte mitochondriale DNA-Menge einer somatischen Zelle bis zu 0,5 % der nukleären DNA-Menge erreichen. Mitochondrien-DNA wird stets nur von der Mutter auf ihre Nachkommen übertragen. Die gesonderte Beachtung der mitochondrialen Vererbung in der Züchtungspraxis kann wie folgt zusammengefasst werden:

- spezifische Einbeziehung in die Kuhselektion (Erbbfad Kuh-Kuh)
- gezielte Oozyten-Auswahl im Rahmen der In-vitro-Erzeugung von Embryonen
- Bewertung der Erhaltungswürdigkeit von Rassen
- Erfassung möglicher mitochondrialer Erkrankungen
- mögliche Überschätzung der Pedigree-Zuchtwerte von Jungbullen (bei Nichtberücksichtigung der mt DNA-Einflüsse der Mutter)

**Tab. 21: Genome des Rindes**

	<b>Kerngenom</b>	<b>Mitochondriengenom*</b>
<b>Größe</b>	~ 3.000 Mb	16,4 kb
<b>Zahl verschiedener DNA-Moleküle</b> (= Genkopplungsgruppen)	30 (bei XX) oder 31 (bei XY) alle linear	ein ringförmiges DNA-Molekül
<b>Gesamtzahl der DNA-Moleküle pro Zelle</b>	30 in haploiden Zellen 60 in diploiden Zellen	mehrere Tausend
<b>Zahl der Gene</b>	ca. 35.000 (Schätzungen)	37
<b>Transkription</b>	meistens Gene einzeln	gemeinsame Transkription mehrerer Gene
<b>Introns</b>	in den meisten Genen	fehlen
<b>Anteil der codierenden DNA</b>	2 bis 3 %	~ 95 %
<b>genetischer Code</b>	spezifisch Kerngenom	spezifisch bei mt-Genom
<b>Rekombination</b>	in homologen Chromosomen- paaren regelmäßig	keine
<b>Vererbung</b>	nach Mendelschen Regeln für Sequenzen auf X und Autosomen; väterlich für Sequenzen auf Y	ausschließlich maternal

[\*Anm.: Neuere Erkenntnisse aus der Mäusegenetik: Eine Häufung von Mutationen in den Mitochondrien ist eine Ursache typischer Alterserscheinungen (Haarausfall etc.). Untersuchung an Mäusen, die aufgrund einer genetischen „Manipulation“ der mitochondrialen DNA ungewöhnlich schnell altern, ergaben: Die Tiere zeigten sehr viel früher als ihre unveränderten Artgenossen typische Alterserscheinungen – Haarausfall und ergrauendes Fell, Muskelabbau, brüchige Knochen sowie eingeschränktes Hör- und Sehvermögen.]

### 3.3.2 Stand der Kartierung des bovinen Kerngenoms

Das Erbgut des Rindes (konkret eines Hereford-Rindes) ist zwischenzeitlich vollständig sequenziert worden. Die Ergebnisse eines US-Forscherteams sind im Internet verfügbar. Nach dem Hereford-Rind sollen nun auch Genome anderer Rinderrassen „entziffert“ werden.

Der Stand der Kartierung des Rindergenoms ist im Vergleich zum menschlichen Genom aber noch gering. Internationale Projekte lassen aber auch hier einen schnellen Erkenntniszuwachs erwarten.

Gleichwohl steht die Genomanalyse hinsichtlich der Kartierung und Aufklärung der molekularen Grundlagen wichtiger Nutzeigenschaften des Rindes erst am Anfang.

Darüber hinaus wird an den Erfolgen der Kartierung des menschlichen Genoms partizipiert, da eine gewisse "konservierte Übereinstimmung" spezifischer Chromosomenabschnitte beim Menschen und Rind zu beobachten ist.

Die meisten Nutzeigenschaften beim Rind werden allerdings durch mehrere Genorte beeinflusst, wobei jeder Genort nur einen kleinen Teil zur Merkmalsvariation beiträgt. Diese Genorte heißen QTL (engl.: Quantitative Trait Loci).

Sie werden häufig von DNA-Markern erfasst, die diese QTLs gewissermaßen „flankieren“. Allerdings umspannen die verfügbaren Marker häufig einen DNA-Bereich von mehreren Millionen Basenpaaren. Darin eingeschlossen kann sich eine Vielzahl von Genen befinden. Von Interesse ist häufig nur eines oder wenige, so dass eine weitere Eingrenzung der QTL-Position mit immer enger werdenden Markern angestrebt wird (= Feinkartierung).

Beim Rind befinden sich beispielsweise die Kaseine eng zusammenliegend auf dem Chromosom 6. Die Gene für die Molkenproteine liegen getrennt von den Kaseinen auf Chromosom 3 und 16.

Nachdem der Nachweis erfolgte, dass sich bezüglich der Verfestigungszeit in der Käseherstellung und bei der Käseausbeute signifikante Unterschiede zwischen verschiedenen  $\kappa$ -Kasein-Genotypen ergeben, hat die Berücksichtigung des  $\kappa$ -Kasein-Genotyps bzw. weiterer Milchproteinvarianten in konventionellen Zuchtprogrammen oder beim Nachweis seltener Allele in bedrohten Nutztierassen an Bedeutung gewonnen.

### 3.4 Züchtung innerhalb der Rasse

Unter züchten versteht man die Beurteilung, Selektion und Verpaarung von Tieren einer Population mit dem Ziel, Nachkommen zu erzeugen, die in ihren Leistungen dem angestrebten Zuchtziel im Mittel näher stehen als die zugehörige Elterngeneration.

#### 3.4.1 Erfassung der genetischen Variabilität

Das Vorhandensein genetischer Variabilität ist die Grundlage jeder tierzüchterischen Arbeit.

Obwohl alle grundlegenden Erkenntnisse der Genetik auf Vererbungsstudien an qualitativen Merkmalen (= Merkmale, die von Einzelgenen bestimmt werden) beruhen, zeigen die meisten wichtigen Nutzeigenschaften (z.B. Milchleistung, Körpergewicht) eine kontinuierliche Variation. Die Ursachen sind in einer Vielzahl beteiligter, frei kombinierbarer bzw. teilweise gekoppelter Gene (= Polygenie) sowie in der gleichzeitig gewöhnlich starken umweltbedingten Beeinflussbarkeit zu sehen.

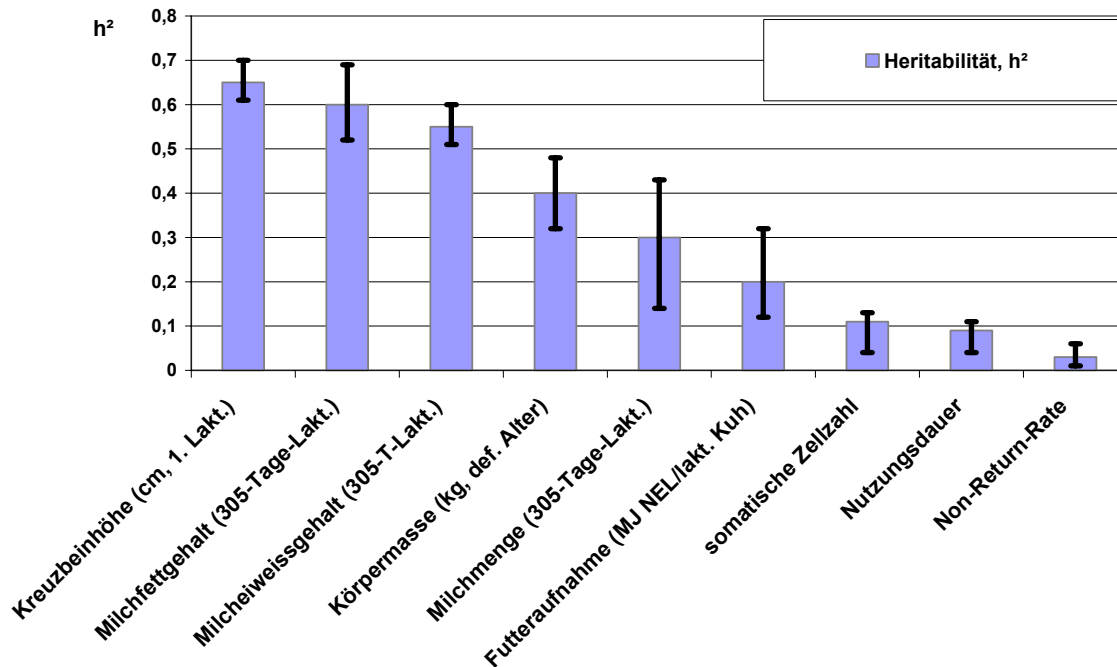
Damit ist die auf einer eindeutigen Klassifizierung von Phänotypen beruhende "Mendel"-Analyse bei quantitativen Merkmalen nicht möglich. Für diese Merkmale gleicht die Häufigkeitsverteilung innerhalb einer genügend großen Herde einer „Glocke“ (= Gaußsche Glockenkurve). Mit anderen Worten: die meisten Beobachtungswerte sind symmetrisch um den Mittelwert zu finden.

Die Bestimmung der genetischen Varianz ( $s^2_g$ ) erfolgt hier durch Auswertung der Ähnlichkeit („Kovarianz“) verwandter gegenüber nichtverwandter Tiere auf der Basis genetisch-statistischer Verfahren. Im Interesse der Vergleichbarkeit wird die genetische Varianz häufig in Bezug zur Gesamtvarianz ( $=s^2_p$ , phänotypische Varianz) angegeben. Dieser Varianzanteil nennt man auch Heritabilität ( $h^2$ ):

$$h^2 = \frac{s^2_g}{s^2_p}$$

Die Heritabilität kann Werte zwischen 0 und 1 (bzw.: zwischen 0 % und 100 %) annehmen. Der mögliche Erfolg selektiver Maßnahmen ist generell umso höher, je bedeutender die

genetische Varianz an der Gesamtvarianz ist. Folgende Orientierungswerte können gegeben werden (Abb. 11):



**Abb. 11: Heritabilitäten (h<sup>2</sup>) verschiedener Merkmale des Rindes**

Zu vermerken bleibt, dass die genetische Variabilität ( $s_g^2$ ) in verschiedenen Rassen verschieden sein kann und zusätzlich eine Abhängigkeit vom Produktionsniveau besteht. Neben der Heritabilität interessieren die genetischen Beziehungen zwischen den Merkmalen. Ihre Erfassung erfolgt durch Bestimmung der genetischen Korrelation ( $r_g$ ), die Werte zwischen  $-1,0$  und  $+1,0$  annehmen kann (Tab. 22).

**Tab. 22: Heritabilitäten (h<sup>2</sup>) und genetische Korrelationen (r<sub>g</sub>) in den ersten 100 Tagen nach 1. Abkalbung**

	Milch-kg	Eiw.-%	Eiw.-kg
Milch-kg	0,23	-0,53	0,87
Eiw.-%		0,37	-0,05
Eiw.-kg			0,20

Anm.: h<sup>2</sup> in der Diagonalen, r<sub>g</sub> = Werte oberhalb d. Diagonalen  
Datenmaterial: über 100.000 Holstein-Kühe (SRV-Material)

Ist die genetische Korrelation  $r_g = 0$ , besteht keine Abhängigkeit zwischen den beiden Merkmalen. Ist die genetische Korrelation nahe Eins ( $r_g = \leq 1,0$ ), besteht ein enger positiver Zusammenhang. Strebt die Korrelation gegen  $-1$  ( $r_g \geq -1,0$ ), so besteht ein deutlich negativer Zusammenhang, d. h., verbessern sich die Merkmalswerte bezüglich einer Eigenschaft reduzieren sich die Merkmalswerte in der anderen Eigenschaft.



### 3.4.2 Zuchtwertschätzung (BLUP)

Bei der Zuchtwertschätzung werden Leistungs- und Abstammungsinformationen miteinander verknüpft, um die genetische Veranlagung eines Tieres aus der beobachtbaren (= phänotypischen Leistung) bestmöglich zu ermitteln.

Der Zuchtwert eines Tieres ist im Gegensatz zu seinem Genotyp keine fixe, sondern eine variable Größe und ändert sich mit der jeweiligen Population, zu der man das betreffende Tier in Beziehung setzt.

*Mathematische Definition des Zuchtwertes:* Nach der Theorie der Populationsgenetik entspricht der *wahre Zuchtwert* eines Tieres für ein bestimmtes Merkmal folgender Beziehung (Essl, 1996):

$$ZW = 2 \cdot (NKD - PD)$$

mit PD = Durchschnitt der jeweiligen Referenzpopulation,  
 NKD = Leistungsdurchschnitt der Nachkommen des Tieres,  
 ZW = zuchtwertbedingte Abweichung des Tieres von PD,

wenn folgende (idealisierte) Annahmen zutreffen:

1. die Anzahl der Nachkommen geht gegen unendlich,
2. die Paarungspartner reflektieren genetisch die Referenzpopulation,
3. die Umwelt, in der die Nachkommen ihre Leistung erbringen, muss im Durchschnitt jener der Referenzpopulation vollständig entsprechen.

Die Multiplikation der Abweichung (NKD - PD) mit 2 berücksichtigt den Fakt, dass ein Tier die Erbanlagen seiner Nachkommen nur zur Hälfte bestimmt, während die andere Hälfte von den jeweiligen Paarungspartnern stammt.

Betrachtet man die oben dargestellte Definition des Zuchtwertes, so wird klar, dass der *wahre Zuchtwert* eines Tieres unbekannt bleibt, weil die für seine Bestimmung notwendigen Bedingungen in der Praxis nie vollständig erfüllbar sind (Essl, 1996). Grundlage der aktuellen Zuchtwertschätzung ist deshalb die Beschreibung beobachtbarer Leistungen mittels eines gemischten linearen Modells, indem die auszuwertenden Tiere in aller Regel als zufällig und die gleichzeitig zu erfassenden verschiedenen (!) Umwelteinflüsse (Herde, Alter, Kalbesaison) als fixe Einflussgrößen betrachtet werden. Die moderne Zuchtwertschätzung beinhaltet folglich den Aufbau und die Lösung eines umfangreichen Gleichungssystems.

Das so genannte **BLUP-Verfahren (BLUP = Best Linear Unbiased Prediction)** hat hier seine konsequente Anwendung erfahren.

Das BLUP-Verfahren setzt Kenntnisse in der Matrizenrechnung voraus. Gleichzeitig sind zuverlässige Kenntnisse über verschiedene genetische Parameter erforderlich. Detaillierte Beschreibungen der verwendeten Zuchtwertschätzmodelle findet man Online bei den zuständigen Rechenstellen (z.B. [www.vit.de](http://www.vit.de)).

Aktuell wird an der zusätzlichen Integration von molekulargenetischen Daten in das BLUP-Zuchtwertschätzverfahren gearbeitet (Reinhardt et al., 2003).

Die flächendeckende Teilnahme der rinderhaltenden Betriebe an der MLP stellt die Grundlage des Prüfeinsatzes von Testbullen im Feld dar. Gleichzeitig nimmt die Verantwortung der Betriebe für die Qualität der zu erhebenden Daten stetig zu, da die staatliche Förderung der Milchkontrolle abnimmt bzw. künftig möglicherweise völlig entfällt. Bereits jetzt meldet der Tierhalter Geburts- und Kalbedaten, die Kennzeichnung geborener Kälber sowie vorliegende Abgänge im Rahmen der VVVO. Ein immer größer werdenden Teil der Landwirte übernimmt im Rahmen der so genannten MLP-Besitzerkontrolle (= B-Methoden der MLP) die unmittelbare Erfassung der Milchleistung. Auch Fehler, die bei der Datenerfassung entstehen, werden zukünftig weiter auf die tierhaltenden Betriebe verlagert. Gleichzeitig bemühen sich

die Zuchtorganisationen, den Testeinsatz von Bullen stärker zu planen (Beispiel: Ausschluss von solchen Herden mit mangelhafter Datenerhebung.)

### 3.4.3 Genetischer Fortschritt

Der mögliche Selektionserfolg ( $\Delta G$ ) pro Jahr wird bei Auslese innerhalb der Rasse (Population) von folgenden Faktoren bestimmt:

- Genauigkeit der Zuchtwertschätzung ( $r_{zw}$ )
- Selektionsintensität ( $i$ )
- genetische Variabilität ( $s^2_g$ )
- Generationsintervall ( $L$ ).

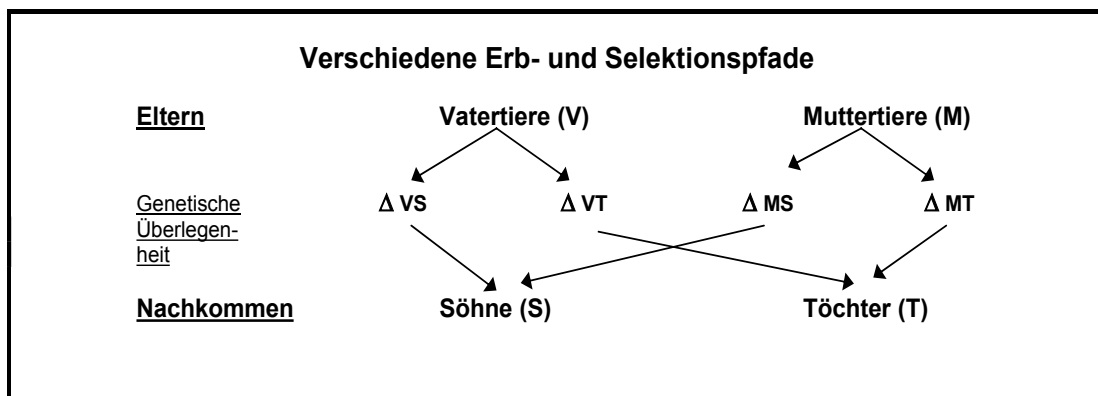
Dazu kommen weitere Faktoren (Populationsgröße, Zahl der gleichzeitig berücksichtigten Merkmal etc.) auf deren Darstellung hier verzichtet werden soll.

Der zu erwartende Selektionserfolg kann mit folgender Gleichung näherungsweise bestimmt werden:

$$\Delta G/\text{Jahr} = \frac{r_{zw} \cdot i \cdot s_g}{L}$$

Die Selektionsintensität ( $i$ ) ist vom Anteil der zur Zucht verwendeten Tiere abhängig. Sie ist umso höher je geringer der Anteil derjenigen Tiere ist, die zur Weiterzucht verwendet werden. Auf der Ebene der Population sind vier Pfade zu berücksichtigen:

1. Vater - Sohn (VS)
2. Vater - Tochter (VT)
3. Mutter - Sohn (MS)
4. Mutter - Tochter (MT).



**Abb. 12: Erb- und Selektionspfade in der Rinderzucht**

Modellrechnungen belegen, dass der Zuchtfortschritt vor allem von der konsequenten Auslese zuverlässig geprüfter Bullen und Bullenmütter abhängt (Erbspfad: VS, VT, MS).

Rinderzuchtprogramme erfolgen heute länderübergreifend. Die weltweit bestverfügbaren Väter werden über künstliche Besamung (KB) als Bullenvater genutzt. Gleichfalls werden die potentiellen Bullenmütter sehr intensiv in mehreren Stufen vorselektiert und häufig (zumindest die jungen Kühe) unter einheitlichen, praxisnahen Bedingungen (Station) geprüft. Die Jungbullen, erzeugt aus den besten Bullen und Kühen, werden einem begrenzten Prüfeinsatz unterzogen und nur bei einem überragenden Testergebnis nachfolgend breit eingesetzt (vgl. Abschnitt „Nutzung moderner Biotechniken“).

## 3.5 Verbesserung einzelner Merkmalskomplexe

### 3.5.1 Zuchtzielformulierungen

Milcherzeuger unterscheiden sich nicht von anderen landwirtschaftlichen Produzenten. Sie können gleichfalls die Preise kaum beeinflussen und müssen daher stets die Produktivität erhöhen und die Stückkosten senken. Nur so kann bei tendenziell steigenden Kosten die notwendige Wettbewerbsfähigkeit gesichert werden. Eine weitere Steigerung der Milchleistung pro Kuh und Laktation bleibt deshalb für die spezialisierten Milchkuhbetriebe anzuerkennen. So nimmt der Futterenergieaufwand pro kg Milcheiweiß mit zunehmender Produktivität ab (vgl. Kapitel 7 und 9).

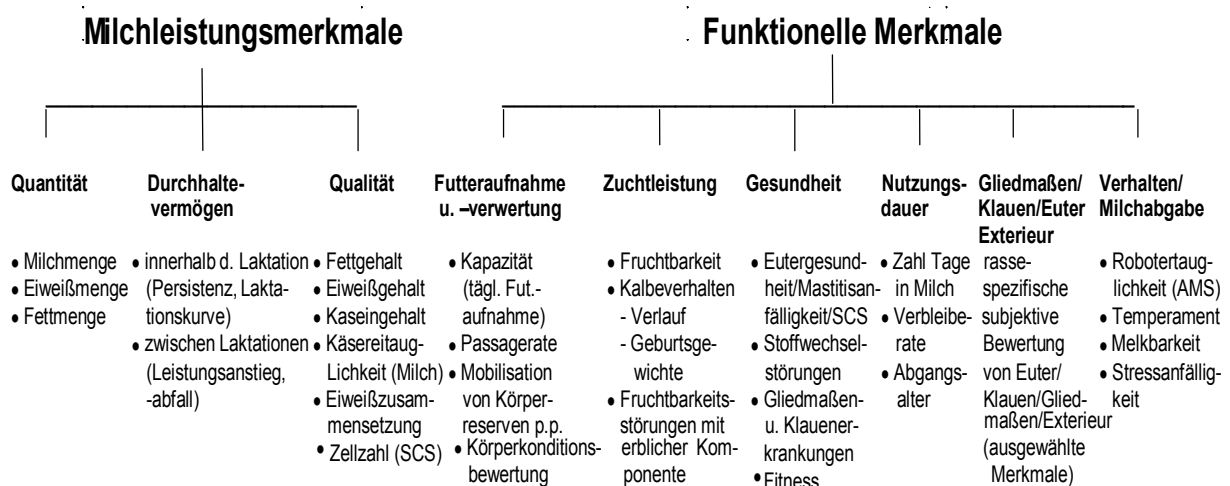
Laut deutschem Tierzuchtrecht kann jede Zuchtorganisation sein eigenes Zuchtziel festlegen, so dass regionale Abweichungen vom Rassezuchtziel möglich sind.

Generell sollte das Zuchtziel die Rentabilität des Erzeugerbetriebes positiv beeinflussen, die erzeugten Produkte die von den Verbrauchern gewünschte Qualität aufweisen, die Gesundheit der Tiere nicht gefährden und nicht im Widerspruch zum Tierschutz stehen. Das Zuchtziel ist somit in der Regel komplex. Für die Aufnahme eines Merkmals in ein Zuchtziel sollten folgende Bedingungen erfüllt sein:

- die wirtschaftliche Bedeutung sollte gegeben sein (direkt oder indirekt),
- das Merkmal muss eine genügend große genetische Variation ( $s^2_g$ ) aufweisen,
- das Merkmal muss mit genügender Genauigkeit erfassbar/messbar sein.

In der Hobbyzucht spielen demgegenüber wirtschaftliche Überlegungen oftmals keine Rolle.

Verständlicherweise besitzen die Milchmengenmerkmale sowie die Inhaltsstoffe eine zentrale Stellung in der Milchrinderzucht. Daneben sind funktionelle Merkmale zu nennen (Abb. 13).



**Abb. 13: Wichtige Merkmale in der Milchrinderzuchtung**

Beispielsweise sind die Exterieur-Merkmale häufig nur lose mit der Leistungsveranlagung der Tiere verknüpft. Demgegenüber sind Zusammenhänge zwischen einzelnen Exterieurmerkmalen und Nutzungsdauer/Langlebigkeit vorhanden. Außerdem besitzen z.B. Euteraufhängung oder die Strichstellung z. T. beachtliche Beziehungen zum Betreuungsaufwand (Melkarbeit) sowie zur Gesundheit der Tiere.

Mit der Milcherzeugung stehen Fruchtbarkeit und Abkalbung in enger Verbindung. Allerdings sind die Heritabilitäten der Reproduktionsmerkmale gering (Abb. 11).

Die konsequente Beachtung von Erbfehlern ist aus Gründen des Tierschutzes, aber auch der Ökonomie, angezeigt. Potentielle Besamungsbullen werden deshalb vor Beginn des Testeinsatzes auf das Vorhandensein eines/mehrerer unerwünschter rezessiver Gene untersucht.

Neben den oben genannten Merkmalen erfährt die Fleischleistung bei der Zuchtarbeit mit Zweinutzungsrindern (Milch-Fleisch) eine gebührende Aufmerksamkeit. Die Fleischleistung umfasst dabei häufig nicht nur eine hohe Wachstumsleistung sondern berücksichtigt auch die Schlachtausbeute und Fleischqualität.

### 3.5.2 Spezielle Merkmale

**Milcheiweißgehalt:** Alle aktuellen Zuchtzielformulierungen bei Milchrindern sind auf eine betonte Verbesserung der Milcheiweißmenge orientiert. Dem Milcheiweißgehalt wird in einzelnen Zuchtprogrammen eine gesonderte Bedeutung (zwecks Vermeidung des Absinkens des genetischen Niveaus) eingeräumt. Die gleichzeitige Einbeziehung der Eiweißmenge und des Eiweißgehaltes in den Selektionsprozess, wie bei Holsteins und anderen Rassen bereits praktiziert, ist - bei nachgewiesenen negativen Zusammenhängen zwischen Milchweißmenge und -gehalt - berechtigt (vgl. weitere Details bei Brade, 1999).

**Futteraufnahme:** Die Futteraufnahme hängt wie die übrigen Eigenschaften von genetischen und nicht-genetischen Faktoren ab. Zu den "vom Tier bedingten" Faktoren gehören die Milchleistung, die Lebendmasse sowie der Trächtigkeits- und Laktationsstatus. Als ein wichtiger nichtgenetischer Einflussfaktor muss die Grundfutterqualität genannt werden. Sie kann durch Kriterien wie Verdaulichkeit, Energiedichte, Schmackhaftigkeit und physikalische Futterstruktur charakterisiert werden.

Zwischen Lebendgewicht und Futteraufnahme besteht ein tendenziell positiver Zusammenhang. Als Faustzahl rechnet man bei ausgewachsenen, hochleistenden Milchkühen und guter Futterqualität mit einer täglichen Aufnahme an Trockensubstanz (im ersten Laktationsdrittel) von 3,2 bis 3,5 % der Körpermasse. Zu Beginn der Laktation ist die Futterenergieaufnahme im Vergleich zur -abgabe über die Milch geringer als im zweiten oder dritten Drittel der Laktation. Die Folge ist ein Energiedefizit in den ersten 8 bis 12 Wochen; erkennbar als deutliches "Abfleischen" nach der Kalbung. Nur Gewichtsverluste bis zu 6 % des Körpergewichtes können als biologisch normal erachtet werden. Eine im Verhältnis zur Milchleistung ungenügende Futteraufnahme verursacht zusätzlich Stoffwechsel- und Fruchtbarkeitsstörungen. Das zu empfehlende Selektionsziel lautet daher nicht eine absolut hohe Futteraufnahme sondern nach Gravert und Papst (1986) „eine der Milchleistung entsprechende Futteraufnahme, d.h. ein geringes Energiedefizit, insbesondere in der Laktationsspitze“.

Es ist bekannt, dass größere, schwere Kühe mehr fressen können als kleinere, leichtere. Die größere, schwere Kuh benötigt allerdings auch mehr Erhaltungsfutter (Kapitel „Fütterung“).

Es ist leicht, große und schwere Kühe zu züchten. Die zugehörigen Heritabilitäten sind generell höher als für die Milchleistung (Abb. 11). Aber nicht Körpergröße und Futteraufnahme allein bestimmen die Wirtschaftlichkeit sondern nur eine der Milchleistung angemessenen Energie-/Futteraufnahme (Gravert und Papst, 1986). Eine ungenügende Futteraufnahme, insbesondere zu Beginn der Laktation, kann durch regelmäßige Beurteilung der Körperkondition (= body condition scoring, BCS) erfasst werden. Zusätzlich kann die Höhe des tierindividuellen Energiedefizites auch über Milchinhaltsstoffe (Acetongehalt, Fett/Eiweißquotient u.a.) beurteilt werden.

**Exterieur:** Die Exterieurbeurteilung besitzt - in Verbindung mit der Erfassung von Körpermaßen - eine lange Tradition. Als Gründe können u.a. angeführt werden:

- Zuchtausschluss von Tieren mit Missbildungen/Erbfehlern;
- Sicherung der Gesundheit, speziell der Gliedmaßen und Klauen sowie des Euters (z.B. größere Verletzungsgefahr bei einem übergroßen Euter) und der Milchqualität;

- mögliche Verlängerung der Nutzungsdauer;
- arbeitswirtschaftliche Aspekte (z.B. Arbeitserleichterung - bei günstigen Euterformen - im Rahmen des Melkens);
- Einhaltung formulierter Rassenstandards und Verkaufsförderung.

Im engeren Sinn versteht man unter Exterieurbewertung ein Verfahren zur Beurteilung von ausgewählten Typ- und Eutermerkmalen nach einem definierten Notensystem. Ihre einfache und kostengünstige Durchführung, verbunden mit zum Teil relativ hohen Heritabilitäten, sind hier von Vorteil.

Die verschiedenen Rasseverbände haben spezifische Bewertungssysteme erarbeitet. Im linearen Bewertungssystem des DHV (= Deutscher Holsteinverband) werden die Exterieurmerkmale mittels einer Notenskala von 1 bis 9 (durch subjektive Bewertung zugelassener Tierbeurteiler) individuell beschrieben (Tab. 23 sowie Abb. 14).

**Tab. 23: Körpermerkmale für die (subjektive) Nachzuchtbeurteilung (DHV-Schlüssel)**

Größe	1 = klein	9 = groß
Stärke	1 = sehr schwach/schmal	9 = sehr stark und breit
Körpertiefe	1 = sehr wenig Tiefe	9 = sehr viel Tiefe
Milchcharakter	1 = sehr derb und massig	9 = sehr scharf /fein
Beckenneigung	1 = sehr stark ansteigend	9 = sehr stark abfallend
Beckenbreite	1 = sehr schmal	9 = sehr breit
Hinterbeinwinkelung	1 = sehr steil	9 = sehr gewinkelt
Klauen	1 = sehr flache Trachten	9 = sehr hohe Trachten
Sprunggelenk	1 = derb	9 = trocken
Hinterbeinstellung	1 = hackeneng	9 = parallel
Hintereuterhöhe	1 = tief /schmal	9 = hoch /breit
Zentralband	1 = schwach	9 = stark
Strichplatzierung vorn	1 = außen	9 = innen
Strichplatzierung hinten	1 = außen	9 = innen
Vordereuteraufhängung	1 = lose	9 = fest
Eutertiefe	1 = tief	9 = hoch
Strichlänge	1 = kurz	9 = lang

Seit Juli 2004 wird zusätzlich optional (beim DHV) der Rippenwinkel, der Body Condition Score (BCS) sowie der Bewegungsablauf erfasst.

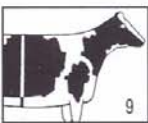
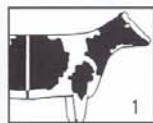
**Exterieurmerkmale • Type traits • Caractéristique d'exterieur**  
**Características de Tipo**



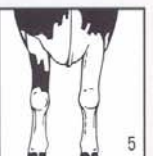
**Größe (Grö)** · Stature (Sta)  
 Grandeur · Tamaño



**Milchcharakter (MCh)** · Dairy Character (DC)  
 Caractère laitiers · Carácter lechero



**Körpertiefe (KTI)** · Body Depth (BD)  
 Profondeur du corps · Profundidad corporal



**Stärke (Stä)** · Strength (Str)  
 Vigueur · Fuerza



**Beckenneigung (BNe)** · Rump Angle (RA)  
 Inclinaison du bassin · Colocación de los isquiones



**Beckenbreite (BBr)** · Rump Width (RW)  
 Largeur du bassin · Amplitud de la grupa



**Hinterbeinwinkel (HBW)** · Rear Leg Set (RLS)  
 Angle du jarret · Patas posteriores



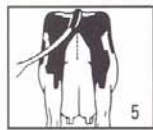
**Klauen (Kla)** · Feet (Ft)  
 Onglons · Pezuñas



**Sprungelenk (SpG)** · Hocks  
 Jarret · Corvejón



**Hinterbeinstellung (HBS)** · Rear leg set rear view  
 Position membres arrière · Posición patas posteriores



**Hintereuterhöhe (HEu)** · Rear Udder Height (RUH)  
 Hauteur du pis de derrière · Altura de la ubre trasera



**Zentralband (Zba)** · Suspensory ligament (SL)  
 Ligament central · Ligamento suspensor



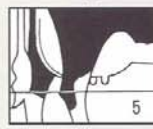
**Strichplatzierung vorne (SPv)** · Fore Teat Placement (TP)  
 Implantation des trayons devant · Colocación de pezones delanteros



**Strichplatzierung hinten (SPh)** · Rear Teat Placement (TPr)  
 Implantation des trayons arrière · Colocación de pezones traseros



**Vordereuteraufhängung (Eau)** · Fore Udder Attachment (FUA)  
 Suspension du pis de devant · Suspensión de la ubre delantera



**Eutertiefe (ETi)** · Udder Depth (UD)  
 Profondeur du pis · Profundidad de la ubre



**Strichlänge (SLä)** · Teat Length (TL)  
 Longueur des trayons · Longitud de pezones

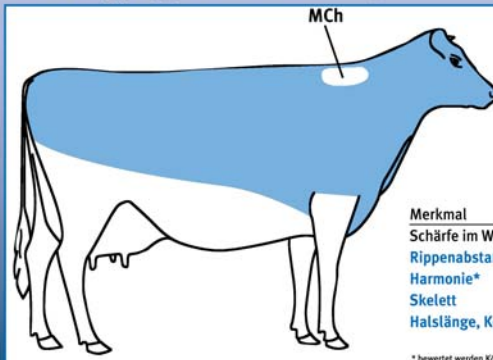
**Abb. 14: Beurteilungssystem des deutschen Holsteinverbandes (DHV)**

Aus der zusätzlichen Bewertung des Milchtyps, des Körpers, des Fundaments und des Euters resultiert eine Endnote (Abb. 15).

Diese durch Addition der gewichteten Merkmalskomplexe resultierende Endnote lässt sich am besten an einem Beispiel erläutern (DHV, Stand Jan. 2003):

Milchtyp	84 Punkte x 15 % = 12,6 Punkte
Körper	80 Punkte x 20 % = 16,0 Punkte
Fundament	78 Punkte x 25 % = 19,5 Punkte
Euter	80 Punkte x 40 % = <u>32,0 Punkte</u>
Gesamtpunktzahl (gerundet)	80 Punkte

### Milchtyp (15 % der Gesamtnote)




Merkmal	Beurteilung	
	negativ	positiv
Schärfe im Widerrist	rund	scharf
Rippenabstand	eng	weit
Harmonie*	wenig	viel
Skelett	derb	fein
Halslänge, Kopfform	kurz	lang

\* bewertet werden Körperproportionen, Übergänge, Oberlinie, Haut, Haare

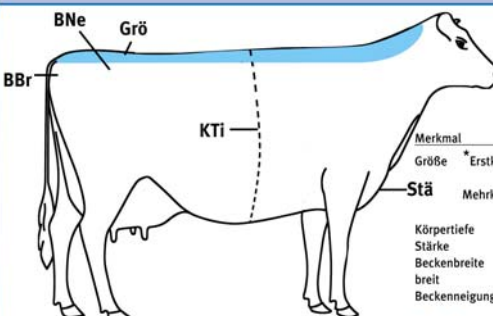
- Milchcharakter (MCh)

**Harmonie, Skelett**



---

### Körper (20 % der Gesamtnote)




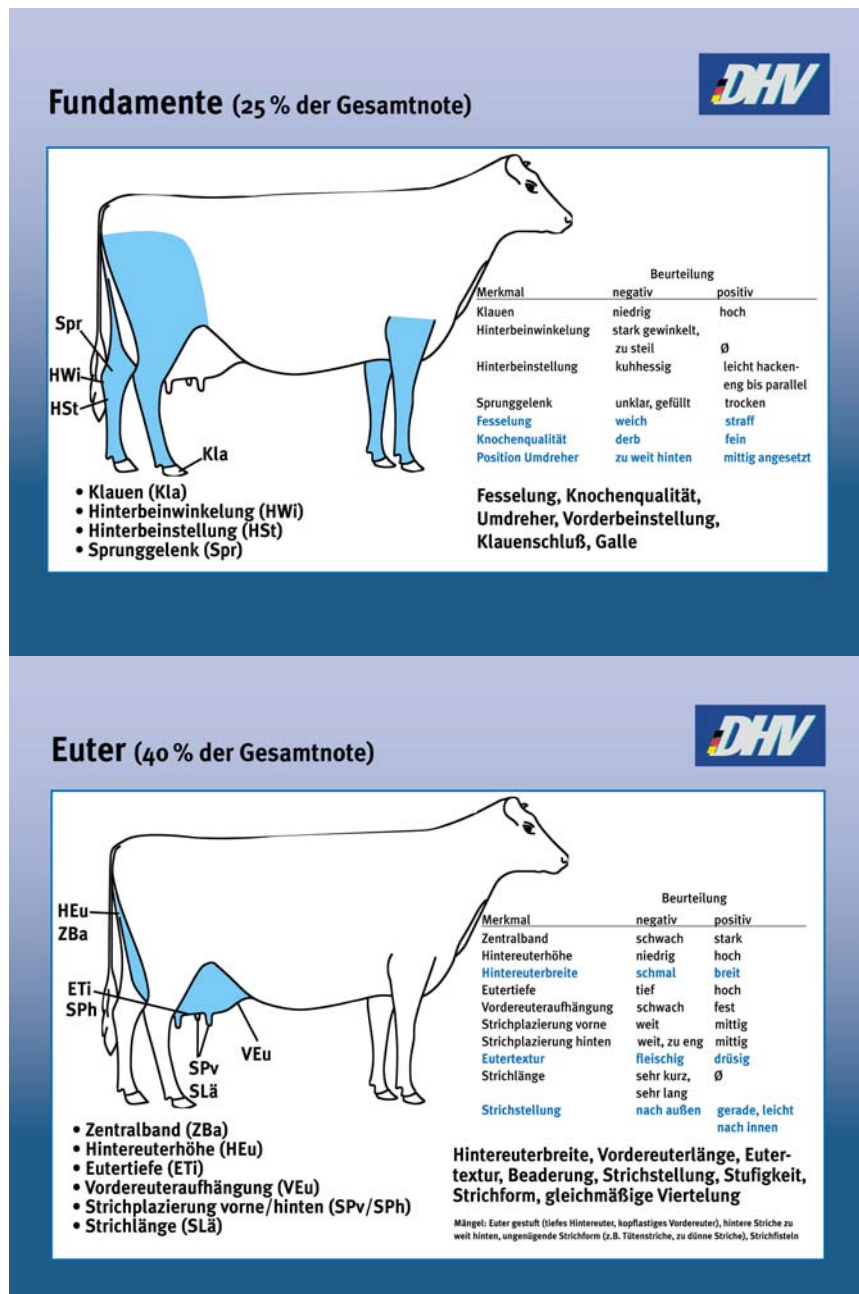
Merkmal	Beurteilung		
	negativ	positiv	
Größe	Erstkalbskühe	< 142 cm oder > 153 cm	-
	Mehrkalbskühe	< 145 cm oder > 156 cm	-
Körpertiefe	aufgezogen	tief	
Stärke	schwach	stark	
Beckenbreite	schmal	breit	
Beckenneigung	ansteigend,	leicht geneigt	
	stark abfallend		
Körperlänge	kurz	lang	
Beckenlänge	kurz	lang	

- Größe (Grö)
- Körpertiefe (KTI)
- Stärke (Stä)
- Beckenbreite (BBr)
- Beckenneigung (BNe)

**Körperlänge, Beckenlänge**

\*Im Zuchtziel wird eine durchschnittliche Größe von 145 bis 156 angestrebt. Deshalb werden für extreme Unten- und Obergrößen Abzüge vorgenommen, wobei zu kleine Kühe einen stärkeren Punktabzug erhalten als zu große Kühe. Mängel: weicher Rücken, wenig Herztiefe, weiche Niere, lose Schulter, tiefliegender Schwanzansatz





**Abb. 15: DHV-Exterieurbeurteilungsschema**

Die Punkteskala für die einzelnen Merkmalskomplexe bzw. für die Gesamtnote reicht von 65 bis 99 Punkte. Für die Punkteskala gilt folgende Bewertung (Vorgaben des DHV):

- ab 90 Punkte: exzellent
- 85-89 Punkte: sehr gut
- 80-84 Punkte: gut
- 75-79 Punkte: befriedigend
- 70-74 Punkte: ausreichend
- 65-69 Punkte: mangelhaft.

Die Beurteilung der Töchter von Besamungsbullen bildet die Grundlage der Zuchtwerte für Merkmale des Exterieurs. Sie werden in der Regel standardisiert und bei einem Mittelwert von 100 in Balkendiagrammen dargestellt. Der interessierte Landwirt kann so die Vorzüge und Schwächen des Bullen erkennen und ihn dann sehr gezielt in seiner Herde einsetzen.



**Lahmheiten:** Klauenerkrankungen sind eine wesentliche Abgangsursache in den Milchrinderbestände; verbunden mit einer Abnahme der Futteraufnahme und Milchleistung. Sprecher et al. (1997) haben ein System zur Früherkennung bzw. Bewertung (Schweregrad) von Klauenerkrankungen entwickelt.

Ähnlich wie bei der Konditionsbeurteilung (BCS) erhält jedes Tier eine Lahmheitsnote. Das Beurteilungsschema umfasst fünf Kategorien (Tab. 24).

**Tab. 24: Bewertungsschema Lahmheiten**

Note	Bewertung	Rückenlinie	Bemerkung
1	normal	gerade	Kuh steht und läuft mit geradem Rücken
2	leicht lahm	leicht gekrümmt	Rücken im Stand noch gerade, beim Laufen leicht gekrümmt
3	mäßig lahm	gekrümmt	Rücken im Stehen und Laufen gekrümmt, Kuh macht kurze Schritte
4	lahm	gekrümmt	Rücken im Stehen und Laufen gekrümmt, Kuh belastet einzelne Beine kaum, steifer Gang
5	schwer lahm	stark gekrümmt	Rücken im Stehen und Laufen stark gewölbt, Kuh läuft mit großer Anstrengung, versucht einzelne Beine nicht zu belasten

Quelle: Sprecher et al. (1997)

Mit Hilfe dieses Bewertungsschlüssels kann die Klauengesundheit einer Milchviehherde beurteilt und frühzeitig pflegebedürftige Tiere erkannt werden.

**Nutzungsdauer:** *Wie alt kann maximal eine Milchkuh werden?*: Die Antwort lautet: 35 bis 40 Jahre. Ein Alter von 39 Jahren wurde nachweislich von einer Milchkuh, die interessanterweise eine Kreuzungskuh Jersey x Holstein war, in Wisconsin (USA) erreicht.

Die Nutzungsdauer ist das Zeitintervall zwischen Erstabkalbung und Abgang. Sie ist häufig von der Milchleistung abhängig, die eine Kuh zum möglichen Selektionsentscheid realisiert. So werden Kühe mit schlechter Leistung früher gemerzt; der Landwirt betreut generell Kühe mit hoher Milchleistung intensiver. Für die Selektion ist es deshalb notwendig, die Nutzungsdauer unabhängig von der aktuellen Leistung zu bewerten.

Leider ist die Erblichkeit der Nutzungsdauer niedrig ( $h^2 \sim 8\%$ ). Milchkuhhalter haben durch Optimierung des Kuhkomforts, der Fütterung und durch intensive Melkarbeit einschl. Fruchtbarkeitskontrolle die durchschnittliche Lebensleistung ihrer Kühe somit vorrangig selbst in der Hand. Aus züchterischer Sicht besteht darüber hinaus das Problem, dass die direkte Merkmalerfassung erst zu einem relativ späten Zeitpunkt möglich wird. Bevor die Nutzungsdauer aller Töchter (aus dem Prüfeinsatz) eines Bullen bekannt ist, ist der Bulle weit über 10 Jahre alt und damit kaum mehr züchterisch von Interesse.

Erinnert man sich daran, dass die Hauptabgangsgründe in der Milchrinderhaltung Unfruchtbarkeit, Probleme in der Eutergesundheit einschl. Eutermängel sowie Fundamentschwächen sind, liegt es nahe, solche Merkmale zusätzlich zu nutzen, die deutliche Beziehungen zur Langlebigkeit aufweisen (= funktionelle Merkmale). Hier erfahren die Zellzahl oder die Euteraufhängung als Vorinformation über die zu erwartende Nutzungsdauer eine gebührende Beachtung. Auch gibt es Hinweise, dass kleinere Holstein-Kühe tendenziell eine längere Nutzungsdauer als ihre großrahmigen Herdengefährtinnen aufweisen. Anscheinend kommen viele Milchkuhhalter mit den höheren Ansprüchen großrahmiger HF-Kühe nicht gut zurecht.

Eine hohe Nutzungsdauer ist jedoch nicht in jedem Fall nur positiv zu bewerten. So ist es aus einzelbetrieblicher Sicht oftmals empfehlenswert, eine ältere Kuh mit geringer Leistungsveranlagung bei Zeiten durch eine Färse mit höherer genetischer Veranlagung zu ersetzen. Zuchtfortschritt ist nur zu erzielen, wenn eine ausreichende Remontierung stattfindet.

**Merkmale der Gesundheit:** Moderne Zuchtprogramme berücksichtigen Merkmale der Tiergesundheit. Als Gründe sind zu nennen:

- die direkte Verbesserung der Gesundheit ermöglicht eine Kostenreduzierung und bietet die Möglichkeit der Verlängerung der Nutzungsdauer der Milchkühe;
- Sicherung einer permanent hohen Produktqualität (z. B. höhere Gefahr von Antibiotikarückständen mit Zunahme notwendiger Mastitisbehandlungen);
- Verbesserung der Tiergesundheit ist Tierschutz.

**Erbfehler:** Erbfehler sind genetisch bedingte Abweichungen von der Norm in Körperbau oder Körperfunktion mit nachteiliger Wirkung auf die Lebensfähigkeit bzw. das Leistungsvermögen. Sie beeinträchtigen die Tiergesundheit und reduzieren die Wirtschaftlichkeit der Tierhaltung.

Da Erbkrankheiten nicht therapierbar sind, erfordert ihre Einschränkung tierzüchterische Beachtung. Die Häufigkeit genetisch bedingter krankhafter Störungen kann mit 0,2 bis 0,5 % der geborenen Kälber angegeben werden.

In der praktischen Züchtung werden z. Z. folgende Erbkrankheiten diskutiert:

**BLAD** (= bovine Leukozyten-Adhäsions-Defizienz) - Krankheitsursache ist eine Punktmutation im CD 18-Gen, das zu einer Herabsetzung der Immunabwehr führt (einfach autosomal rezessiver Erbgang vor allem bei Holsteins vorkommend).

**CVM** (= Complex Vertebral Malformation) ist ein autosomal rezessiver Gendefekt (vor allem bei Holsteins). Kennzeichnend sind Missbildungen im Bereich der Wirbelsäule, verkrümmte Gelenke sowie ein verringertes Geburtsgewicht. Betroffene Kälber werden meistens tot geboren. Oftmals führt der Gendefekt zu einer Verkabung bereits im ersten und zweiten Trächtigkeitsmonat.

**DUMPS** (= Deficiency of Uridine-Mono-Phosphat Synthetase) - rezessiv erbliche Enzymopathie mit Synthesestörung im Pyrimidin-Stoffwechsel, wodurch ein embryonaler Frühtod nach dem 40. Trächtigkeitstag eintritt.

**Arachnomelie** (Spinnengliedrigkeit) - Abnormität der Gliedmaßen (äußerst dünne, überlange Röhrenknochen), verlängerter Ober- oder verkürzter Unterkiefer. Ein monogen bedingter autosomal-rezessiver Erbgang mit deutlichen Störungen bei der Geburt (vor allem beim Brown-Swiss).

**MF** (Mulefoot, Syndaktylie) autosomal rezessiver Erbgang, der das Vorhandensein nur einer Klaue an einer bzw. mehreren Extremitäten bewirkt.

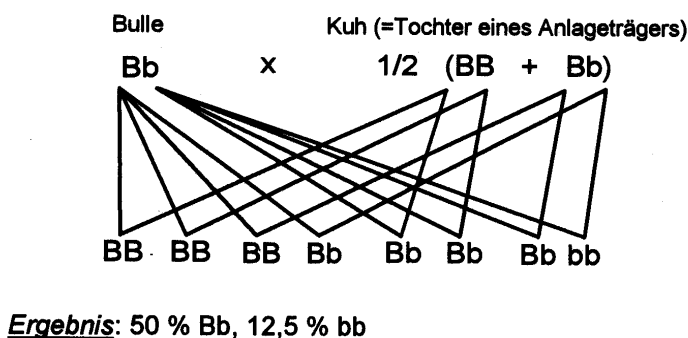
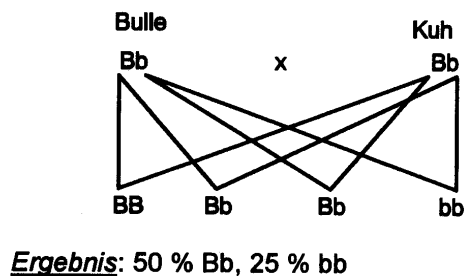
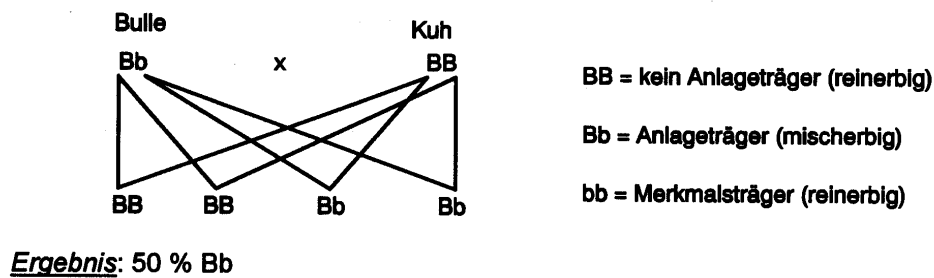
**DF** (Dwarfismus, Zwergwuchs)

**hereditäre Hernia umbilicalis** (erblich bedingter Nabelbruch), wahrscheinlich polygenbedingter Erbfehler

**spastische Parese** polygen bedingte Erbkrankheit, die sich als ein- oder beidseitige unvollständige Lähmung der Nachhand zeigt. In Abhängigkeit vom Zeitpunkt der Manifestation Frühparese (Kälber) bzw. Spätparese (adulte Rinder). Das Hauptkennzeichen ist ein kurzer, straffgespannter Fersensehnenstrang mit Steilstellung eines oder beider Sprunggelenke (Achillessehnenverkürzung, Stuhlbeinigkeits).

Bei Vorliegen eines monogen bedingten autosomal-rezessiven Erbfehlers (Autosomen: alle Chromosomen mit Ausnahme des X- und Y- Chromosoms)) sind reinerbig gesunde Tiere, mischerbige Anlageträger (=unauffällig) und Merkmalsträger vorhanden (Abb. 16).

Die Verpaarung von zwei mischerbigen Anlageträger (Bb mal Bb) führt mit einer Wahrscheinlichkeit von einem Viertel zum Auftreten solcher Tiere (bb), die die Erbkrankheit manifestieren (= Merkmalsträger).



**Abb. 16: Vererbungsschema für einen monogen rezessiven Erbfaktor**

Die Anpaarung eines reinerbig gesunden Tieres (BB) an einen Merkmalsträger (Bb) stellt sicher, dass kein Nachkomme an dem Erbfehler leiden muss. Der Erbfehler ist aber in der Nachkommenschaft weiter zu finden!

**Eutergesundheit:** Mastitiden gehören zu den bedeutendsten Abgangsursachen. Der Zellgehalt des Einzelmelkes wird bereits seit längerem in der Zuchtpraxis berücksichtigt. Die Zellzahl ist ein umfassender, aber wenig präziser Parameter bezüglich der Eutergesundheit. Ein konsequenterer züchterischer Ansatz schließt die Nutzung erkrankungsbezogener Daten (wie es in Skandinavien seit einigen Jahren mit Erfolg praktiziert wird) mit ein. Weitere Kenngrößen mit hoher Erblichkeit und gleichzeitigem Einfluss auf die Eutergesundheit sind die Zitzenlänge/Zitzenform, die Form der Zitzenkanalöffnung, die Weite/Länge des Zitzenkanals,

die Melkbarkeit oder die Zitzenplatzierung vor allem am Voreuter. Vatertiere mit einem eindeutig negativen Zuchtwert für Eutergesundheit sind zu merzen. Die größten Erfolge in der Mastitisbekämpfung sind jedoch, wie die Heritabilitäten für Zellzahl oder Mastitishäufigkeit erkennen lassen, durch eine Optimierung des Managements auf Betriebsebene zu erreichen.

Fruchtbarkeitsmerkmale/ Stoffwechselkrankheiten: Die Fruchtbarkeit ist ein außerordentlich komplexes Merkmal. Aus genetisch-züchterischer Sicht sind drei differenzierte Komponenten gleichzeitig wirksam:

- ein *paternaler* Effekt (z. B. Spermaquantität und -qualität)
- ein *maternaler* Effekt (z. B. Bildung befruchtungsfähiger Eier, Eileiter- und Uterusmilieu)
- ein *filialer* Effekt (z. B. Lebensfähigkeit des Embryos).

Unter den Bedingungen der Besamungszucht ist eine Vielzahl von Fruchtbarkeitsparametern in Auswertung (z.B. der Besamungsindex, die Non-Return-Rate).

Zur Beschreibung der filialen Komponente dienen die Häufigkeit von Aborten bzw. (soweit erfassbar) die prozentuale embryonale Sterblichkeit. Die generell niedrigen Erblichkeitsgrade für Fruchtbarkeitsmerkmale zeigen, dass der Komplex der Herdenfruchtbarkeit wiederum vor allem der Milchkuhalter selbst durch seine tägliche Arbeit bestimmt.

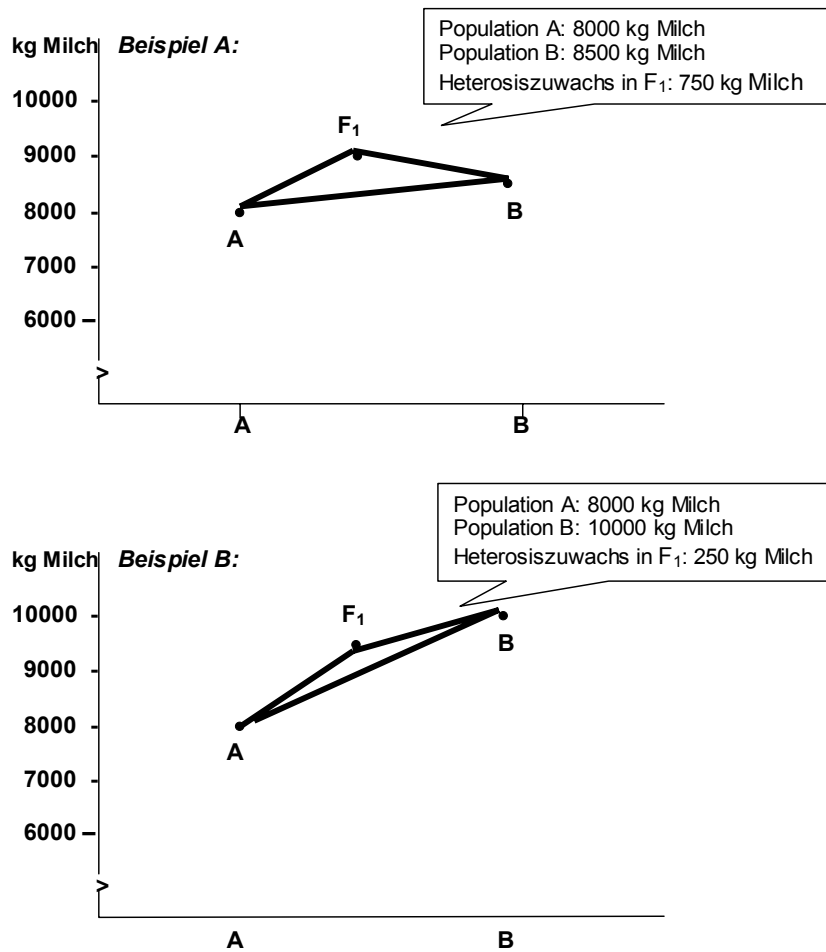
Erkrankungen, vor allem des Stoffwechsels, sind demgegenüber in der Regel genetisch einfacher zu erfassen als die Fruchtbarkeit, da diese nur von der genetischen Veranlagung des auszuwertenden Tieres selbst abhängen. Detaillierte Untersuchungen belegen eine genetisch-züchterisch nutzbare Variabilität auch für bestimmte Stoffwechselkrankheiten (Lyons et al., 1991, u. a. m.).

### 3.5.3 Rassenkreuzungen

Während Gebrauchskreuzungen zur systematischen Erzeugung von Mastrindern (Beispiel: Charolais x Holstein) schon seit langem etabliert sind, werden zunehmend auch Rassenkreuzungen zur Erzeugung von „problemloseren“ Milchkühen praktiziert. Nachfolgend werden wichtige genetischen Grundlagen von Kreuzungen aufgezeigt. Auch sollen immer wieder zu lesende falsche Aussagen (z.B. „Heterosis ist nur in einer F<sub>1</sub>-Generation vorhanden“; „F<sub>1</sub>-Tiere sind als „Endprodukte“ anzusehen“) korrigiert werden.

Kreuzung setzt Reinzucht voraus: Die Züchtung innerhalb einer Rasse wird als Reinzucht bezeichnet. Sie wird seitens der deutschen Rinderherdbuchorganisationen oftmals immer noch als einzige akzeptable Zuchtmethod anerkannt. Bei anderen Tierarten (z.B. Schwein) haben sich längst Methoden zur zusätzlichen Nutzung von Kreuzungseffekten etabliert. So sind F<sub>1</sub>-Sauen deutlich vitaler und fruchtbarer als Reinzuchtsauen. Allerdings bietet das Rind mit seiner begrenzten Vermehrungsrate im weiblichen Geschlecht und dem langen Generationsintervall weniger günstige Voraussetzungen für Kreuzungsprogramme als andere Tierarten.

Rassendifferenz und Heterosis: Die systematische Umverteilung der Genotypen nach Kreuzung bewirkt in der F<sub>1</sub>-Generation einen so genannten Heterosiszuwachs ( $h^1$ ) in Abhängigkeit von den Genfrequenzen in den beiden Ausgangspopulationen sowie der Bedeutung von Dominanz und Epistasie (= intra- und intergenische Wechselwirkungen) für das jeweils betreffende Merkmal. Dominanz und Epistasie werden zusammenfassend auch als nicht additive Genwirkungen bezeichnet. Soweit der beobachtete Heterosiseffekt ausschließlich auf Dominanz beruht, bleibt die Hälfte dieses Heterosiszuwachses ( $h^1$ ) in den folgenden Generationen erhalten. Der Heterosiszuwachs ( $h^1$ ) kann wie folgt definiert werden:  $h^1 = F_1 - (P_1 + P_2)/2$ , wenn mit F<sub>1</sub> bzw. P<sub>1</sub> und P<sub>2</sub> das Mittel der ersten Kreuzungsgeneration bzw. der beiden Elternpopulationen bezeichnet wird. Zwei Beispiele sind nachfolgend dargestellt (Abb. 17): Im Beispiel A ist die F<sub>1</sub>-Generation den beiden Ausgangspopulationen überlegen. Im Beispiel B erreicht die F<sub>1</sub>-Generation nicht das Niveau der besseren Elternpopulation.



**Abb. 17: Leistung der F<sub>1</sub>-Generation unter verschiedenen Bedingungen**

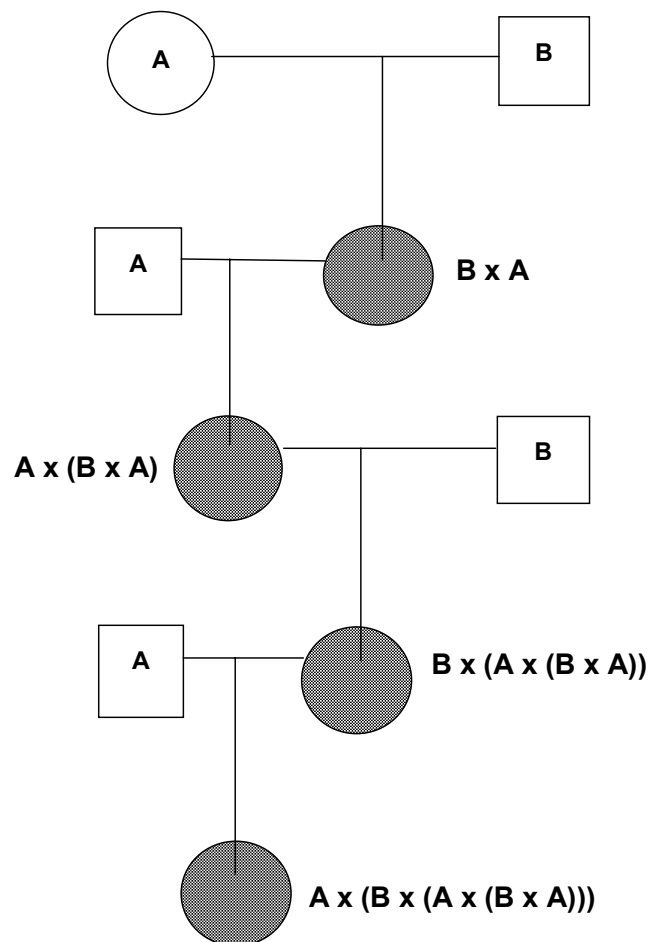
Zu erwähnen bleibt: Bei fehlender Dominanz bzw. Epistasie gibt es keine Heterosis; d.h. die F<sub>1</sub>-Generation repräsentiert dann das Mittel der beiden Ausgangspopulationen. Kreuzungsverfahren können wie folgt gegliedert werden:

- Kreuzungsverfahren mit vorrangiger Nutzung additiver Genwirkungen
- Kreuzungsverfahren mit kontinuierlicher Nutzung nicht additiver Genwirkungen.

Kreuzungsverfahren mit vorrangiger Nutzung additiver Genwirkungen sind in Form der Veredlungs- oder Verdrängungskreuzung bekannt.

Ein bekanntes Beispiel für eine Verdrängungskreuzung ist die „Holsteinisierung“ des (alten) deutschen Schwarzbuntrindes. Kreuzungsverfahren mit kontinuierlicher Nutzung nicht additiver Genwirkungen sind in verschiedenen Formen bekannt (Brade, 2002).

Bei den so genannten Rotationskreuzungen werden beispielsweise die weiblichen Tiere zur Weiterzucht verwendet (Abb. 18).



**Abb. 18: Kontinuierliche Kreuzungen mit zwei Rassen (A, B)**

Die wechselnde Anpaarung verschiedener Vaterrassen führt zu einer variierenden genotypischen Zusammensetzung der Kreuzungspopulation. Auch ist die vollständige Nutzung des Heterosiszuwachses nicht möglich.

In der Tabelle 25 sind einige Heterosiswerte ( $h^1$ ) bei verschiedenen Rassenkreuzungen zusammengestellt.

**Tab. 25: Heterosis ( $h^1$  %)<sup>1</sup> für Milchleistungsmerkmale nach Rassenkreuzung**

Institut/ Region	Literatur	Tierzahl	relativer Heterosiszuwachs $h^1$ in %			Rasse
			Milch-kg	Fett-kg	Eiweiß-kg	
München	Graml u. a. (1984, gekürzt)	145	3,4	5,7		FV, Pin
München	Distl u. a. (1990)	25793	1,0			FV, GV
Hamilton (Neuseeland)	Ahlborn-Breier et al. (1991)	42554	6,1	7,2		NF, J
östl. Bundes- länder	Brade (1992)	> 100000	5,9	7,5	6,8	J, F

Anmerkung: J = Jersey; F = europäische Friesian (Schwarzbunte); NF = Neuseeländische Friesian, FV = Fleckvieh; GV = Gelbvieh, Pin = Pinzgauer; Quelle: Brade (2002)

Diese Ergebnisse belegen, dass für Milchleistungs- oder Fruchtbarkeitsmerkmale sowie für die Lebensleistung Heterosiseffekte vorliegen.

Zu erwähnen bleibt, dass neuseeländische Milcherzeuger seit vielen Jahren eine Rotationskreuzung zwischen Jerseys und Friesians praktizieren.

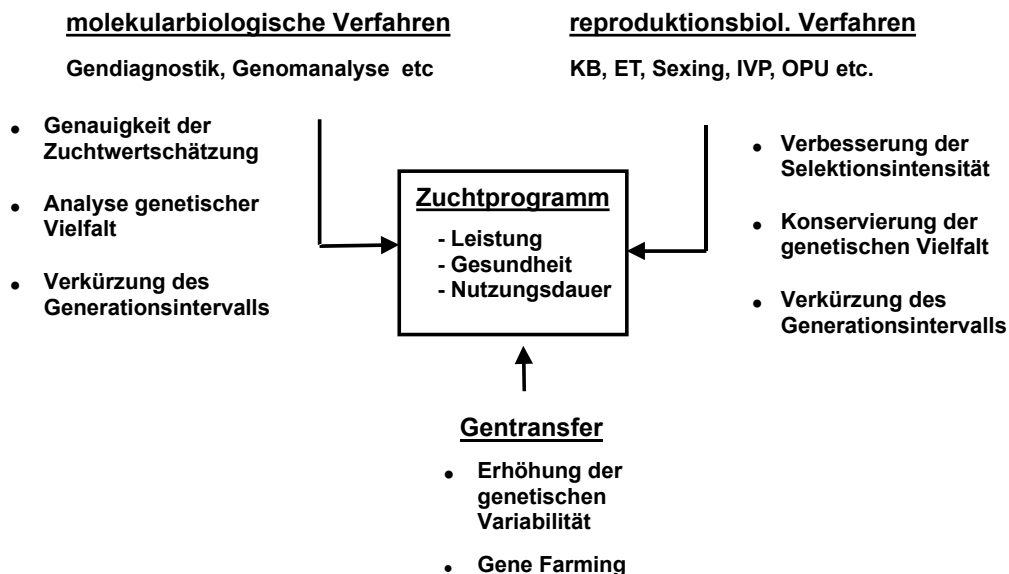
Aus den USA wird berichtet, dass beispielsweise die Kreuzung Jersey x Holstein eine signifikant längere Nutzungsdauer als die reinrassigen Holsteinkühe hat.

Auswirkungen auf Zuchtprogramme/Ausblick: Fragt man nach der künftigen Bedeutung von systematischen Rassenkreuzungen, so ist eine weitere Zunahme nicht auszuschließen. Entscheidend wird sein, inwieweit es den Züchtern der spezialisierten Milchrinderrassen (z. B. Holstein) bzw. des Fleckviehs gelingt, neben der genetisch-züchterischen Erhöhung der Milchleistungsveranlagung gleichzeitig die Gesundheit und Fruchtbarkeit sowie die Nutzungsdauer – konkurrenzfähig gegenüber möglichen Kreuzungen – durch Selektion innerhalb der betreffenden Rasse zu verbessern.

Die Zuchtziele und Züchterfolge in den Reinzuchtpopulationen werden letztlich darüber entscheiden, inwieweit systematische Rassenkreuzungen in der künftigen Milcherzeugung dominieren. Prinzipiell gilt: Der Milchkuhhalter sollte diejenige Rasse/Rassenkombination nutzen mit der er unter seinen Bedingungen am besten zu Recht kommt. Die Bedingungen sind nicht einheitlich sondern vielfältig!

### 3.6 Nutzung moderner Biotechniken

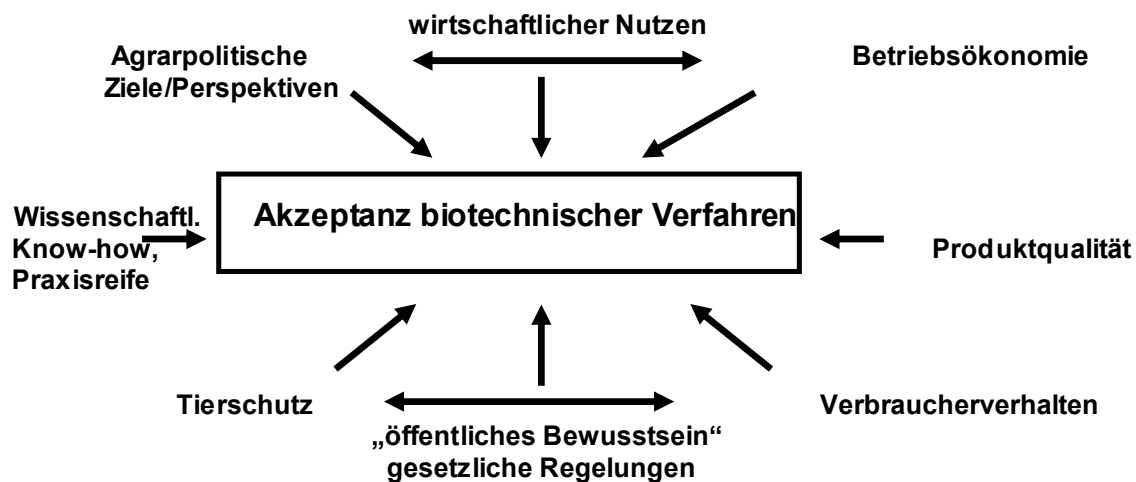
Biotechnologische Verfahren bei Milchrindern lassen sich aus methodischer Sicht nach molekulargenetischen und reproduktionsbiologischen Verfahren zusammenfassen (Abb. 16):



**Abb. 19: Bedeutung der Bio- und Gentechnik in der Tierzucht**

Molekularbiologische Verfahren, die notwendigerweise ein molekulargenetisches Labor voraussetzen, dienen beispielsweise der Diagnostik von Erbfehlern auf DNA-Ebene, der Identitätssicherung (Abstammungskontrolle) bzw. der Genomanalyse.

Zu den reproduktionsbiologischen Verfahren, die z. T. im Züchterstall erfolgen, zählen: die künstliche Besamung (KB), der Embryotransfer (ET), das Sexing, die In-vitro-Produktion von Embryonen (IVP) oder die Klonierung. Die Akzeptanz der verschiedenen Biotechniken ist von einer Vielzahl gleichzeitig wirkender Einflussfaktoren abhängig (Abb. 20).



**Abb. 20: Einflussfaktoren auf die Akzeptanz biotechnischer Verfahren**

Der Einsatz moderner Biotechniken beschleunigt über verschiedene Faktoren (Selektionsintensität, verbesserte Genauigkeit der Zuchtwertschätzung, Verkürzung des Generationsintervalls etc.) den möglichen Zuchtfortschritt.

Allerdings sind moderne Zuchtprogramme heute nicht mehr einseitig auf Milchleistung orientiert, sondern sehr komplex und vielgestaltig. Mit anderen Worten: Alle einseitig orientierten Zuchtziele mit Reduzierung der Tiergesundheit sind abzulehnen.

Die Gentechnologie ermöglicht es, einzelne Gene zu isolieren, zu analysieren bzw. zu verändern. Unter einer Gendiagnose soll nachfolgend die Untersuchung einer Eigenschaft auf der DNA-Stufe verstanden werden. In der Tierzucht bieten sich vielfältige Nutzungsmöglichkeiten an:

- direkte Erfassung qualitäts- und quantitätsbeeinflussender Gene (z. B. k-Kaseinvarianten etc.)
- Erfassung von Erbfehlern z. B. Bovine Leukozyten Adhäsions Defizienz (BLAD), Complex Vertebral Malformation (CVM) bei Holsteins
- Geschlechtsdiagnose z.B. Geschlechtsdiagnose von Embryonen
- „Markerassisted“ Selektion (MAS) z. B. Erfassung genetischer Marker für QTLs
- Identitätssicherung/Abstammungskontrolle z. B. DNA-Fingerprinting
- Erfassung von Farbgenorten (z.B. Rotfaktor in der Holstein-Zucht) bzw. der Hornlosigkeit (Polled-Gen) vor allem zur Erkennung heterozygoter hornloser Tiere
- Bewertung genetischer Distanzen zwischen Rassen oder Tiergruppen/ Beurteilung der Erhaltungswürdigkeit von Rassen oder Tiergruppen

Künstliche Besamung und Spermasexing: Die KB wurde Ende der 40er Jahre zunächst aus tiermedizinischen Gründen eingeführt, um die Infektionskette von Geschlechtskrankheiten zu unterbrechen. Die zusätzlichen züchterischen Vorteile wurden schnell offensichtlich (bessere Auslastung überlegener Vatertiere, schnellere und genauere Zuchtwertschätzung). Ein weiterer Fortschritt wurde Ende der 50er/Anfang der 60er Jahre erzielt, als es gelang, Sperma tiefzugefrieren und international auszutauschen. In der Milchrinderzucht werden heute mehr als 90 % aller Kühe besamt. Aus einem Bullenejakulat lassen sich durchschnittlich etwa 250 bis 800 tiefgefriertaugliche Besamungsportionen herstellen. Von einzelnen Vatertieren sind über 1 Million Spermportionen weltweit eingesetzt worden.

Der Erfolg einer Besamung erfordert ein zeitlich richtiges Zusammentreffen („Timing“) von Samenzellen und Eizellen im Eileiter des weiblichen Tieres. Bei zu früher (= zu Beginn der



Brunst) oder zu später Besamung (nach Abklingen der äußeren Brunst) sind die Trächtigkeitsaussichten deutlich schlechter.

**Tab. 26: Kennzahlen zur Reproduktion des Rindes**

Kenngröße	Orientierungswert
- Alter bei Geschlechtsreife (Pubertät)	320 bis 400 Tage (Rassenunterschiede)
- Lebendmasse bei Geschlechtsreife	240 bis 300 kg (Rassenunterschiede)
- Brunst-(=Östrus)zyklus	21 Tage (Variation: 19 bis 24 Tage)
- Dauer der Brunst (Vor- und Hauptbrunst)	18 h (Variation: 6 bis 26 h)
- Häufigkeit von Zwillingsgeburten	0,3 bis 4,5 % (Rassenunterschiede)
- Trächtigkeitsdauer	270 bis 290 Tage (Rassenunterschiede)
- Geburtsgewichte (in % des Muttergewichtes)	7,5 bis 8,0 % (1. Kalb) 6,5 bis 7,5 % (2. Kalb) (männliche Kälber schwerer als weibliche)

Die Brunstintervalle betragen bei Kühen im Mittel 21 Tage (Tab. 26). Jungrinder weisen in der Regel etwas kürzere Zyklen als Kühe auf. Eine intensive Brunstbeobachtung ist notwendige Voraussetzung für hohe Trächtigkeitsergebnisse auf Betriebsebene.

Generell zu empfehlen ist, Milchkühe erst etwa 60 bis 80 Tage nach dem Abkalben erstmalig zu besamen. Bei Kühen mit geringerer Milchleistung kann (nach vorheriger Untersuchung auf Besamungstauglichkeit) schon eher besamt werden. Frühzeitiges Belegen der Kühe ist somit keine Maßnahme, um mangelhafte Zwischenkalbezeiten in Problembetrieben „in der Griff zu bekommen“. Der optimale Besamungszeitpunkt (innerhalb der Brunst) liegt gegen Ende der äußeren Brunst vor, da hier die besten Aussichten für eine Trächtigkeit bestehen. Rinder sind nur bei Vorhandensein von klarem viskösen Brunstscheid zu besamen. Ist der Brunstscheid trüb oder mit Eiterflöckchen versetzt (leichter Genitalkatarrh), ist eine Gebärmutterbehandlung erforderlich (Lotthammer u.a., 1994). Neueste Ergebnisse belegen, dass sich die Dauer der Hauptbrunst mit zunehmender Milchleistung reduziert; damit wird das Erkennen brünstiger Tiere schwieriger (Tab. 27). Die abnehmende Brunstdauer mit zunehmender Milchleistung wird wahrscheinlich mit durch eine abnehmende Östradiol-Konzentration bei Hochleistungskühen mit verursacht (Tab. 28).

**Tab. 27: Dauer der Hauptbrunst bei Milchkühen mit unterschiedlicher Milchleistung (Holstein)**

Kenngrößen	weniger leistende Milchkühe (Grenzwerte)	hochleistende Milchkühe (Grenzwerte)
mittl. Milchleistung (kg/Tag) <sup>*)</sup>	33,5 ± 0,3 (20,1 - 39,2)	46,4 ± 0,4 (39,5 - 59,3)
Dauer der Hauptbrunst (h) <sup>**)</sup>	10,9 ± 0,7 (0,4 - 25,7)	6,2 ± 0,5 (0,4 - 26,5)

Anm.: <sup>\*)</sup> mittlere Milchleistung, erfasst über 10 Tage vor der Brunst; <sup>\*\*)</sup> Zeitdauer von Beginn bis Ende des „Stehens“ im Rahmen der Brunst; Quelle: Lopez et al. (2004)

**Tab. 28: Korrelationen zwischen Milchleistung, Hauptbrunstdauer, Östradiol-Konzentration sowie Follikelgröße (P = Signifikanztest)**

Kenngröße	Milch (kg/Tag) <sup>*)</sup>	Brunstdauer (h)	Östradiol (pg/ml)
Brunstdauer	- 0,51 (P < 0,0001)		
Östradiol (pg/ml)	- 0,57 (P < 0,0001)	0,57 (P < 0,0001)	

Anm.: <sup>\*)</sup> mittlere Milchleistung, erfasst über 10 Tage vor der Brunst; Quelle: Lopez et al. (2004)

**Tab. 29: Brunstphasen mit inneren und äußeren Anzeichen**

Phase	äußere Brunstzeichen	innere Brunstzeichen
<b>Vorbrunst</b>	Unruhe, Anschwellen der Schamlippen, Abgang von klumpigem Schleim, Aufspringen auf andere Kühe, stärkere Durchblutung der Scheidenvorhofschleimhaut (leichte Rötung und Feuchtigkeit beim Öffnen der Schamlippen)	pralle Eibläse, beginnende Kontraktionsbereitschaft der Gebärmutter, beginnende Öffnung des Muttermundes, feuchte und leicht gerötete Scheidenschleimhaut
<b>Hauptbrunst</b>	Brüllen, stärkere Unruhe, Kontaktsuche, Duldung des Aufspringens anderer Kühe (die Kuh „steht“), Abgang von glasklarem, fadenziehendem Brunstschleim; z. T. Rückgang der Milchleistung	reife Eibläse, Kontraktionsbereitschaft der Gebärmutter, Öffnung des Muttermundes, Bildung von Brunstschleim im Gebärmutterhals, Ansammlung des Brunstschleimes in der Scheide, Drüsenwachstum in der Gebärmutter Schleimhaut
<b>Nachbrunst</b>	Abklingen der äußeren Brunstzeichen, die Kuh „steht“ nicht mehr, Haut der Schamlippen ist wieder gefältelt, abgehender Schleim wird dünnflüssiger, Abbluten am Ende der Nachbrunst	Eibläsensprung, Verminderung der Schleimproduktion, noch geringe Öffnung des Muttermundes, nachlassende Kontraktionsbereitschaft der Gebärmutter, blutiger Schleim (Abbluten) in der Scheide

Quelle: Lotthammer und Wittkowski (1994, verändert)

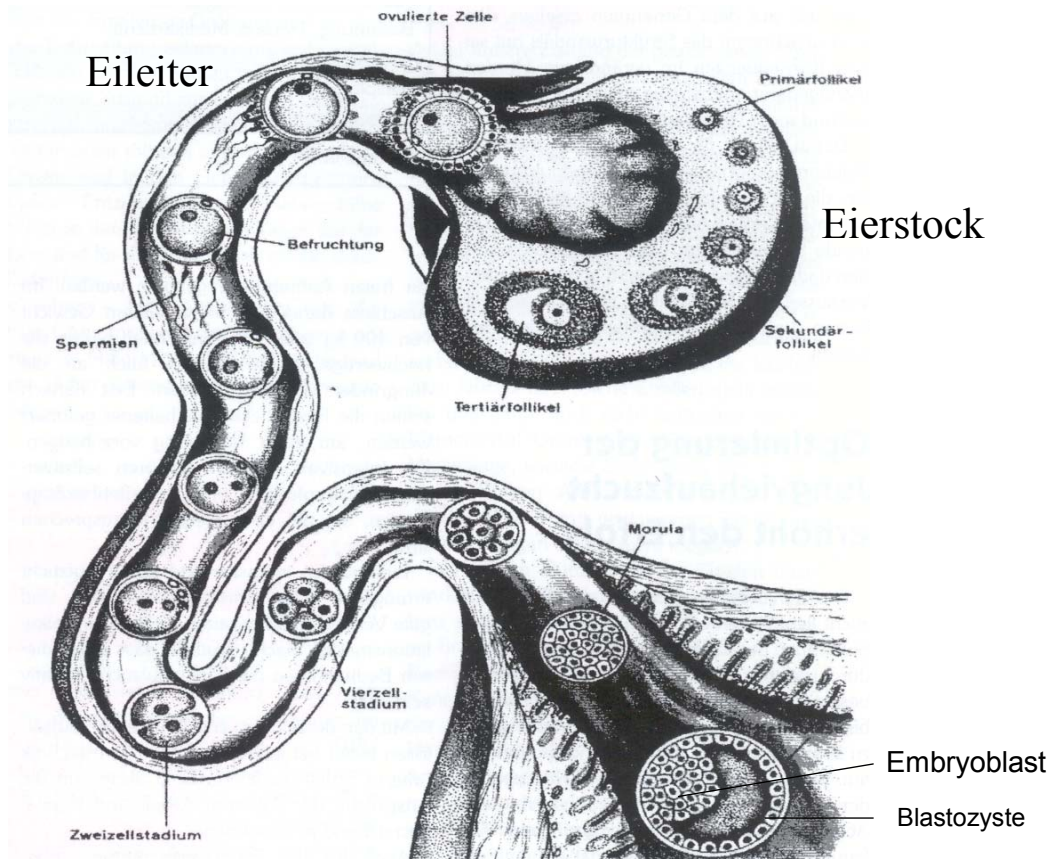
Weitere Fortschritte bei der Trennung von X- und Y-Chromosomen-tragenden Spermien haben zwischenzeitlich Methoden verfügbar gemacht (z. B. „Beltsville Sperm Sexing Technology“), um das Geschlecht vorzubestimmen.

Rinderspermien unterscheiden sich darin, dass das X-Spermium etwa 3,8 % mehr DNA enthält als das Y-Chromosom tragende Spermium. Der individuelle Spermien-DNA-Gehalt kann bestimmt und zur Geschlechtsdifferenzierung mittels eines Durchflusszytometers genutzt werden. Mit Hochgeschwindigkeits-Flowzytometern und spezieller Software für die Sortierung von Spermien können pro Sekunde bis zu 30000 Samenzellen identifiziert und hiervon rund 20 % sicher auf ihren chromosomalen Gehalt überprüft und bei hoher Trenngenaugigkeit (über 90 %) sortiert werden (Rath, 2002). Damit stehen pro Stunde 20 bis 25 Mio. "gesexte" Spermien für die Besamung zur Verfügung.

Sollten sich die zur Zeit noch bestehenden patentrechtlichen Fragen klären lassen und die Sortiergeschwindigkeiten weiter erhöht werden, darf erwartet werden, dass diese Technik die zentrale Stellung der KB in aktuellen Zuchtprogrammen weiter stärkt (Zunahme der Selektionsschärfe in der Kuhbestandsreproduktion auf Betriebsebene, weitere Ausdehnung von Rassenkreuzungen etc.). Gleichzeitig könnte die Verfügbarkeit genetisch überlegener weiblicher Kälber verbessert werden. Gesextes Bullensperma lässt sich tiefgefrieren und ähnlich für die Besamung einsetzen, wie normales Bullensperma, das nicht gesext wurde. Aktuelle Studien zufolge sind die Non-Return-Raten bei Einsatz von gesextem Sperma gegenüber normalen Besamungen zurzeit noch deutlich geringer. Erste Besamungsstationen bieten gesextes Sperma in Europa zum Kauf an; allerdings sind die aktuellen Preise noch sehr hoch. Die Entwicklung wird aber auch hier nicht stehen bleiben, denn die ökonomischen Vorteile liegen auf der Hand: Gezielte Erzeugung weiblicher Nachkommen zur Kuhbestandsreproduktion und männlicher Tiere (einschl. Kreuzungen) für die Fleischerzeugung.

**Embryotransfer und In-Vitro-Produktion von Embryonen:** Embryotransfer (ET) dient, in Kombination mit einer Superovulationsbehandlung, der Erhöhung der Reproduktionsfähigkeit des weiblichen Geschlechts.

Von einem Embryo spricht man, wenn nach der Befruchtung einer Eizelle, d. h. dem Eindringen eines Spermiums und der Vereinigung des männlichen und weiblichen Genanteiles, eine Zygote entsteht und diese mehrere Furchungen (= Zellteilungen) durchläuft. Dies kann sowohl im Tier selbst („in vivo“) als auch in einem „Reagenzglas“ („in vitro“) ablaufen. Ein Embryo des Rindes befindet sich etwa am sechsten/siebenten Tag seiner Entwicklung im Stadium des Überganges von einer Morula (= Maulbeere) zur Blastozyste. Der Keimling lässt sich ab diesem Zeitpunkt in Embryoblast und Trophoblast differenzieren (Abb. 21). Der eigentliche Fetus entwickelt sich ausschließlich aus den Embryoblastzellen.



**Abb. 21: Entwicklungsphasen von einer Ureizelle in einem Primärfollikel bis zur Blastozyste (Roschlau, 2003, verändert)**

Der „klassische“ Embryotransfer (ET) - mit Gewinnung der Embryonen im frühen Blastozystenstadium (7.Tag nach KB) - hat zwischenzeitlich einen Stand erreicht, in der sowohl die unblutige (= nichtchirurgische) Gewinnung als auch Übertragung von Embryonen fester Bestandteil moderner Zuchtprogramme ist. Der Transfer erfolgt, falls keine Tiefgefrierkonservierung vorgesehen ist, auf zyklussynchrone Empfängertiere (7 Tage nach Brunst) in das ipsilaterale (= Gelbkörper zugewandte) Gebärmutterhorn (Trächtigkeitserfolg bei Frischtransfer: 60 bis 65 %). Mittels ET kann die Zahl der Nachkommen von Muttertieren um da 10fache, in Ausnahmefällen (Dauerspender mit sehr guter, wiederholter Ovulationsreaktion) um das 20fache gesteigert werden (Tab. 30).

**Tab. 30: Zahl der Nachkommen eines Spenders, die mittels klassischem ET zusätzlich erzeugt werden können**

Anzahl	Trächtigkeitsrate	Anzahl transfertauglicher Embryonen je Spülung/Spender					
		4	8	12	4	8	12
Nutzungsperioden mit ET-Anwend.	nach Transfer (%)	Zahl Spülungen in einer Laktation (Periode): 1x			Zahl der Spülungen in einer Laktation (Periode): 2x		
1	50	2	4	6	4	8	12
	75	3	6	9	6	12	18
2	50	4	8	12	8	16	24
	75	6	12	18	12	24	36

Neben diesem klassischen Weg können alternativ unreife Eizellen auch direkt aus den über eine Ultraschallsonde sichtbar gemachten Eierstöcken von unbehandelten Spendern abgesaugt (OPU = ovum pick up) und anschließend im Labor zu Embryonen entwickelt werden (IVP = In-vitro-Produktion). Hierbei wird der Fakt genutzt, dass in jedem Eierstock eines weiblichen Rindes etwa 100.000 Eizellen (in so genannten Primärfollikel) angelegt sind. Die Mehrzahl der Eizellen geht jedoch durch eine Rückbildung im Verlaufe des Lebens eines weiblichen Rindes verloren. Zu jedem Zeitpunkt im Leben eines weiblichen Tieres (Jungrind, Kuh) liegen jedoch etwa 200 bis 300 Follikel, die sich in einer aktiven Wachstumsphase befinden, vor. (Der Follikel ist eine Struktureinheit im Eierstock, der die sich entwickelnde Eizelle enthält und Östrogene (= Sexualhormone) sezerniert). Was liegt näher, einen Teil dieser im Wachstum befindlichen Follikel mit dem Ziel, die darin enthaltenen Eizellen zu gewinnen, zu nutzen. Hier kommt nun die In-vitro-Produktion von Embryonen ins Spiel. Die In-vitro-Produktion („im Reagenzglas erzeugt“) von Rinderembryonen beinhaltet im Wesentlichen drei Schritte:

- die In-vitro-Reifung (IVM)
- die In-vitro-Befruchtung (IVF)
- die In-vitro-Kultivierung (IVC)

Innerhalb von etwa 10 bis 12 Tagen werden so unter Laborbedingungen die Reifung weiblicher und männlicher Keimzellen (Eizellen bzw. Spermien), deren Verschmelzung (Befruchtung) sowie Weiterentwicklung der befruchteten Eizelle bzw. des frühen Embryos unter Laborbedingungen (bis zur transfertauglichen Morula bzw. Blastozyste) durchgeführt.

Mittels ultraschallgeleiteter Follikelpunktion von Eierstöcken am lebenden Tier ist es möglich, Eizellen sowohl von laktierenden bzw. trockenstehenden Kühen als auch Färsen zu gewinnen. Dieses Verfahren kann bei einem Spender im Abstand von 3 bis 4 Tagen wiederholt werden, so dass (theoretisch) pro Spendertier - unter Einbeziehung der IVP - wöchentlich eine Trächtigkeit erzielt wird (~ 50 bis 55 Nachkommen pro Spender/Jahr). Die Kosten für die In-vitro-Erzeugung einer Trächtigkeit kann mit 400 bis 500 EUR veranschlagt werden.

Die ausschließliche Nutzung des ETs mit dem Ziel, die Reproduktionsfähigkeit überlegener Spender (Bullenmütter) zu erhöhen, verbessert die Wirksamkeit konventioneller Besamungszuchtprogramme jedoch nur begrenzt (5 - 15 %).

Als Begründung bleibt die üblicherweise (auch ohne Anwendung des ETs) vorliegende sehr hohe Selektionsschärfe bei der Bullenmütterauslese zu nennen. Dies lässt sich mit der gut bekannten Basisformulierung von Rendel u. Robertson (1950) für das 4-Pfade-Modell ( $\Delta G/\text{Jahr} = \sum r_i \sigma_g / \sum L$ ) leicht zeigen (Tab. 31).

**Tab. 31: Wirkung der zusätzlichen Nutzung des ETs auf den jährlichen Selektionserfolg (Beispiel: Milcheiweißmenge in kg)**

Variante	Kenngröße	Erb- und Selektionspfade				genet. Fortschritt ( $\Delta G$ ) pro Jahr (kg)
		Vater - Sohn	Vater - Tochter	Mutter - Sohn	Mutter - Tochter	
1. reguläres KB-Programm	p (%)	1,0	10,0	3,5	90,0	2,956
	i	2,665	1,755	2,207	0,195	
	$r_G$	0,80	0,80	0,50	0,46	
	L	6,5	6,5	5,5	5,5	
2. KB-Programm + ET im Pfad Mutter - Sohn	p (%)	1,0	10,0	1,0	90,0	3,099
	i	2,665	1,755	2,665	0,195	
	$r_G$	0,80	0,80	0,50	0,46	
	L	6,5	6,5	5,5	5,5	

Anm.: p (%) = Remontierungsprozentsatz, i = Selektionsintensität  $r_G$  = Genauigkeit der Zuchtwertschätzung,

$\sigma_g = 15$  kg Milcheiweiß,  $\sigma_g/\Sigma L = 0,625$  mit L = Generationsintervall, Quelle: Brade (1995)

Aber erst die Nutzung des ETs in der Weise, dass gleichzeitig eine radikale Verkürzung des Generationsintervalls (L) sichergestellt wird, steigert den möglichen jährlichen Selektionserfolg ( $\Delta G$ /Jahr) nachhaltig. Hier werden Zuchtprogramme in Kernherden (= Nuklei), in denen gleichzeitig ET (und weitere assoziierte Biotechniken) äußerst intensiv angewendet werden, diskutiert (= "MOET-Nukleuszuchtprogramme"). Diesbezüglich sind wiederholt spezielle "juvenile MOET-Nukleuszuchtprogramme" als bemerkenswert überlegen, gemessen am jährlichen genetischen Fortschritt ( $\Delta G$ /Jahr), aufgezeigt worden (Tab. 32 u. 33). Hierbei wird MOET bereits (kurze Zeit nach Eintritt der Geschlechtsreife) bei Jungtieren, vorselektiert vorrangig aufgrund der Eltern- bzw. Halbgeschwisterleistungen, durchgeführt, so dass Generationsintervalle von deutlich unter 2,5 Jahren möglich sind.

**Tab. 32: Verschiedene MOET-Zuchtprogramm-Varianten\***

Bezeichnung	MOET-Typ	Offenheit	Prüfart	vorrangige Informationsquellen (für Spender)
"reine" Modelle (ohne Nachkommenprüfung von Bullen)	juvenil	geschlossen	stationär (in Nuklei)	Mutter, Halbgeschwister
	adult	geschlossen	stationär (in Nuklei)	Mutter, Halbgeschwister, Vollgeschwister, Eigenleistung
"gemischte" Modelle (mit Nachkommenprüfung von Bullen)	juvenil	offen	im Feld und stationär	Mutter, Halbgeschwister
	adult	offen	im Feld und stationär	Mutter, Halbgeschwister, Eigenleistung

\*Anm.: MOET = Multiple Ovulation and Embryo Transfer

Die Gliederung von MOET-Projekten ist damit keinesfalls vollständig. In den "reinen" MOET-Projekten wird die radikale Verkürzung des Generationsintervalls auch auf der männlichen Seite durch systematischen Verzicht auf eine Nachkommenprüfung abgesichert. Die Vater-tiere werden gleichfalls aufgrund der Ahnen- und Geschwisterleistungen ausgewählt. Geschlossene MOET-Projekte setzen die Prüfung der Zuchttiere in den Nuklei voraus, die in diesem Sinne gleichzeitig als spezielle Prüfstationen, verbunden mit der Möglichkeit einer erweiterten Merkmalerfassung (z. B. Futteraufnahme), einschließlich sehr genauer Leistungsprüfungen, zu charakterisieren sind.

In der Tat kann eine Unterlegenheit konventioneller Besamungszuchtprogramme, vor allem dann, wenn eine Eigenleistungsprüfung der Spendertiere über mehrere Laktationen im Feld praktiziert wird, gezeigt werden (Tab. 33). Das Risiko der Zuchtarbeit in geschlossenen Kernherden ist, gemessen am Standardfehler des erwarteten genetischen Fortschritts ( $\Delta G$ ), deutlich erhöht:

**Tab. 33: Genetische Fortschritte aufgrund unterschiedlicher Zuchtprogramme bei Milchrindern nach Untersuchungen in den Niederlanden**

Zahl genutzter Bullenväter	genet. Fortschritt ( $\Delta G$ )		Standardfehler (= Risiko) $s_{\Delta G} (* 10^{-2})$ - $\Delta G$ gemessen in $\sigma_g$ -	Generationsintervalle	
	in kg Milch/ Jahr <sup>1)</sup>	in kg Milch/Jahr <sup>2)</sup>		Bullen (Jahre)	Kühe (Jahre)
<b>1. konventionelles Nachkommenprüfprogramm:</b>					
4	98,4	123,0	2,27	6,1	4,3
8	96,0	120,0	1,73	6,2	4,3
16	92,4	115,5	1,41	6,2	4,3
<b>2. modernes KB-Programm mit jungen Bullenmüttern:</b>					
4	111,2	139,0	4,40	6,1	2,1
8	105,2	131,5	3,16	6,1	2,2
16	97,6	122,0	2,18	6,2	2,2
<b>3. geschlossenes Nukleuszuchtprogramm:</b>					
4	119,6	149,5	19,6	2,0	2,3
8	118,8	148,5	14,7	2,0	2,3
16	116,0	145,0	10,3	2,3	2,3

Anm.: Selektion ausschließlich auf Milchleistung ( $h^2 = 0,25$ );

Populationsgröße: 1.000.000 Kühe; Quelle: Meuwissen, 1990 und 1991 (wesentlich gekürzt)

<sup>1)</sup> errechnet unter der Voraussetzung:  $\sigma_g = 400$  kg Milch

<sup>2)</sup> errechnet unter der Voraussetzung:  $\sigma_g = 500$  kg Milch

Trotz der wiederholt nachgewiesenen Überlegenheit vor allem geschlossener juveniler Nukleuszuchtprogramme, gemessen am möglichen Selektionserfolg ( $\Delta G/\text{Jahr}$ ), haben sich diese bisher nirgendwo umfassend etablieren können. Als Gründe sind zu nennen:

- geringe Akzeptanz wenig zuverlässig geprüfter Besamungsbullen durch die Milchproduzenten (= potentielle Spermakäufer);
- zunehmendes Interesse an Merkmalen mit nur geringer Heritabilität (z. B. Langlebigkeit, Nutzungsdauer, Merkmale der Gesundheit);
- mögliches Auftreten von Genotyp-Umwelt-Interaktionen (GUI);
- erheblicher Inzuchtzuwachs;
- hoher Kapitalbedarf für die Installation derartiger Projekte in die Zuchtpraxis.

Kennzeichnend ist vielmehr, MOET (und assoziierte Techniken wie Kryokonservierung und Sexen) gezielt zur Effektivitätssteigerung konventioneller Besamungszuchtprogramme zu nutzen.

Diese konventionellen Besamungszuchtprogramme entwickeln sich zunehmend zu "dispersed open nucleus breeding programs", d.h. offene und gestreute Nukleuszuchtprogramme mit Beibehaltung einer Nachkommenprüfung der KB-Bullen im Feld (Dekker, 1992). Die eigentlichen Zuchtherden, die MOET konsequent anwenden und noch Besamungsbullen erzeugen, sind über das gesamte Zuchtgebiet verteilt, aber werden zahlenmäßig, infolge gezielter Vorauswahl nach genetischem Niveau der Zuchttiere und zunehmendem Kostendruck durch konsequente Anwendung dieser Techniken, immer stärker eingegrenzt.

**Neuere Bullenmütterprüfstationen in praxi:** Die konsequente Nutzung moderner Biotechniken ermöglicht frühzeitige Selektionsentscheide sowie frühe Zuchtbenutzungen sowohl auf der männlichen als auch weiblichen Seite. Die Prüfung potentieller, junger Bullenmütter auf einer neutralen Teststation ist jetzt von verschiedenen Zuchtverbänden in praxi realisiert worden. (Beim Osnabrücker Zuchtverband (OHG) wird diese Form der Bullenmütterprüfung (vorrangig mit Zweitkalbskühen im Anbindestall) schon seit vielen Jahren praktiziert.) Die Vorteile liegen auf der Hand:

- kurzes Generationsintervall (bei Prüfung in der 1. Laktation)
- bessere Vergleichbarkeit potentieller Bullenmütter
- hohe Prüfgenauigkeit unter praxisnahen Bedingungen (Laufstallhaltung)
- vereinfachte Einbeziehung weiterer Merkmale (z.B. Futteraufnahme)

In der Tabelle 34 sind einige Eckdaten derartiger Programme - aus der Sicht der Altersstruktur potentieller weiblicher Zuchttiere - zusammengestellt. Festzuhalten bleibt, dass bei Körung der Jungbullen aus OPU/IVT die zugehörigen Mütter bereits stationsgeprüft sind und lediglich 32 Monate alt sind. Die konsequente Anwendung ist in einzelnen Zuchtprojekten längst gegeben (Tab. 35 u. 36).

**Tab. 34: Struktur juveniler Rinderzuchtprogramme (Milchrinder)**

Kennzeichen/Biotechnik	Alter
• OPU-IVP/ET	10 bis 12 Monate alte Jungrinder (Ziel: 10 transfertaugliche Embryonen je Jungrind).
• Geburt der ET-Nachkommen	Weibliche Jungrinder sind etwa 21 Monate alt.
• Eigene Trächtigkeit/Abkalbung	24 Monate alte Rinder kalben ab; anschließend Testung über 180 bis 240 Tage auf einer Teststation/Prüfbetriebe.
• Selektionsentscheid	Aufgrund eigenleistungsgeprüfter Mütter (jetzt etwa 32 Monate alt) sowie weiterer Verwandtenleistungen (z.B. väterliche Halbgeschwister); die ET-Nachkommen sind selbst 10 bis 12 Monate alt

**Tab. 35: Eckdaten einiger spezieller ausländischer Zuchtprogramme mit Donor-Testherden**

	Cogent	Delta
Land	GB	NL
getestete Färsen (Zahl/Jahr)	180 bis 200	160 bis 200 (70 bis 100 von priv. Züchtern)
1. Nutzung der wbl. Tiere (in Mon.) mittels spez. Reprod.-techniken	10 bis 12	8 bis 12
Selektionsschärfe	1 : 10	1 : 5
Anzahl Bullenmütter (BM)/Jahr	15 bis 20	40 bis 50
Anzahl Testbullen (TB) aus geprüften BM/Jahr	80 bis 100	80 bis 100
Anteil TB an Gesamtkapazität	40 bis 50 %	50 bis 60 %

**Tab. 36: Neuere Donor-Testherden in Deutschland**

	<b>Sachsen (SRV) „Tessa“- Projekt</b>	<b>NOG</b>
Beginn	März 2000 (240er Laufstall)	April 2001 (Karkendamm)
getestete Färsen/Jahr	60 bis 80	160 bis 190
Selektionsintensität	1 : 4	1 : 4
Anteil (%) an Gesamtkapazität	25 bis 30%	40 bis 50 %

Anm.: SRV = Sächsischer Rinderzuchtverband; NOG = Nord-Ost-Genetik-Programm verschiedener nord- bzw. mitteldeutscher Holsteinverbände

Kennzeichnend für alle bedeutenden Zuchtprogramme ist somit, KB, ET und weitere assoziierte Techniken gezielt zur Effektivitätssteigerung vorhandener Besamungszuchtprogrammen (= Beibehaltung einer Nachkommenprüfung der Besamungsbullen) zu nutzen. Eine umfassende und zuverlässige Milchleistungsprüfung auf Betriebsebene bleibt damit Voraussetzung aller modernen Rinderzuchtprogramme. Gleichzeitig ist eine weitere Globalisierung der Züchtung - wiederum infolge des konsequenten Einsatzes moderner Reproduktionstechniken - zu erwarten.

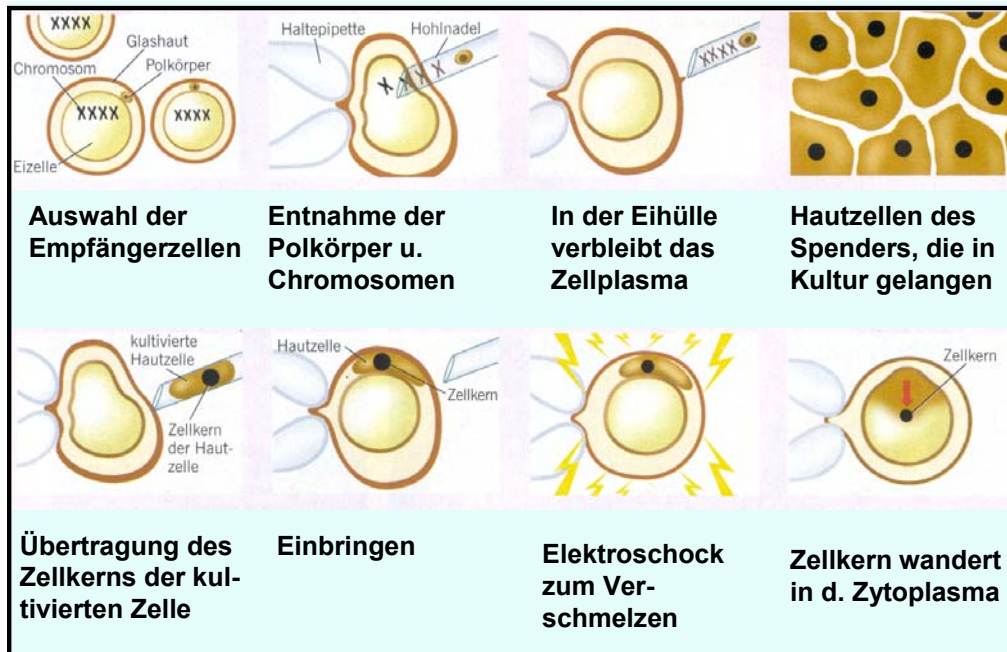
Transgene Milchrinder: Unter transgenen Tieren versteht man Tiere, die in Keim- und Körperzellen Fremd-DNA besitzen. Sie werden erzeugt, indem man genetisches Material experimentell in das Genom der Keimbahn einschleust. Dies erreicht man beispielsweise durch Mikroinjektion von DNA in den männlichen Vorkern (Pronucleus) einer befruchteten Eizelle (Zygote). Ein Teil der transgenen Tiere exprimiert das fremde Gen und überträgt es auch auf seine Nachkommen (Expression: Ausprägung der in den Genen enthaltenen Informationen). Zwischenzeitlich sind eine Reihe transgener Wiederkäuer erzeugt worden. Die geringen Erfolgsraten von Gentransferprogrammen, die sich aktuell dadurch charakterisieren lassen, dass sich in der Regel weniger als 1 % der mikroinjizierten und übertragenen Embryonen zu transgenen Tieren entwickeln, setzen hohe finanzielle Aufwendungen voraus. Neben der Expression von Fremdproteinen gewinnt auch die Veränderung der Eigenschaften bzw. Zusammensetzung der Milch ein zunehmendes Interesse in der Gentransfertechnik. Die Durchführung gentechnischer Arbeiten sowie der Umgang mit gentechnisch veränderten Organismen sind anzeige- und genehmigungspflichtig. In Deutschland gelten einschneidende rechtliche Vorschriften (z.B. das Gentechnikgesetz (GenTG), die Gentechniksicherheitsverordnung (GenTSV), das Tierschutzgesetz (TschG) sowie die Gentechnikaufzeichnungsverordnung (GenTAufzV)), die einen Missbrauch dieser Technik verhindern sollen.

Klonierung: Die Klonierung erfährt als neue Reproduktionstechnik zunehmende Aufmerksamkeit in der Tierzucht. Der Begriff „Klon“ kommt aus dem Griechischen und bedeutet Ast oder Zweig. In der Natur findet man genetisch identische Tiere in Form eineiiger Zwillinge (= monozygote Zwillinge). Beim Rind beträgt die Häufigkeit monozygoter Zwillinge etwa 0,1 bis 0,4 % bzgl. der Gesamtgeburtenrate. In der modernen Tierzucht versteht man darunter die Erstellung mehrerer genetisch identischer Tiere (Nachkommen). Zwei Verfahren sind von Bedeutung:

- mikrochirurgische Teilung frühembryonaler Entwicklungsstadien (bis zur Blastozyste).  
*Resultat:* Erzeugung chromosomal und mitochondrial identischer Tiere
- Klonierung durch Zellkerntransfer eines erwachsenen Tieres auf geeignete Empfängerzellen und deren weitere Kultivierung („Adultklonierung“).  
*Resultat:* Unterschiede bezüglich des mitochondrialen Genotyps sind möglich.

Die wichtigsten Schritte der Adultklonierung sind in Abbildung 22 beschrieben.





**Abb. 22: Wichtige Schritte bei der Adultklonierung durch Kerntransfer auf entkernte ausgewählte Empfängerzellen (Lanza et al., 2000, vereinfacht)**

Zweifelsfrei belegt ist, dass aus Zellen adulter (= erwachsener) Rinder Nachkommen erstellt werden können, die den chromosomalen Genotyp des Spendertieres repräsentieren.

Insgesamt ist die Adultklonierung jedoch noch sehr aufwendig. Brem (2000) nennt weitere Nachteile:

- hohe Ausfallraten beim Klonieren adulter Zellen
- mögliche „Alterungsprozesse“ verwendeter (somatischer) Zellen
- veränderte Entwicklungskapazitäten („Large Carf Syndrom“) und hohe Aborthäufigkeiten in Klonierungsprogrammen
- hohe Mortalitätsraten nach der Geburt (infolge von Immunschwächen u. ä.)

Trotz bemerkenswerter Erfolge beispielsweise in Form der Klonierung ausgewählter Spitzentiere lassen die mäßigen Erfolgsraten und vor allem die sehr hohen Kosten adulter Klonierungsprojekte (> 10.000 EUR/Tier) diese Technik noch längst nicht für die breite Praxis ausgereift erscheinen.

**Fazit:**

- nur die Zuchtprogramme sind langfristig wettbewerbsfähig, die moderne biotechnologische Verfahren (KB, ET etc.) konsequent nutzen;
- Fortschritte bei der Trennung von X- und Y-Chromosomen-tragenden Spermien haben Methoden verfügbar gemacht, um das Geschlecht der Nachkommen bereits bei der Besamung der weiblichen Tiere vorzuselektieren. Erste Besamungsstationen bieten gesexetes Spermia in Deutschland an. Der Preis, die reduzierten Besamungsergebnisse sowie patentrechtliche Fragen begrenzen aktuell den breiten Einsatz von gesexetem Spermia;
- mittels moderner Reproduktionstechniken (OPU/IVP) können zahlreiche Nachkommen bereits von züchterisch wertvollen, sehr jungen weiblichen Rindern erzeugt werden. Das Generationsintervall kann so verkürzt und juvenile Zuchtprogramme realisiert werden;
- somatisches Klonieren befindet sich in einer ersten Stufe der Praxiseinführung (Klonieren ausgewählter Einzeltiere). Beim gegenwärtigen Stand der Klonierungstechnik ist man allerdings noch weit entfernt, ganze Milchrinderherden mittels dieser Technik zu erstellen;

- Gentransferprogramme sind nach wie vor auf Experimentaleinrichtungen beschränkt. Die Zuchtpraxis könnte jedoch langfristig von solchen transgenen Experimenten profitieren, die eine Erhöhung einer spezifischen Krankheitsresistenz zum Ziel haben bzw. zur gezielten qualitativen Veränderung der Milch beitragen;
- Da mittels neuer Biotechniken die Reproduktionsfähigkeit von Individuen erhöht wird, bleiben Maßnahmen, die eine sichere Bewertung von Zuchttiere sicherstellen, von zentralem Interesse. Die Sicherstellung einer zuverlässigen Leistungsprüfung des Einzeltieres bleibt Voraussetzung für den Erfolg züchterischer Maßnahmen sowohl auf der Ebene des Einzelbetriebes als auch des Zuchtverbandes.

## 4 Verhalten (*L. Schrader, C. Mayer*)

Das Verhalten von Rindern zu kennen und zu berücksichtigen, ist Voraussetzung für eine tiergerechte Gestaltung ihrer Haltung. Denn neben Ansprüchen an beispielsweise ihre Ernährung sowie ihre Gesundheitsfürsorge und -pflege haben Rinder auch Ansprüche an ihre Haltungsumwelt. Nach § 2 des deutschen Tierschutzgesetzes müssen wesentliche Verhaltensansprüche der Tiere in ihrer Haltung erfüllt werden. Zum Erkennen der Verhaltensansprüche ist es wichtig, das sogenannte Normalverhalten der Tiere zu kennen, das sich im Laufe der Stammesgeschichte entwickelt hat. Vergleiche zwischen verschiedenen Rassen und Untersuchungen an in natürlicher Umgebung lebenden Rindern zeigen, dass sich das Verhalten der Rinder durch Domestikation und Züchtung zwar in der Häufigkeit und Dauer, mit der verschiedene Verhaltensweisen gezeigt werden, geändert hat, die einzelnen Verhaltensweisen grundsätzlich aber im Verhaltensrepertoire der Tiere erhalten geblieben sind. In diesem Kapitel wird daher zunächst eine Übersicht über das Verhalten von Rindern gegeben, um hieraus anschliessend einige grundsätzliche Anforderungen an ihre Haltungsumwelt abzuleiten.

### 4.1 Sinnesleistungen

Hauptsinne der Rinder sind ihr Gesichts- und ihr Geruchssinn. Rinder sind farhentüchtig, können aber langwelliges Licht (Rot, Orange, Gelb) besser unterscheiden als kurzwelliges (Grün, Blau, Violett). Da die Linse der Rinderaugen nicht gut akkomodieren kann, ist ihre Sehschärfe deutlich schlechter als z.B. beim Menschen. Ihr binokulares Sehfeld beträgt nur ca. 30-50°. Dafür beträgt ihr gesamtes Sehfeld jedoch ca. 330°. Rinder verfügen über einen sehr ausgeprägten Geruchssinn, der besonders für die Nahkommunikation im Zusammenhang mit ihrem Sexualverhalten und dem individuellen Erkennen wichtig ist. Für die Nahrungswahl scheint der Geruchssinn keine große Rolle zu spielen. Der Hörbereich von Rindern liegt zwischen 23 Hz und 35.000 Hz. Am empfindlichsten ist ihr Gehör bei 8.000 Hz. Im Vergleich zum menschlichen Gehör ist das Hörvermögen der Rinder sowohl im tief- als auch im hochfrequenten Bereich besser. Die Frequenzauflösung und das Richtungshören sind bei Rindern jedoch schlechter als bei Menschen. Rinder können die Geschmacksrichtungen süß, salzig, sauer und bitter unterscheiden. Dabei wird die Geschmacksqualität salzig am besten an der Zungenspitze, die Geschmacksqualität süß am Zungengrund wahrgenommen. Mechano-, Thermo- und Schmerzrezeptoren in der Haut sind bei Rindern an Lippen, Zunge, Flotzmaul, Euter und Schamlippen am dichtesten verteilt.

- Hauptsinne der Rinder sind das Sehen und Riechen.
- Rinder hören über einen weiten Frequenzbereich und verfügen über eine empfindliche Geschmacks-, Tast-, Temperatur- und Schmerzempfindung.