INTERNATIONALE GESELLSCHAFT FÜR NUTZTIERHALTUNG

NUTZTIERHALTUNG IM **FOKUS**

Tierwohl in der Nutztierzucht – Möglichkeiten und Grenzen

THEMEN HERBST 2022

Aus dem Forscher:innenbüro
Tierwohlrelevante Aspekte in der Milchrinderzucht – Gutes Verhalten beim Schwein – Brustbeinschäden bei Legehennen – Tierwohl in der Putenzucht.
>> Seite 6

Aus der Praxis
Ökologischer Zuchtwert Rind – *E. coli*-resistente Schweine – Vitale und resiliente Bienen. >> Seite 28

Aus der Bibliothek
Zusammenschau internationaler wissenschaftlicher Publikationen.
>> Seite 42

Aus dem Tierschutzrecht
Entsprechen aktuelle Zuchtziele bei Nutztieren den rechtlichen Rahmenbedingungen?
>> Seite 60

Informationsbroschüre der IGN e.V. über aktuelle Ergebnisse aus Forschung und Praxis zum Wohlbefinden der Tiere.

Editorial

Liebe Leser:innen, liebe IGN-Mitglieder, liebe Tierwohl-Interessierte,

bei Einflussfaktoren auf das Tierwohl denken wir oft zuerst an Haltung und Management, aber die Zucht unserer Tiere ist die Basis der Tierhaltung und die Ausrichtung der Züchtung schafft wesentliche Rahmenbedingungen für unsere Nutztiere. Züchtung kann die Bedingungen für ein gutes Tierwohlniveau schaffen, wenn sie Extreme vermeidet und die Funktionalität, Gesundheit und Robustheit unserer Nutztiere fördert.

Die in diesem Heft **„NUTZTIERHALTUNG IM FOKUS“** der **Internationalen Gesellschaft für Nutztierhaltung** (IGN) zusammengestellten Artikel beleuchten verschiedene Ansätze, Tierwohl züchterisch zu beeinflussen. Hierbei wird ein breites Spektrum an Strategien bei verschiedenen Nutztierarten (Rind, Schwein, Geflügel und Schaf) vorgestellt.

Tiere sollten züchterisch nicht zu stark in Einseitigkeiten gedrängt werden. Diese Strategie kann zwar zu wirtschaftlich interessanten Leistungen führen, das Ziel ist aber überschritten, wenn das Tier an seine Grenzen der Anatomie (zum Bespiel schnellwachsende Mastgenetik) oder der Physiologie (zum Beispiel spitzenleistende Milchkühe) gebracht wird. Zum Teil können Tiere mit einem sehr guten und intensiven Management auch unter diesen genetischen Voraussetzungen so gehalten werden, dass ein gutes Gesundheitsniveau besteht, oft werden aber die Möglichkeiten, das Spektrum des natürlichen Verhaltens auszuleben, eingeschränkt, zum Beispiel weil die Weide den Futteransprüchen von hochleistenden Kühen nur noch schwer gerecht werden kann oder weil die Fortbewegungsfähigkeit von Mastgeflügel eingeschränkt ist. Im Heft werden Ansätze vorgestellt, wie neben Leistungsmerkmalen auch verschiedene Fitness- und Gesundheitsmerkmale in die Rinderzucht integriert werden. Ebenso werden langsam wachsende Putenlinien hinsichtlich Tierwohl und Leistung verglichen.

Wenn einseitig auf Leistungen der weiblichen Tiere wie Milchleistung und Legeleistung gezüchtet wird, führt dies zu weniger Fleischansatz der „Brüder“ (bzw. nicht zur Remontierung genutzten Geschwister). Diese „Abfallprodukte“ sind oft unrentabel, weil sie eine schlechtere Futterverwertung haben und müssen teils durch die Produkte der weiblichen Tiere quersubventioniert werden. Mehrnutzungsrassen sind zwar in den einzelnen Nutzungsrichtungen weniger produktiv, punkten aber dadurch, dass sie vielseitiger einsetzbar sind. Zukünftig werden wir vielleicht Milch und Fleisch bei großen und kleinen Wiederkäuern sowie Eier und Fleisch von Hühnern weiter stärker gemeinsam betrachten müssen.

Zucht kann auch das Verhalten der Tiere in den Fokus nehmen. Im Heft finden sich dabei sowohl Ansätze, unerwünschte Verhaltensweisen wie Federpicken bei Hühnern oder aggressives Verhalten und Schwanzbeißen bei Schweinen zu reduzieren, als auch Ansätze positive Verhaltensweisen wie Mütterlichkeit von Sauen zu stärken.

Ein weiterer Ansatz, züchterisch das Tierwohl zu beeinflussen, ist Zucht auf Parasiten- oder Krankheitsresistenzen. Die Beiträge in diesem Heft fokussieren hierbei auf Coli-Durchfälle bei Schweinen und Moderhinke bei Schafen. Bei der Zucht auf einzelne Merkmale ist dennoch darauf zu achten, dass die genetische Breite einer Rasse nicht zu stark reduziert wird. Besonders in kleinen Populationen kann die schnelle Zucht auf einzelne Merkmale die genetische Breite verengen, wodurch andere, bisher eventuell weniger stark wahrgenommene Merkmale von Tieren dieser Rasse verschwinden können. Insgesamt ist eine Rassenvielfalt förderlich für die genetische Breite einer Tierart. Diese ermöglicht die Auswahl von standortangepassten Rassen, eröffnet aber auch Möglichkeiten durch gezielte Einkreuzungen zu einem gewissen Grad die Anpassung an sich wandelnde Umweltbedingungen.

Ein herzlicher Dank geht an alle Autor:innen der Beiträge dieses Heftes sowie an Josef Schenkenfelder für die Redaktion und Auswahl der Artikel.

Viel Vergnügen sowie interessante Anregungen und Erkenntnisse beim Lesen!

Silvia Ivemeyer
IGN-Mitglied

Mit freundlichem Dank an die Unterstützer:innen der IGN:

Felix Wankel Stiftung, Züberwangen
Zürcher Tierschutz, Zürich
4 Pfoten International, Wien
Deutscher Tierschutzbund, Bonn

Inhaltsverzeichnis

Einleitung 5

Aus dem Forscher:innenbüro

Zuchtwerte für mehr Tierwohl – Möglichkeiten zur genetischen Verbesserung in Österreichs Milchrinderzucht 6–11
Zucht auf gutes Verhalten beim Schwein 12–16
Intakte Brustbeine bei Legehennen – Welchen Beitrag kann die Zucht leisten? 17–21
Die Pute von morgen – Züchtung zur Verbesserung von Gesundheit und Wohlergehen 22–27

Aus der Praxis

Ökologischer Zuchtwert bei Milchkühen – Ein Beitrag zum Tierwohl in der Bio-Landwirtschaft 28–32
Molekulargenetik statt Antibiotika – Schweizer Züchterinnen und Züchter setzen auf genetisch Coli-resistente Schweine . . . 33–37
Die Zucht einer vitalen und resilienten Biene für die extensive Imkerei 38–41

Aus der Bibliothek

Rinder
– Tierschutzrelevante Zuchtprobleme beim Milchvieh – Interaktion zwischen dem Zuchtziel „Milchleistung“ und dem vermehrten Auftreten von Produktionskrankheiten 42–43
– Genomeditierung von Holstein Friesian-Kühen zur Aufhellung der Fellfarbe als potenzielle Anpassung an den Klimawandel 44–46

Schweine
– Ein Review zum genetischen Hintergrund der Thermoregulation beim Schwein 46–48
– Entwicklung eines optimierten Zuchtziels für österreichische Mutterlinien beim Schwein in einem partizipativen Prozess . . . 48–50

Geflügel
– Können Züchterinnen und Züchter das Problem von durch Federpicken verursachter Mortalität bei Legehennen lösen? 51–54
– Die Eignung langsam wachsender kommerzieller Putenlinien für die ökologische Tierhaltung hinsichtlich Tierwohl und Leistung 54–55

Schafe
– Entwicklung von Zuchtwerten für die Anfälligkeit für Moderhinke bei Feinwollschafen – Eine Strategie zur Berücksichtigung des Krankheitsverlaufs zum Zeitpunkt der Beurteilung 56–59

Aus dem Tierschutzrecht

Wertschätzung des Einzeltiers? Aufklären – Umdenken – Handeln 60–65

Aus der Ethik

Editieren für mehr Tierwohl? Ethische Überlegungen zu Genomeditierung 66–68

Aus der IGN

Vorstellung eines IGN-Mitglieds 69–70
Platz für Notizen 71

Fotos Titelblatt:
Links: Saugferkel in Freilandhaltung (Foto: Schenkenfelder, BOKU) /
Mitte: Murbodner Kuh mit Kalb (Foto: Kottik, BOKU) /
Rechts: Freilandhenne (Foto: BOKU)

ISBN: 978-3-9525478-3-0

Obere Reihe: Murbodner (Foto: Kottik, BOKU), Fleckvieh Klabinnen auf der Weide (Foto: Hintze, BOKU), Braunvieh Kühe (Foto: Schenkenfelder, BOKU); mittlere Reihe: Freilandschweine in Suhle (Foto: Schenkenfelder, BOKU), Mastschweine in eingestreutem Auslauf (Foto: Institut für Nutztierwissenschaften, BOKU), Schwäbisch-Hällisches Sattelschwein (Foto: Schenkenfelder, BOKU); untere Reihe: Küken, Honigbiene mit Pollentasche (Fotos: Schenkenfelder, BOKU), Stolzierender Puter (Foto: iStock.com/Lightwriter1949).

Nutztierzucht bedeutet die kontrollierte Anpaarung von Tieren mit dem Ziel, erwünschte Eigenschaften zu verstärken und unerwünschte Eigenschaften zu reduzieren. Es handelt sich dabei also um eine planmäßige und zielgerichtete genetische Veränderung von Tieren einer Population, um für zukünftige Produktionsbedingungen geeignete Tiere bereitzustellen.

Obwohl der Mensch seit Beginn der Domestikation Einfluss darauf genommen hat, welche Tiere in seiner Obhut sich weitervermehren dürfen, wurden erst ab Mitte des 18. Jahrhunderts züchterische Maßnahmen wie Leistungsprüfung und gerichtete Paarung entwickelt. Auf dieser Basis konnten insbesondere in den letzten 70 Jahren beachtliche Steigerungen in der tierischen Produktion erreicht werden. Die Fokussierung auf die Verbesserung der Leistung ging jedoch vielfach mit Einschränkungen von Tiergesundheit und Tierwohl einher, da Leistungs- und sogenannte Fitnessmerkmale häufig negativ korreliert sind. Die Kritik an der aktuellen Hochleistungszucht setzt daher vor allem an ihren potenziell negativen Auswirkungen auf das Wohlergehen der Tiere an.

Bei der Verbesserung von Tierwohl durch züchterische Maßnahmen können folgende grundlegende Zugänge unterschieden werden: i) Tiere zu züchten, die widerstandsfähiger gegenüber Umwelteinflüssen und Krankheitserregern sind, ii) Merkmale von Tieren züchterisch zu eliminieren, die in der gängigen Praxis durch schmerzhafte Eingriffe entfernt werden, iii) unerwünschte Verhaltensweisen von Tieren zu reduzieren, bis hin zu iv) einer Verminderung der Leidensfähigkeit der Tiere durch „Disenhancement". Die Frage ob bzw. welche dieser Ansätze aus einer ethischen Perspektive heraus als vertretbar erscheinen bedarf einer umfassenden Debatte, in die die Gesellschaft möglichst breit eingebunden werden sollte. Grundsätzlich können aber gut ausbalancierte Zuchtziele, die Aspekte wie Robustheit und Resilienz der Tiere, aber auch Produktions- und Effizienzmerkmale berücksichtigen, als Grundpfeiler für eine vertretbare und zukunftsfähige landwirtschaftliche Nutztierhaltung angesehen werden, die auch auf globaler Ebene einen wichtigen Beitrag zu einer nachhaltigen Kreislaufwirtschaft leisten kann. Eine große Schwierigkeit besteht dabei darin, u. a. verschärft durch (tw. noch unbekannte) negative genetische Korrelationen, diese steigende Anzahl an Zuchtzielen zu vereinbaren.

Schon lange beschränkt sich die Nutztierzucht nicht mehr nur auf die Beschreibung und Auswahl bevorzugter Anpaarungspartner:innen, sondern bedient sich modernster Methoden (z. B. genomische Selektion, Samensexing, Embryotransfer) um favorisierte Eigenschaften in Tieren zum Ausdruck zu bringen. Die im Heft „Smart Barning" (Winter 2021) thematisierte Digitalisierung in der Nutztierhaltung spielt auch in den Bereich der Zucht hinein und wird künftig v. a. für die Beschreibung komplexer Merkmale wie beispielsweise Hitzetoleranz oder aggressives Verhalten vermutlich an Bedeutung gewinnen und damit auch die interdisziplinare Zusammenarbeit. So muss es auch das Ziel sein, Nutztierzucht nicht länger isoliert auf Tierebene zu betrachten, sondern eingebettet in einen systemischen Ansatz mit einer leistungsübergreifenden Perspektive.

Diese vielschichtige Thematik aus unterschiedlichen Blickwinkeln aber auch für verschiedene Nutztierarten zu beleuchten war das erklärte Ziel dieses Heftes. Für die gewährten Einblicke in aktuelle Fragestellungen zur züchterischen Verbesserung tierwohlrelevanter Merkmale aus Forschung und Praxis möchte ich mich bei den Autor:innen der Beiträge sehr herzlich bedanken. Wie breit das Spektrum an Möglichkeiten hinsichtlich eingesetzter Techniken bzw. Technologien aber auch zu verbessernder Merkmale ist, soll – ohne die vorgestellten Ansätze uneingeschränkt gutheißen zu wollen – durch die Zusammenfassung jüngerer wissenschaftlicher Publikationen im Kapitel „Aus der Bibliothek" aufgezeigt werden. Abschließend finden Sie in diesem Heft eine tierschutzrechtliche und eine ethische Auseinandersetzung mit dem Thema – auch hier gilt mein besonderer Dank den Autor:innen – welche durchaus als Aufforderungen zur kritischen Diskussion verstanden werden dürfen.

Ich wünsche Ihnen eine spannende Lektüre,

Josef Schenkenfelder

GENDER-HINWEIS: IN DIESEM HEFT WIRD VERSUCHT EINER GENDER-SENSIBLEN SCHREIBWEISE MITTELS GENDER:DOPPELPUNKT GERECHT ZU WERDEN.

Zuchtwerte für mehr Tierwohl – Möglichkeiten zur genetischen Verbesserung in Österreichs Milchrinderzucht

Christian Fürst[1,], Hermann Schwarzenbacher[1], Christa Egger-Danner[1], Birgit Fürst-Waltl[2]*

[1] ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH, Dresdner Straße 89/18, 1200 Wien, Österreich

[2] Institut für Nutzierwissenschaften, Universität für Bodenkultur Wien, Gregor-Mendel-Straße 33, 1180 Wien, Österreich

**Korrespondierender Autor: fuerst@zuchtdata.at*

Highlights

- Fitness und Gesundheit spielen eine zentrale Rolle in Zuchtwertschätzung und Zuchtziel
- Niedrige Erblichkeiten und teilweise schwierige Datengrundlage erschweren Zucht
- Trotzdem stabile bis deutlich positive genetische Trends im Fitnessbereich
- Weiterentwicklungen sind in Arbeit

Einleitung

Tierwohl spielt in der Rinderzucht bereits sehr lange eine große Rolle, auch wenn es ursprünglich nur indirekt in der Zucht berücksichtigt werden konnte. Erst durch die Verfügbarkeit entsprechender Daten und der Möglichkeit hochwertige Zuchtwertschätzungen zu entwickeln, ist Tierwohl von einer Nebenrolle zu einem zentralen Element bei den Zuchtentscheidungen geworden. Ohne Anspruch auf Vollständigkeit soll in diesem Beitrag auf einige züchterisch relevante Aspekte aus dem Milchrinderbereich eingegangen werden. Besonderes Ziel ist es aufzuzeigen, was die Zucht in Richtung Verbesserung des Tierwohls bisher beigetragen hat und an welchen weiteren Bereichen gearbeitet wird. Im Mittelpunkt steht dabei der umfangreiche Bereich der Zuchtwertschätzung (ZWS).

Die ZWS liefert nicht nur den Zuchtverbänden und Besamungsstationen, sondern auch den Landwirt:innen wichtige Hilfsmittel für Selektionsentscheidungen. Mit den geschätzten Zuchtwerten (ZW) werden die Erbanlagen der männlichen und weiblichen Tiere für die verschiedenen Merkmale beurteilt, die im Durchschnitt bei den Nachkommen wirksam werden.

Die ZW werden in der Regel als Relativ-ZW mit einem Mittelwert von 100 und einer genetischen Streuung von 12 Punkten veröffentlicht, wobei höhere Zuchtwerte im Allgemeinen züchterisch wünschenswert sind. Nähere Informationen zur ZWS finden sich bei *Fürst et al. (2021)*.

Geschichtliche Entwicklung

Über viele Jahrzehnte ging es in der Rinderzucht fast ausschließlich um Produktionsmerkmale wie Milch und Fleisch. Die dabei erzielten Fortschritte aufgrund von deutlichen Verbesserungen im Management, aber auch durch züchterische Maßnahmen sind beachtlich.

Da hohe Milchleistungen nur von weitgehend gesunden Kühen erzielt werden können, spielte dabei das Wohlbefinden der Tiere zumindest indirekt auch eine gewisse Rolle. Aus Sicht der ZWS stand, auch mangels an Daten für andere Merkmale, über viele Jahrzehnte die Milchleistung im Vordergrund. Im Jahr 1963 wurde eine erste Form einer Milch-ZWS in Österreich eingeführt, erst 1992 kam mit der Persistenz (Laktationskurvenverlauf) das erste Fitness-Merkmal in der ZWS dazu. In den Jahren danach folgten zahlreiche weitere Merkmale aus dem Fitness- und Gesundheitsbereich. Mit der Einführung des Gesamtzuchtwerts *(GZW, Miesenberger, 1997)*, der mathematischen Formulierung des Zuchtziels, im Jahr 1998 haben die Fitnessmerkmale schlagartig an Bedeutung im Zuchtgeschehen gewonnen. Seit 2002 wird die ZWS für alle Merkmale gemeinsam mit Bayern und Baden-Württemberg durchgeführt.

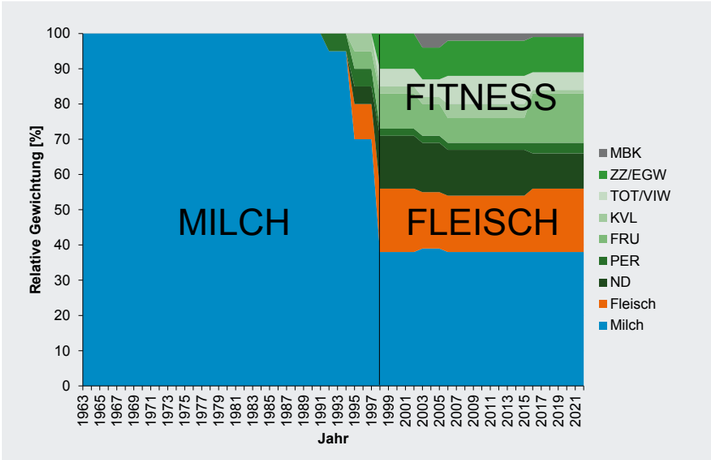


Abbildung 1: Schematische Entwicklung der Zuchtwertschätzungen bzw. ab 1998 des Gesamtzuchtwerts beim Fleckvieh in Österreich

ND = Nutzungsdauer, PER = Persistenz, FRU = Fruchtbarkeit, KVL = Kalbeverlauf, TOT/VIW = Totgeburten bzw. Vitalitätswert, ZZ/EGW = Zellzahl bzw. Eutergesundheitswert, MBK = Melkbarkeit

Beim Fleckvieh übernahm auch Tschechien im Jahr 2016 den gemeinsamen GZW. In *Abbildung 1* ist die Entwicklung der ZWS bzw. des GZW *(Fürst-Waltl et al., 2016, Fürst et al., 2021)* am Beispiel der Rasse Fleckvieh, die einen Rasseanteil von ca. 75% in Österreich aufweist, schematisch dargestellt. Daraus ist die Änderung im Verhältnis Produktions- zu Fitnessmerkmalen gut ersichtlich. Aktuell werden die Blöcke Milch, Fleisch und Fitness im Verhältnis 38 : 18 : 44% im GZW gewichtet. Im Vergleich dazu ist die Gewichtung bei Brown Swiss 50 : 5 : 45%. Nicht dargestellt sind die Zuchtwerte für Exterieurmerkmale, die es seit dem Jahr 2000 gibt, da diese bei beiden Rassen nur indirekt über die Nutzungsdauer und den Eutergesundheitswert (EGW) in den GZW eingehen. Hinzuweisen ist auch auf die Gesundheits-Zuchtwerte, die seit dem Jahr 2013 über den Fruchtbarkeitswert (FRW, frühe Fruchtbarkeitsstörungen und Zysten) und den EGW (Mastitis) im GZW enthalten sind *(Fürst und Egger-Danner, 2014)*.

Seit 2017 gibt es für die Rassen Fleckvieh und Brown Swiss in Österreich zusätzlich zum GZW den Ökologischen ZW (ÖZW), in dem die Produktionsmerkmale zugunsten der funktionalen Merkmale niedriger gewichtet werden. Die Gewichtung von Milch, Fleisch und Fitness (inkl. Exterieur) wurde dabei für das Fleckvieh mit 20 : 15 : 65% und für Brown Swiss mit 25 : 10 : 65% festgelegt (siehe Beitrag von Krogmeier und Steinwidder in diesem Heft).

Nutzungsdauer und Persistenz

Die Nutzungsdauer der Milchkühe (Zeit von 1. Abkalbung bis Abgang) ist häufig von Management- oder Selektionsentscheidungen beeinflusst, allerdings spielt auch der Abgang aufgrund von tierwohlrelevanten Erkrankungen oder Verletzungen eine große Rolle. Die Entwicklung der durchschnittlichen Nutzungsdauer umfasst daher zahlreiche züchterische und nicht-züchterische Aspekte, die bei der Interpretation zu berücksichtigen sind.

Die Nutzungsdauer war u.a. durch den negativen genetischen Zusammenhang zur Milchleistung lange Zeit leicht rückläufig, ist allerdings in den letzten 20 Jahren wieder leicht, aber kontinuierlich angestiegen und liegt in Österreich aktuell im Schnitt aller Milch- und Doppelnutzungsrassen bei fast 4 Jahren *(Abbildung 2)*. In Kombination mit der gestiegenen Milchleistung pro Laktation ergibt das eine massive, fast lineare Steigerung der Milchlebensleistung *(Abbildung 3)*. In den letzten 20 Jahren ist die Lebensleistung um fast 10.000 kg gestiegen, seit 1980 hat sie sich sogar mehr als verdoppelt.

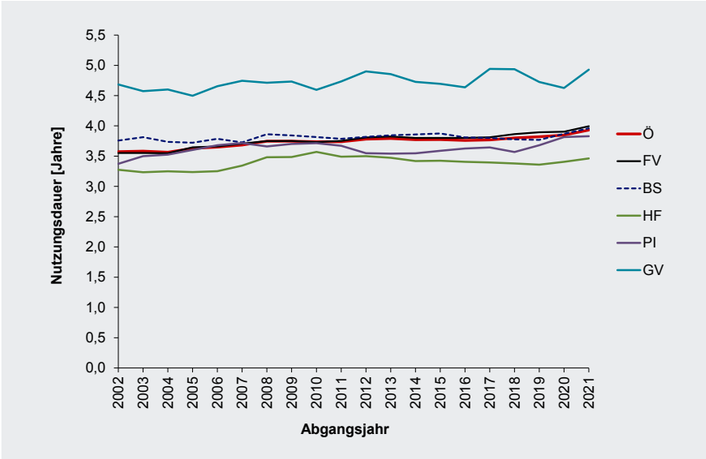


Abbildung 2: Entwicklung der durchschnittlichen Nutzungsdauer in Österreich (ZuchtData, 2021)

Ö = Österreich, FV = Fleckvieh, BS = Brown Swiss, HF = Holstein Friesian, PI = Pinzgauer, GV = Grauvieh

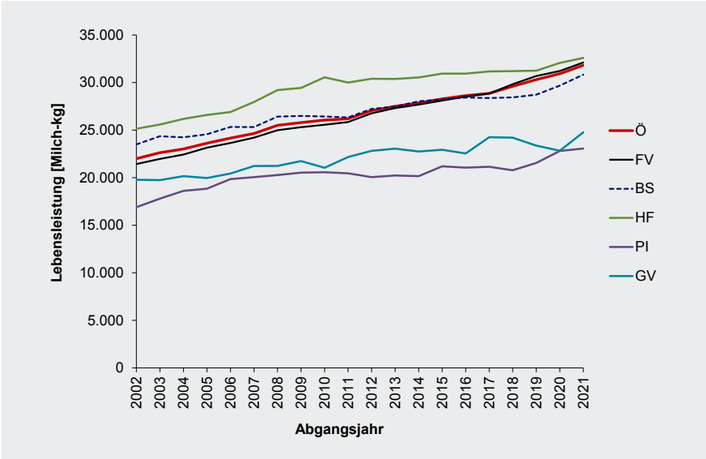


Abbildung 3: Entwicklung der durchschnittlichen Lebensleistung in Österreich (ZuchtData, 2021)

Ö = Österreich, FV = Fleckvieh, BS = Brown Swiss, HF = Holstein Friesian, PI = Pinzgauer, GV = Grauvieh

Zu dieser erfreulichen Entwicklung hat auch die Zucht einen wesentlichen Beitrag geleistet. Österreich war 1995 das weltweit erste Land, das Zuchtwerte für die funktionale Nutzungsdauer veröffentlichen konnte *(Egger-Danner, 1993)*. Seit 1998 ist die Nutzungsdauer wesentlicher Bestandteil im GZW und damit im Zuchtziel. Für die Persistenz (Laktationskurvenverlauf) werden zwar schon seit 1992 ZW ausgewiesen, allerdings wurde sie erst mit Einführung des GZW mit einem eher geringen Gewicht im Zuchtziel berücksichtigt. Auf einem niedrigen Leistungsniveau ist die Persistenz wohl nicht als tierwohlrelevant zu bezeichnen, bei extremen Spitzenleistungen spielt sie im Zusammenhang mit Tierwohl allerdings durchaus eine Rolle, da mit einer flacheren Laktationskurve extreme Tagesmilchleistungen mit möglichen negativen

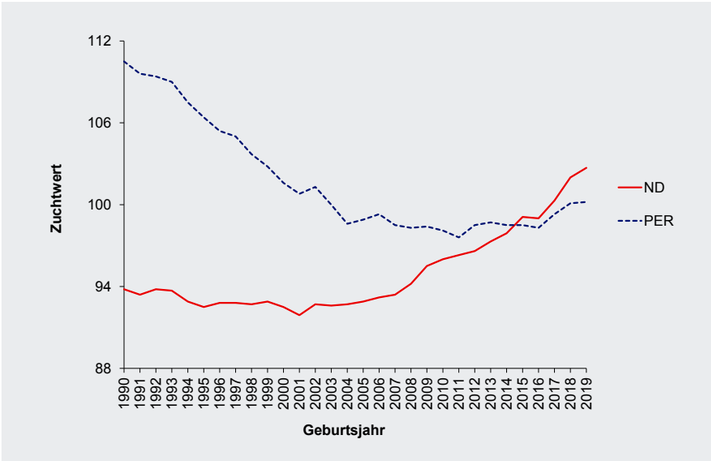


Abbildung 4: Genetische Trends für Nutzungsdauer (ND) und Persistenz (PER) bei den Fleckvieh-Kühen in Österreich

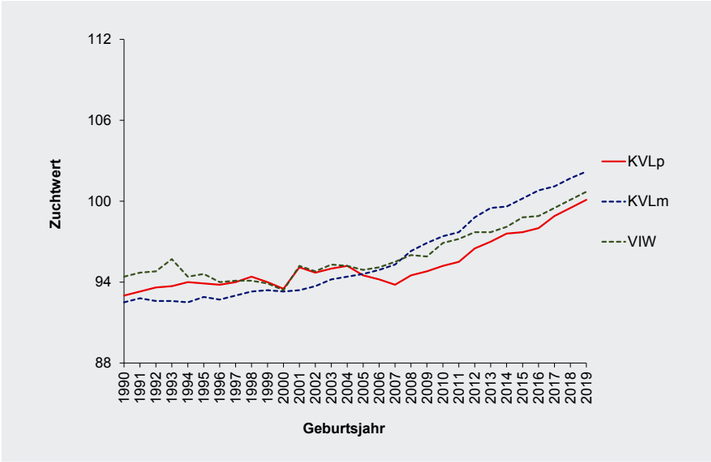


Abbildung 5: Genetische Trends für den paternalen (KVLp), den maternalen Kalbeverlauf (KVLm) und den Vitalitätswert (VIW) bei den Fleckvieh-Kühen in Österreich

Auswirkungen auf das Wohlbefinden der Kühe reduziert werden können. Außerdem hängt eine flache Laktationskurve auch mit der Fruchtbarkeit, der Stoffwechselstabilität und damit einem längeren Leben der Kühe zusammen.

Beide Merkmale Nutzungsdauer und Persistenz zeigten über längere Zeit, allerdings in unterschiedlichem Ausmaß, eine negative genetische Entwicklung, die allerdings in den letzten Jahren insbesondere bei der Nutzungsdauer ins Positive gedreht werden konnte *(Abbildung 4)*.

Kalbeverlauf

Der Geburtsverlauf hängt unmittelbar mit dem Tierwohl zusammen, einerseits für das Kalb, andererseits für die Mutter des Kalbes. Schwergeburten sind für beide Tiere sehr schmerzhaft und können auch lebensbedrohlich sein. In Österreich wird der Kalbeverlauf auf einer 5-stufigen Skala erfasst (Leicht-, Normal-, Schwergeburt, Kaiserschnitt, Embryotomie).

Eine ZWS für den Kalbeverlauf gibt es seit 1995 und seit 1998 wird der Kalbeverlauf auch im GZW, allerdings mit einem niedrigen Gewicht, berücksichtigt. In der Praxis kommt dem Kalbeverlauf aber durch den verbreiteten Einsatz von sogenannten Leichtkalbsstieren speziell auf Kalbinnen eine große Bedeutung zu. Der paternale Kalbeverlaufs-ZW gibt an, wie leicht bzw. schwer die Kälber eines Stieres geboren werden (z. B. abhängig von der Größe des Kalbes). Der maternale Kalbeverlaufs-ZW gibt an, wie leicht bzw. schwer die Töchter eines Stieres abkalben (z. B. Beckenform). Die Entwicklung der beiden genetischen Kalbeverlaufs-Komponenten war in den letzten Jahren deutlich positiv *(Abbildung 5)*.

Der merklich positive genetische Trend bestätigt sich auch bei den phänotypischen Daten *(Abbildung 6)*. So ist die Schwergeburtenrate vom Jahr 2005 mit 4,4% auf 1,7% im Jahr 2021 deutlich zurückgegangen. Bei den ersten Abkalbungen hat sich der Schwergeburtenanteil von 7,9% auf 2,6% sogar noch stärker reduziert. Das bedeutet, dass sich die Schwergeburtenraten mehr als halbiert haben. Abgesehen von Verbesserungen im Haltungssystem kann man davon ausgehen, dass die Berücksichtigung der Kalbeverlaufs-Zuchtwerte bei der Anpaarung die entscheidende Rolle spielt. Insbesondere seit genomische Kalbeverlaufs-Zuchtwerte für die Stierauswahl auch bei Jungstieren zur Verfügung stehen, kommt dieser Effekt deutlich zum Tragen und trägt damit wesentlich zum Tierwohl und natürlich auch zur Wirtschaftlichkeit bei.

Aufzuchtverluste

Der Zeitraum der gesamten Aufzuchtphase wurde in der ZWS lange weitgehend vernachlässigt (Fürst-Waltl und Fürst, 2010). Eine ZWS für Totgeburtenrate wurde zwar bereits im Jahr 1998 eingeführt, diese umfasste aber nur die ersten zwei Lebenstage. Erst die im Jahr 2016 eingeführte ZWS für Aufzuchtverluste umfasst zusätzlich zu den Totgeburten die ersten 10 Monate bei den männlichen bzw. die ersten 15 Monate bei den weiblichen Aufzuchttieren. Datengrundlage für die ZWS sind Verendungsmeldungen aus der Tierkennzeichnung inkl. der Totgeburtenmeldungen. Es wird hier nur unterschieden, ob ein Kalb verendet ist oder nicht.

Der Bereich der Aufzuchtverluste wird als Vitalitätswert (VIW) veröffentlicht, wobei die Totgeburten ungefähr mit der Hälfte gewichtet sind.

Die züchterische Entwicklung der Aufzuchtverluste war in den letzten Jahren leicht positiv *(Abbildung 5)*, also kann man von einer genetischen Verringerung der Aufzuchtverluste ausgehen.

Gesundheit

Datengrundlage für die ZWS auf Gesundheitsmerkmale sind tierärztliche Diagnosen von den Arzneimittelabgabe- und Anwendungsbelegen, die im Rahmen des Gesundheitsmonitorings in Österreich (seit 2006) sowie in Baden-Württemberg und Bayern erhoben werden und die geburtsnahen Beobachtungen aus Österreich, Bayern und Baden-Württemberg *(Egger-Danner et al., 2012a)*. Seit 2010 sind die Gesundheitszuchtwerte der Fleckvieh-Stiere offizielle Zuchtwerte in der gemeinsamen ZWS Österreich/Deutschland *(Fürst et al., 2011)*, Brown Swiss folgte im Jahr 2013, die weiteren Rassen im Jahr 2021.

Folgende Gesundheitsmerkmale gehen in die ZWS ein:

- Mastitis: akute und chronische Mastitis bis 150 Tage nach der Abkalbung
- frühe Fruchtbarkeitsstörungen: Gebärmutterentzündung, Nachgeburtsverhaltung, puerperale Erkrankungen bis 90 Tage nach der Abkalbung
- Zysten: 30 bis 150 Tage nach der Abkalbung
- Milchfieber (Gebärparese, Festliegen): ±10 Tage um die Abkalbung

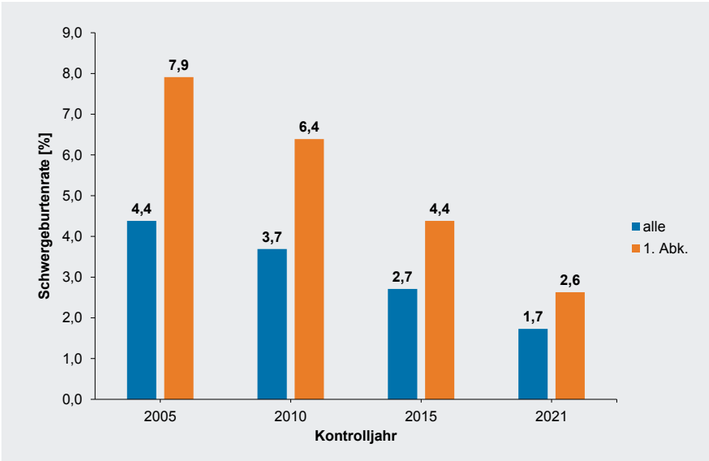


Abbildung 6: Entwicklung der Schwergeburtenrate für alle bzw. die 1. Abkalbung beim Fleckvieh (ZuchtData, 2005–2021)

Zusätzlich werden auch die Abgänge aufgrund von Eutererkrankung bzw. Unfruchtbarkeit berücksichtigt.

Der Mastitis-ZW ist Teil des Eutergesundheitswerts (70% Zellzahl, 30% Mastitis), frühe Fruchtbarkeitsstörungen und Zysten sind mit fast 50% Gewicht wichtiger Teil

Fleckvieh Kälber (Foto: Kottik, BOKU).

des Fruchtbarkeitswerts. Über den EGW und den FRW gehen die Gesundheitsmerkmale seit 2013 direkt in den GZW ein *(Fürst und Egger-Danner, 2014)*. Die Zuchtwerte für Milchfieber werden vorerst nur separat veröffentlicht. Seit April 2021 liegen Mastitis, frühe Fruchtbarkeitsstörungen und Zysten als genomische Zuchtwerte (Single-Step) vor.

Die genetischen Trends für die Gesundheitsmerkmale sind stabil bzw. bei der Mastitis, auch durch den positiven Zusammenhang zur Zellzahl, leicht positiv.

Geplante neue Merkmale in der ZWS

Ein wichtiger Bereich hinsichtlich des Wohlbefindens der Kühe ist der Komplex der Klauengesundheit. Derzeit wird an der Entwicklung einer genomischen ZWS (Single-Step) für Klauengesundheit für die Rassen Fleckvieh, Brown Swiss und voraussichtlich auch die zahlenmäßig kleineren Rassen gearbeitet. Basis dafür sind tierärztliche Diagnosen, Befunde von Klauenpfleger:innen und Beobachtungen der Landwirt:innen. Für die Rasse Holstein führt das VIT Verden bereits seit 2019 eine ZWS für Klauengesundheit durch *(VIT, 2021)*.

Wie bereits erwähnt, gibt es aus dem Stoffwechselkomplex bereits seit 2010 eine konventionelle ZWS für das Milchfieber. Die Gebärparese (Festliegen) ist sicherlich ein sehr wichtiges Merkmal und auch tierwohlrelevant, beschreibt aber nur einen Teil der Stoffwechselstabilität. Neben dem Milchfieber kommen vor allem tierärztliche Diagnosen zu Ketose, Azidose und Labmagenverlagerung und diverse Hilfsmerkmale (Körperkondition, Ketotest-Ergebnisse usw.) in Frage. Für die Rasse Holstein hat VIT Verden bereits Zuchtwerte für Stoffwechselstabilität (Milchfieber, Ketose, Labmagenverlagerung) eingeführt und in den Gesamtzuchtwert integriert *(VIT, 2021)*.

Fazit

Die Bedeutung von Tierwohl, Fitness und Gesundheit ist in den letzten Jahrzehnten in der österreichischen Milchrinderzucht sehr stark gestiegen. Mittlerweile werden bei fast allen Rassen die Fitness- und Gesundheitsmerkmale im Zuchtziel (Gesamtzuchtwert) höher gewichtet als die Milchleistungsmerkmale. Allerdings sieht es mit der genetischen Weiterentwicklung durch die überwiegend niedrigen Erblichkeiten, die teilweise geringen Datenmengen bei diesen Merkmalen und den negativen genetischen Zusammenhang mit Milchleistung beim Zuchtfortschritt nicht ganz so erfreulich aus. Bei der Milchleistung wird dadurch doch deutlich mehr Zuchtfortschritt erzielt. Nichtsdestotrotz ist es in den letzten Jahren und Jahrzehnten gelungen, trotz stark gestiegener Milchleistung, auch bei den meisten Fitness- und Gesundheitsmerkmalen eine zumindest stabile bis leicht positive Entwicklung zu erzielen. Eine weitere Verschiebung der Gewichtung im Zuchtziel in Richtung Fitness und Gesundheit könnte durch die Hereinnahme von neuen Gesundheitsmerkmalen in den nächsten Jahren erfolgen. Entwicklungen wie die ZWS für Klauengesundheit, sowie die ebenfalls in Vorbereitung befindliche ZWS für Stoffwechselstabilität, werden bei entsprechender Berücksichtigung im Zuchtziel die positive Entwicklung bei den tierwohlrelevanten Merkmalen weiter vorantreiben. Neben den unmittelbaren Fortschritten in der ZWS werden auch die im Rahmen der genomischen Selektion berücksichtigten Erbfehler und die natürliche Hornlosigkeit hinsichtlich Tierwohl weiter eine große Rolle spielen. Bereits bisher spielten Innovationen, die vielleicht nicht vordergründig in Richtung Gesundheit oder Tierwohl entwickelt wurden, eine große Rolle zur züchterischen Verbesserung. Das gilt ganz besonders für die genomische ZWS bzw. Selektion, die für den Fitness- und Gesundheitsbereich speziell wichtig war und ist. Dies betrifft nicht nur die deutliche Erhöhung der ZW-Sicherheiten und damit die besseren Selektionsmöglichkeiten bei den Fitnessmerkmalen, sondern auch die Möglichkeit, Träger von Erbfehlern oder genetische Besonderheiten wie Hornlosigkeit zu erkennen. Auch in Zukunft wird es notwendig sein, Weiterentwicklungen und innovative Lösungen für züchterische Zwecke zu nutzen. Das betrifft die riesigen Datenmengen von diversen Sensoren, die mittlerweile in der Rinderwirtschaft etabliert sind. In dieser Fülle an Daten (Big Data) stecken auch viele tierwohlrelevante Informationen, auch hinsichtlich des Tierverhaltens ist Potenzial vorhanden. Die Herausforderung wird sein, aus dieser Datenflut weitere sinnvolle, für die Zucht nutzbare Parameter abzuleiten.

Literaturverzeichnis

Egger-Danner C, 1993. Zuchtwertschätzung für Merkmale der Langlebigkeit beim Rind mit Methoden der Lebensdaueranalyse. Dissertation, Institut für Nutztierwissenschaften, Universität für Bodenkultur Wien

Egger-Danner C, Fürst-Waltl B, Obritzhauser W, Fürst C, Schwarzenbacher H, Grassauer B, Mayerhofer M, Koeck A, 2012a. Recording of direct health traits in Austria – Experience report with emphasis on aspects of availability for breeding purposes. *Journal of Dairy Science* 95(5): 2765–77. *https://doi.org/10.3168/jds.2011-4876*

Egger-Danner C, Willam A, Fürst C, Schwarzenbacher H, Fürst-Waltl B, 2012b. Hot topic: Effect of breeding strategies using genomic information on fitness and health. *Journal of Dairy Science* 95(8): 4600–4609. *https://doi.org/10.3168/jds.2012-5323*

Fürst C, Koeck A, Egger-Danner C, Fürst-Waltl B, 2011. Routine genetic evaluation for direct health traits in Austria and Germany. Interbull Bulletin 44: 210–215.

Fürst C, Egger-Danner C, 2014. Inclusion of direct health traits in the total merit index of Fleckvieh and Brown Swiss cattle in Austria and Germany. *ICAR Conference Berlin*, 19.–23.5.2014.

Fürst C, Dodenhoff J, Egger-Danner C, Emmerling R, Hamann H, Krogmeier D und Schwarzenbacher H, 2021. Zuchtwertschätzung beim Rind – Grundlagen, Methoden und Interpretationen. abgerufen am 01.09.2022, *http://www.zar.at/download/ZWS/ZWS.pdf*

Fürst-Waltl B, Fürst C, Obritzhauser W, Egger-Danner C, 2016. Sustainable breeding objectives and possible selection response: Finding the balance between economics and breeders' preferences. *Journal of Dairy Science* 99(12): 9796–9809. *https://doi.org/10.3168/jds.2016-11095*

Fürst-Waltl B, Fürst, C 2010. Mortality in Austrian dual purpose Fleckvieh calves and heifers. *Livestock Science* 132(1–3): 80–86. *https://doi.org/10.1016/j.livsci.2010.05.005*

Fürst-Waltl B, Schwarzenbacher H, 2021. Züchterische Verbesserung der Stoffwechselstabilität. ZAR Seminar 2021 – Strategien zur Stoffwechsel stabilen Milchkuh. 61–72.

Miesenberger J, 1997. Zuchtzieldefinition und Indexselektion für die österreichische Rinderzucht. Dissertation, Institut für Nutztierwissenschaften, Universität für Bodenkultur Wien

VIT, 2021. Beschreibung der Zuchtwertschätzung für alle Schätzmerkmale bei den Milchrinderrassen für die vit mit der Zuchtwertschätzung beauftragt ist. abgerufen am 01.09.2022, *https://www.vit.de/fileadmin/DE/Zuchtwertschaetzung/Zws_Bes_deu.pdf*

ZuchtData, 2005–2021. ZuchtData Jahresbericht 2005–2021, abgerufen am 01.09.2022, *https://www.rinderzucht.at/downloads/jahresberichte.html*

Rotbunte, Braunvieh, Holstein Friesian (Foto: Kottik, BOKU).

Zucht auf gutes Verhalten beim Schwein

Lotta Rydhmer[1,*]

[1] *Department of Animal Breeding and Genetics, Swedish University of Agricultural Sciences, Box 7023, 750 07 Uppsala, Schweden*

**Korrespondierende Autorin: lotta.rydhmer@slu.se*

Den englischen Originalbeitrag „Breeding pigs for good behaviour" finden Sie hier.

Highlights

- Die meisten Schweine in kommerzieller Haltung werden in einer reizarmen Umgebung gehalten, was das Risiko von schädigenden Verhaltensweisen wie Schwanzbeißen erhöht
- Schwanzbeißen und aggressives Verhalten sind vererbbare Merkmale und durch Selektion bearbeitbar, aber es ist schwierig diese Verhaltensmerkmale in großem Maßstab zu erfassen
- Das „Soziale Modell", das direkte und soziale Zuchtwerte (ZW) hinsichtlich Wachstumsrate liefert, ermöglicht die Selektion auf gutes Verhalten ohne Verhaltensmerkmale erfassen zu müssen
- Neue Technologien und Methoden, wie z. B. Sensoren und Bildanalyse, ermöglichen die Erfassung sozialer und agonistischer Verhaltensweisen
- Weitere Studien im Bereich der Verhaltensgenetik sind immer erwünscht, aber es gibt bereits Erkenntnisse, die von Zuchtunternehmen, die sich um ein besseres Wohlergehen der Tiere bemühen, genutzt werden können

Was für ein Tier ist das Schwein?

George Orwell, der Autor des Klassikers „Farm der Tiere", scheint die kognitiven Fähigkeiten der Schweine gekannt zu haben, denn er schrieb: „Natürlich fiel die Aufgabe, die Übrigen zu unterweisen und zu organisieren, den Schweinen zu, welche allgemein als die klügsten der Tiere galten." *(Orwell, 1945)*

Schweine sind in Gruppen lebende soziale Wesen mit ausgeprägten kognitiven Fähigkeiten. Sie sind Generalisten und Omnivoren, d. h. sie können fast alles fressen und passen sich an viele verschiedene Umgebungen an, und sie verbringen einen großen Teil des Tages mit Erkundungsverhalten und Nahrungssuche. Ein erfolgreich in der Wildnis lebender Omnivore muss auf Grund der variierenden Verfügbarkeit von Futter einen starken Erkundungstrieb haben. Domestizierte Schweine in naturnahen Haltungsbedingungen verbringen bis zur Hälfte ihrer wachen Zeit mit der Nahrungssuche, Wühlen und Kauen *(Stolba und Wood-Gush, 1989)*. In kommerziellen Haltungsbedingungen gibt es allerdings nicht viel, was Schweine erkunden könnten. Die Schweine werden in statischen, reizarmen Buchten gehalten, in denen sie nur zweimal am Tag gefüttert werden und die Futteraufnahme in wenigen Minuten beendet ist. In einer solch langweiligen Umgebung sind die anderen Tiere in der Bucht das Einzige, was sich zu erkunden lohnt – zumindest bewegen sie sich und können auf Erkundungsverhalten reagieren *(Abbildung 1)*.

Soziales und schädigendes Verhalten beim Schwein

Wildschweine leben in stabilen Gruppen und vermeiden dadurch aggressives Verhalten. Im Gegensatz dazu werden in den meisten Schweineproduktionssystemen immer wieder Gruppen unbekannter Schwein gemischt, was zu Auseinandersetzungen zwischen den Tieren führt, um die Rangordnung neu festzulegen. Diese sozialen Auseinandersetzungen kosten Energie und können Haut- und andere Verletzungen verursachen. *Turner et al. (2001)* zeigten, dass Schweine unbekannte Artgenossinnen und Artgenossen in Gruppen bis zu 80 Tieren identifizieren können. Auch in stabilen Gruppen kommt aggressives Verhalten vor (allerdings viel seltener als nach dem Mischen), um die Hierarchie aufrechtzuerhalten und den Zugang zu Futter zu kontrollieren *(Fraser, 1984)*. Spiel- und Ruheverhalten, gemeinsames Fressen (Geselligkeit) sowie Manipulation von Tieren in der Bucht („nosing", beknabbern, besaugen, beißen) sind weitere Beispiele für soziales Verhalten in stabilen Gruppen.

Aggressives Verhalten

Schweine zeigen stabile individuelle Unterschiede über die Zeit hinsichtlich aggressivem Verhalten wie z. B. Einschüchtern, Bedrohen, Beißen, gewalttätiges Schubsen und Jagen. Geschätzte Heritabilitäten von aggressivem Verhalten nach dem Mischen von Gruppen schwanken zwischen 0–0,5 *(z. B. Løvendahl et al., 2005, Turner et al., 2006, 2009, Hellbrügge et al., 2008, Stukenborg et al., 2012, Appel et al., 2016, Scheffler et al., 2016)*. Im Allgemeinen scheint die Heritabilität für die Ausübung aggressiven Verhaltens („Actor") höher zu sein als jene für dessen Erleiden („Receiver") – allerdings ist es viel einfacher die „Receiver" zu identifizieren (durch Erfassung von Hautverletzungen). Läsionen im Kopfbereich deuten darauf hin, dass das Tier ein:e Angreifer:in ist, Läsionen im hinteren Körperbereich hingegen deuten auf einen „Receiver" hin *(Turner et al., 2009)*. Sowohl die Anzahl an Läsionen nach dem Mischen unbekannter Tiere sowie jene in stabilen Gruppen sind vererbbare Merkmale *(Desire et al., 2015)*. Die Aufzeichnung von Hautläsionen im Kopfbereich von gemischten Gruppen erscheint als eine machbare Merkmalserfassung in Nukleusherden und kann nach *Desire et al. (2016)* zur Selektion gegen reziprokes und nichtreziprokes aggressives Verhalten bei Mastschweinen verwendet werden. Für Sauen scheint die direkte Beobachtung von aggressivem Verhalten beim Mischen (nach dem Absetzen) auch in großem Maßstab durchführbar zu sein *(Løvendahl et al., 2005)*.

Schwanzbeißen

Ob ein Schwein Schwanzbeißen aktiv ausführt, gebissen wird, oder überhaupt nicht von Schwanzbeißen betroffen ist, ist vom Genotyp des Tieres selbst aber auch vom Genotyp der Buchtengenossinnen und Buchtengenossen abhängig (sowie von der Haltungsumwelt, *Brunberg et al., 2016*). Auch für dieses Verhalten scheint die Heritabilität für „Actor" höher zu sein als für „Receiver", allerdings ist die Erfassung schwierig und es gibt dazu nur wenige quantitative genetische Studien. Sogenannte neutrale Schweine sind weder Beißer noch Opfer in Gruppen, in denen Schwanzbeißen auftritt. *Wilson et al. (2012)* zeigten, dass spezifische genetische Marker mit neutralem Verhalten und andere mit Beißer- oder Opferverhalten assoziiert waren. Darüber hinaus stellten *Brunberg et al. (2013)* fest, dass sich die Expression vieler Gene nicht zwischen Beißern und Opfern unterschied, wohl aber zwischen diesen und neutralen Schweinen. Aus diesem Grund sollte der Nutzen von neutralen Schweinen in einem Zuchtprogramm zur Reduktion von schädigendem Verhalten weiter untersucht werden.

Das „Soziale Modell" zur genetischen Zuchtwertschätzung

Buchtengenossinnen und Buchtengenossen sind vermutlich die wichtigsten Elemente der Umgebung eines Schweines und ihr Einfluss, ob positiv oder negativ, wird durch ihren Genotyp bestimmt. Das von *Muir (2005)* und *Bijma et al. (2007)* entwickelte soziale Modell hinsichtlich der Wachstumsrate (auch Gruppenmodell) umfasst zwei genetische Effekte: einen direkten genetischen Effekt, der die eigene Wachstumsfähigkeit der Schweine erklärt, und einen sozialen (indirekten) genetischen Effekt, der die Fähigkeit erklärt, das Wachstum der Tiere in der Bucht zu beeinflussen *(Abbildung 2)*. Der sozialgenetische Effekt hinsichtlich Wachstumsrate ist wahrscheinlich mit „gutem" oder „schlechtem" Verhalten verbunden, aber das Verhalten an sich wird nicht durch das „Soziale Modell" beschrieben – das analysierte Merkmal ist die Wachstumsrate und Aufzeichnungen dazu sowie zur Gruppenzusammensetzung sind in Datenbanken von Zuchtorganisationen verfügbar (Mit dem „Sozialen Modell" können auch andere Merkmale analysiert werden, für Schweine wurde es hauptsächlich im Zusammenhang mit Wachstumsrate verwendet). Die statistische Auswertung des sozialen Modells ist anspruchsvoll und große Datensätze werden benötigt (z. B. *Bergsma et al., 2008, Chen et al., 2009, Canario et al., 2012, Nielsen et al., 2018*).

Mit dem „Sozialen Modell" werden für jedes Schwein zwei ZW – ein direkter und ein sozialer ZW – ermittelt. In einem kompetitiven Umfeld mit restriktiver Fütterung sind direkter und sozialer Effekt negativ korreliert. Unter solchen Bedingungen wirkt sich die Selektion auf den direkten Effekt (Wachstumsrate des Einzeltieres) negativ auf das Wachstum von Buchtengenossinnen und Buchtengenossen aus und vermutlich auch auf deren Wohlergehen.

Abbildung 1: Schweine sind neugierige Tiere, in den meisten Buchten gibt es allerdings nicht viel zu erkunden. Diese Ferkel genießen zumindest etwas Stroheinstreu (Foto: Svennäs-Gillner, SLU)

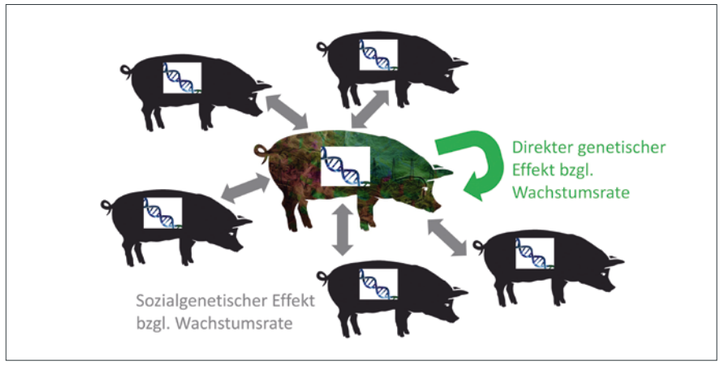


Abbildung 2: Basierend auf großen Datenbanken von Zuchtorganisationen können der direkte und der sozialgenetische Effekt bzgl. Wachstumsrate von Schweinen verwendet werden, um direkte und soziale Zuchtwerte zu schätzen (Bild: Rydhmer, SLU; Schweine von Saarkoppel, SLU)

Unterschiede zwischen Schweinen mit hohen und niedrigen sozialen Zuchtwerten

Das aggressive Verhalten von Schweinen mit hohen und niedrigen sozialen ZW bzgl. Wachstum ist komplex. Schweine mit hohen sozialen ZW zeigen beim Mischen von Gruppen tendenziell ein aggressiveres Verhalten, später in stabilen Gruppen jedoch weniger *(Rodenburg et al., 2010, Canario et al., 2012)*. *Canario et al. (2012)* schlugen vor, dass in einer Umgebung, in der es keine Notwendigkeit gibt um Futter zu konkurrieren und in der die Korrelation zwischen dem direkten und dem sozialen ZW positiv ist, Schweine mit hohen sozialen ZW beim Mischen von Gruppen mehr Kämpfe initiieren und gewinnen, was eine schnelle Etablierung der sozialen Rangordnung innerhalb der Gruppe erleichtert.

Sobald die sozialen ZW bzgl. Wachstumsrate geschätzt wurden, können Schweine mit hohen und niedrigen sozialen ZW in Verhaltensstudien verglichen werden. Dieses Studiendesign mit den beiden Gruppen an den beiden äußeren Enden der Normalverteilung kann unser Wissen über die Verhaltensgenetik mit einer begrenzten Anzahl von Tieren im Vergleich zu Verhaltensstudien an einer Zufallsstichprobe der

gesamten Population erweitern. *Camerlink et al. (2013)* fanden keinen Unterschied zwischen Schweinen mit hohen und niedrigen sozialen ZW bei der Anzahl der Hautläsionen in einem „Re-Grouping-Test". Wenn die getesteten Schweine jedoch nach einer 24-stündigen Trennung (bedingt durch den Test) auf vertraute Buchtengenossinnen und Buchtengenossen trafen, zeigten Schweine mit hohen sozialen ZW weniger aggressives Verhalten als Schweine mit niedrigen sozialen ZW. Blutwerte aus Proben, die vor und nach dem „Re-Grouping-Test" entnommen wurden, zeigten, dass Schweine mit hohen sozialen ZW durch den Test weniger gestresst waren *(Reimert et al., 2014, Dervishi et al., 2018)*. Mastschweine mit hohen sozialen ZW scheinen ruhiger zu sein, da sie mehr Zeit im Liegen verbringen *(Canario et al., 2012)*. *Hong et al. (2018)* fanden in einer kleinen Studie, dass Schweine mit einem hohen sozialen ZW nach dem Mischen von Gruppen mehr Zeit mit Fressen verbrachten und häufiger gemeinsam mit anderen Tieren aus der Gruppe fraßen.

Schweine mit hohen sozialen ZW sind weniger ängstlich *(Reimert et al., 2014)* und zeigen weniger Beißverhalten *(Camerlink et al., 2015)*. *Hong et al. (2015)* schätzten in einer sehr großen Studie genetische Korrelationen zwischen dem sozialen Effekt bzgl. Wachstum von Jungsauen und der Langlebigkeit (keine genetische Korrelation) und Wurfgröße (positive genetische Korrelation).

Aus den oben genannten Studien geht hervor, dass Schweine mit hohen sozialen ZW bzgl. Wachstumsrate offenbar ein „angemesseneres" Aggressionsverhalten zeigen (sie bauen schneller ihren sozialen Rang auf), weniger zum Schwanzbeißen neigen, besser mit Stress umgehen können, weniger ängstlich sind und eine bessere Reproduktionsleistung haben.

Berücksichtigung von sozialem und schädigendem Verhalten in der Zucht

Das „soziale Modell" kann ein wertvolles Instrument für die Zucht werden. Es werden auch andere statistische Modelle für Verhaltensmerkmale entwickelt, wie z. B. die Analyse sozialer Netzwerke, um direkte und indirekte Interaktionen zwischen Tieren zu berücksichtigen, und die „Capture-Recapture"-Analyse, um fehlende Daten durch Schätzung der Wahrscheinlichkeit von Verhaltensweisen zu ersetzen *(Canario et al., 2020)*.

Fehlende phänotypische Aufzeichnungen erschweren die Einbeziehung von sozialem und schädigendem Verhalten in die Zuchtarbeit. Sensoren könnten zur Datenerfassung eingesetzt werden und diese mittels genomischer Auswertung zu Zuchtwerten mit hoher Genauigkeit führen *(Rodenburg et al., 2019)*. Die fortschreitende technische Entwicklung eröffnet jedenfalls neue Aufzeichnungsmöglichkeiten (z. B. Kameras, Beschleunigungssensoren, Zeitmess- und Positionierungssysteme) die oft riesige Datenmengen liefern, so dass auch die Entwicklung von Datenmanagement und -analyse (z. B. künstliche Intelligenz für Bildanalyse) erforderlich ist.

Routinemäßiges Schwanzkürzen ist in vielen europäischen Ländern verboten, aber die rechtlichen Folgen des unerlaubten Kupierens sind offenbar nicht ausreichend, um die Zuchtziele (oder die Managementroutine) zu ändern. Der Wertewandel in der Gesellschaft und bei den Verbraucher:innen könnte dazu führen, dass das Schwanzkupieren in naher Zukunft nicht mehr akzeptiert wird. Dies könnte eine Triebfeder für veränderte Zuchtziele sein. Ein typisches gegenwärtiges Zuchtziel für Schweine umfasst Merkmale in Bezug auf Produktion, Reproduktion, Langlebigkeit und Gesundheit. Eine Erweiterung um Schwanzbeißen oder aggressives Verhalten würde die Gewichtung der einzelnen Merkmale verringern und könnte somit den genetischen Fortschritt bei den derzeitigen Merkmalen schmälern. Ungünstige genetische Korrelationen zwischen z. B. aggressivem Verhalten und Magerfleischansatz würden den Fortschritt weiter verringern. Dennoch kann der wirtschaftliche Wert der gesamten genetischen Verbesserung durch die Einbeziehung des Schwanzbeißens und/oder des aggressiven Verhaltens steigen. Gleichzeitig würde ein solches Zuchtziel das Tierwohl verbessern.

Die optimale relative Gewichtung der einzelnen Merkmale in einem Zuchtziel wird häufig mit einem bioökonomischen Modell berechnet das Kosten und Nutzen berücksichtigt, wobei der wirtschaftliche Wert einer genetischen Veränderung der einzelnen Merkmale geschätzt wird. Schwanzbeißen oder aggressives Verhalten können jedoch für das Wohlergehen der Tiere wichtiger sein als für den kurzfristigen wirtschaftlichen Gewinn auf Betriebsebene, weswegen die wirtschaftliche Gewichtung aus dem bioökonomischen Modell angepasst werden sollte. Aber wie hoch ist der Wert von verbessertem Tierwohl (zusätzlich zum gesteigerten monetären Wert)? Was sind die Kosten von Schmerz und Angst? Der genetische Fortschritt, der sich aus alternativen Zuchtzielen ergibt, bei denen Schwanzbeißen und aggressives Verhalten mit niedrigeren oder höheren relativen Gewichten einbezogen werden, kann simuliert werden. Die Ergebnisse solcher Simulationen können als Grundlage für die Diskussion über Zuchtziele und Gewichtungen innerhalb von Zuchtverbänden und -unternehmen sowie Interessensgruppen und Bäuerinnen und Bauern dienen.

Zuchtorganisationen, die ein besseres Wohlergehen der Tiere anstreben, könnten gegen Schwanzbeißen und aggressives Verhalten selektieren. Eine groß angelegte Erfassung dieser Verhaltensweisen ist zwar kompliziert, aber nicht unmöglich. Als Alternative könnte das „Soziale Modell" zur Selektion von Schweinen mit hohen sozialen ZW bzgl. der Wachstumsrate verwendet werden.

Vertiefende Lektüre

Rydhmer L, 2021. Advances in understanding the genetics of pig behaviour. In: *Understanding the behaviour and improving the welfare of pigs*. Ed: Edwards, S. Burleigh Dodds Science Publishing. ISBN-13: 9781786764430. S. 3–26. (open access)

Rydhmer L & Canario L, 2022. Behavioural genetics in pigs and relations to welfare. In: *Genetics and the behaviour of domestic animals*. 3. Auflage, Hrsg.: Grandin, T. & Deesing, M. Elsevier.

Literaturverzeichnis

Appel A K, Voß B, Tönepöhl B, König von Borstel U, Gauly M, 2016. Genetic associations between maternal traits and aggressive behaviour in Large White sows. *Animal* 10(7): 1234–1242. https://doi.org/10.1017/S1751731116000045

Bergsma R, Kanis E, Knol E F, Bijma P, 2008. The contribution of social effects to heritable variation in finishing traits of domestic pigs *(Sus scrofa)*. *Genetics* 178(3): 1559–1570. https://doi.org/10.1534/genetics.107.084236

Bijma P, Muir W M, Van Arendonk J A M, 2007. Multilevel selection 1: quantitative genetics of inheritance and response to selection. *Genetics* 175(1): 277–288. https://doi.org/10.1534/genetics.106.062711

Brunberg E, Jensen P, Isaksson A, Keeling L J, 2013. Behavioural and brain gene expression profiling in pigs during tail biting outbreaks – Evidence of a tail biting resistant phenotype. *PLoS ONE* 8(6): e66513. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0066513

Brunberg E I, Rodenburg T B, Rydhmer L, Kjaer J B, Jensen P, Keeling L J, 2016. Omnivores going astray: A review and new synthesis of abnormal behavior in pigs and laying hens. *Frontiers in Veterinary Science* 3: 57. https://doi.org/10.3389/fvets.2016.00057

Camerlink I, Turner S P, Bijma P, Bolhuis J E, 2013. Indirect genetic effects and housing conditions in relation to aggressive behaviour in pigs. *PLoS ONE* 8(9): e65136. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0065136

Camerlink I, Ursinus W W, Bijma P, Kemp B, Bolhuis J E, 2015. Indirect genetic effects for growth rate in domestic pigs alter aggressive and manipulative biting behaviour. *Behavioural Genetics* 45: 117–126. https://doi.org/10.1007/s10519-014-9671-9

Canario L, Turner S P, Roehe R, Lundeheim N, D'Eath R B, Lawrence A B, 2012. Genetic associations between behavioral traits and direct-social effects of growth rate in pigs. *Journal of Animal Science* 90(13): 4706–4715. https://doi.org/10.2527/jas.2012-5392

Canario L, Bijma P, David I, Camerlink I, Martin A, Rauw W M, Flatres-Grall L, van der Zande L, Turner S P, Larzul C, Rydhmer L, 2020. Prospects for the analysis and reduction of damaging behaviour in group-housed livestock, with application to pig breeding. *Frontiers in Genetics* 11: 611073. https://doi.org/10.3389/fgene.2020.611073

Chen C Y, Johnson R K, Newman S, Kachman S D, van Vleck L D, 2009. Effects of social interactions on empirical responses to selection for average daily gain of boars. *Journal of Animal Science* 87(3): 844–849. https://doi.org/10.2527/jas.2008-0937

Desire S, Turner S P, D'Eath R B, Doeschl-Wilson A B, Lewis C R G, Roehe R, 2015. Genetic associations of short- and long-term aggressiveness identified by skin lesions with growth, feed efficiency, and carcass characteristics in growing pigs. *Journal of Animal Science* 93(7): 3303–3312. https://doi.org/10.2527/jas.2014-8823

Desire S, Turner S P, D'Eath R B, Doeschl-Wilson A B, Lewis C R, Roehe R, 2016. Prediction of reduction in aggressive behaviour of growing pigs using skin lesion traits as selection criteria. *Animal* 10(8): 1243–1253. https://doi.org/10.1017/S1751731116000112

Dervishi E, Zande L, Reimert I, Pramod M K, Knol E F and Plastow G S, 2018. PSIX-15 A pilot study to investigate the relationship between social behavior and serum metabolite concentration in finisher pigs. *Journal of Animal Science* 96(Issue supplement 3): 12. https://doi.org/10.1093/jas/sky404.027

Fraser D, Kramer D L, Pajor E A, Weary D M, 1995. Conflict and cooperation: sociobiological principles and the behavior of pigs. *Applied Animal Behaviour Science* 44(2–4): 139–157. https://doi.org/10.1016/0168-1591(95)00610-5

Hellbrügge B, Tölle K H, Bennewitz J, Henze C, Presuhn U, Krieter J, 2008. Genetic aspects regarding piglet losses and the maternal behaviour of sows. Part 2. Genetic relationship between maternal behaviour in sows and piglet mortality. *Animal*. 2(9): 1281–1288. https://doi.org/10.1017/S1751731108002516

Hong J K, Kim K H, Song N R, Choi T, Hwang H S, Lee J K, Eom T K, Rhim S J, 2018. Social behavior and group growth of finishing pigs with divergent social breeding values. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias* 31(4): 267–275. https://doi.org/10.17533/udea.rccp.v31n4a03

Hong J K, Kim Y M, Cho K H, Cho E S, Lee D H, Choi T J, 2019. Genetic association between sow longevity and social genetic effects on growth in pigs. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences* 32(8): 1077–1083. https://doi.org/10.5713/ajas.18.0789

Lövendahl P, Damgaard L H, Nielsen B L, Thodberg K, Su G, Rydhmer L, 2005. Aggressive behaviour of sows at mixing and maternal behaviour are heritable and genetically correlated traits. *Livestock Production Science* 93(1): 73–85. https://doi.org/10.1016/j.livprodsci.2004.11.008

Muir W M, 2005. Incorporation of competitive effects in forest tree or animal breeding programs. *Genetics* 170(3): 1247–1259. https://doi.org/10.1534/genetics.104.035956

Nielsen H M, Ask B, Madsen P, 2018. Social genetic effects for growth in pigs differ between boars and gilts. *Genetic Selection Evolution* 50(1): 1–10. https://doi.org/10.1186/s12711-018-0375-0

Orwell G, 1945. Animal Farm: A fairy story. Secker and Warburg, London, England.

Reimert I, Rodenburg T B, Ursinus W W, Kemp B, Bolhuis J E, 2014. Selection based on indirect genetic effects for growth, environmental enrichment and coping style affect the immune status of pigs. *PLoS ONE* 9(10): e108700. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0108700

Rodenburg T B, Bijma P, Ellen E D, Bergsma R, de Vries S, Bolhuis J E, 2010. Breeding amiable animals? Improving farm animal welfare by including social effects in breeding programmes. *Animal Welfare* 19 (Supplement 1): 77–82.

Rodenburg T B, van der Zande L, de Haas E N, Kostal L, Pichova K, Piette D, Tetens J, Visser B, de Klerk B, van der Sluis M, Bennewitz J, Siegford J, Norton T, Guzhva O, Ellen E D, 2019. Reduce damaging behaviour in laying hens and pigs by developing sensor technologies to inform breeding programs. In: *Animal lives worth living Proc.* 53rd Congress of the International Society for Applied Ethology, Ed: Ruth C. Newberry, R.C., Braastad, B.O.

Scheffler K, Stamer E, Traulsen I, Krieter J, 2016. Estimation of genetic parameters for agonistic behaviour of pigs at different ages. *The Journal of Agricultural Science* 154(4): 732–741. *https://doi.org/10.1017/S0021859616000010*

Stolba A, Wood-Gush D G M, 1989. The behaviour of pigs in a semi-natural environment. *Animal Science* 48(2): 419–425. *https://doi.org/10.1017/S0003356100040411*

Stukenborg A, Traulsen I, Stamer E, Puppe B, Presuhn U, Krieter J, 2012. Heritabilities of agonistic behavioural traits in pigs and their relationships within and between different age groups. *Livestock Science* 149(1–2): 25–32. *https://doi.org/10.1016/j.livsci.2012.06.020*

Turner S P, Horgan G W, Edwards S, 2001. Effect of social group size on aggressive behaviour between unacquainted domestic pigs. *Applied Animal Behaviour Science* 74(3): 203–215. *https://doi.org/10.1016/S0168-1591(01)00168-X*

Turner S P, White I M S, Brotherstone S, Farnworth M J, Knap P W, Penny P, 2006. Heritability of post-mixing aggressiveness in grower-stage pigs and its relationship with production traits. *Animal Science* 82(5): 615–620. *https://doi.org/10.1079/ASC200678*

Turner S P, Roehe R, D'Eath R B, Ison S H, Farish M, Jack M C, 2009. Genetic validation of post-mixing skin injuries in pigs as an indicator of aggressiveness and the relationship with injuries under more stable social conditions. *Journal of Animal Science* 87(10): 3076–3082. *https://doi.org/10.2527/jas.2008-1558*

Wilson K, Zanella R, Ventura C, Johansen H L, Framstad T, Janczak A, Zanella A J, Neibergs H L, 2012. Identification of chromosomal location associated with tail biting and being a victim of tail-biting behaviour in the domestic pig *(Sus scrofa domesticus). Journal of Applied Genetics* 53: 449–456. *https://doi.org/10.1007/s13353-012-0112-2*

AUS DEM FORSCHER:INNENBÜRO

Intakte Brustbeine bei Legehennen – Welchen Beitrag kann die Zucht leisten?

Lisa Jung [1,], Dirk Hinrichs [1]*

[1] Universität Kassel, Fachgebiet Tierzucht, Nordbahnhofstraße 1a, 37213 Witzenhausen, Deutschland

**Korrespondierende Autorin: lisa.jung@uni-kassel.de*

Einleitung

Eine der wichtigsten Nutztierarten ist das Geflügel mit weltweit mehr als 7 Milliarden gehaltenen Legehennen *(Fernyhough et al., 2020)*. Während in den ersten Jahrzehnten der Selektion der Fokus auf Fruchtbarkeit, Legeleistung und Eiqualität lag, fordern seit einigen Jahren Landwirt:innen, Konsument:innen, Politik und Wissenschaft, dass auch das Tierwohl größere Beachtung in der Tierzucht findet. Ein Beispiel ist die Auswahl der Selektionskandidat:innen nach Gruppenleistung und nicht mehr auf rein individueller Ebene. Eine Henne mit der besten Einzelleistung kann für die Leistung als auch das Wohlbefinden der Herde, z. B. aufgrund aggressiven Verhaltens oder der Veranlagung zu einer Verhaltensstörung wie Federpicken, schädlich sein *(Rodenburg und Turner, 2012)*. Frakturen und Deformationen des Brustbeins gehören aktuell zu den schwerwiegendsten Problemen in der Haltung von Legehennen. Doch welchen Beitrag kann die Zucht zur Lösung dieses Tierwohlproblems leisten?

Das Brustbein

Das Brustbein, auch Sternum genannt, ist der größte Knochen der Hühner und schließt die Körperhöhle ventral (bauchseits) ab *(Abbildungen 1 und 2)*. Neben dem Schutz der innen liegenden Organe dient das Brustbein als Anhangsfläche für den kleinen ***(pectoralis minor)*** und den großen ***(pectoralis major)*** Brustmuskel. Außerdem beinhaltet das Brustbein, wie auch alle Röhrenknochen des Skeletts, eine besondere Knochenstruktur, die medullärer Knochen genannt wird und nur bei weiblichen Vögeln und Dinosauriern durch die Umbildung von bereits vorhandenen strukturellen Knochenanteilen vorkommt. Struktureller Knochen hat stützende und schützende Funktion, während medulläre Bestandteile der Kalziumspeicherung für die Eierschalenproduktion dienen. Um das Kalzium freizusetzen, wird der medulläre Knochen wieder abgebaut. Kann zu wenig Kalzium über die Nahrung aufgenommen und verfügbar gemacht werden und wird zu viel medullärer Bestandteil abgebaut, wird der gesamte Knochen instabil und es kann leichter zu Schäden kommen *(Abbildungen 3 und 4)*.

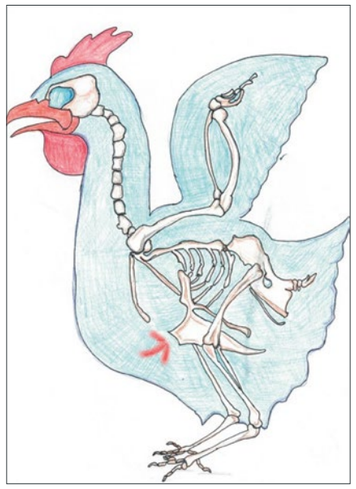


Abbildung 1: Schematische Darstellung eines Huhns mit der Lage des Brustbeins, gekennzeichnet durch den roten Pfeil (Zeichnung: Jung, UniKassel)

Brustbeinschäden

Der Begriff Brustbeinschaden umfasst mehrere Krankheitsbilder, die das Brustbein betreffen. Es werden Deformationen als auch Frakturen beobachtet, denen jeweils unterschiedliche Ursachen zu Grunde liegen können.

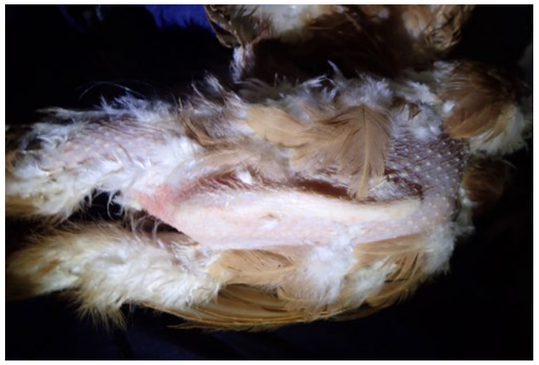


Abbildung 2: Lage des Brustbeins in einer lebenden Henne (Foto: Jung, UniKassel)

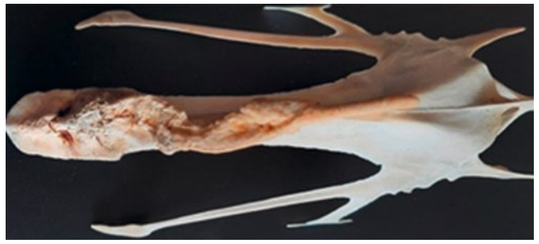


Abbildung 3: Sezierter Brustbeinknochen einer Legehenne mit Kallusmaterial (Foto: Jung, UniKassel)

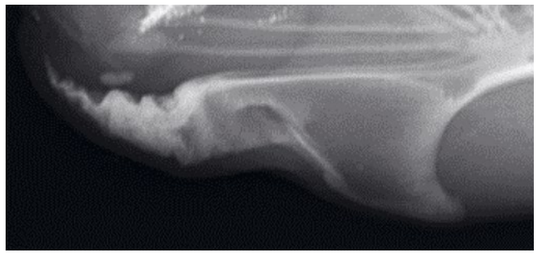


Abbildung 4: Röntgenbild Brustbein (Foto: Petow, FLI)

Brustbeinschäden werden in allen Haltungssystemen gefunden, wobei nahezu 100% der Herden betroffen sind. Die Spannbreite betroffener Tiere innerhalb einer Herde kann mit 3–97% stark variieren *(Heerkens et al., 2016, Rufener et al., 2018, Jung et al., 2019)*. Derzeit ist keine kommerzielle Genetik bekannt, die unter Praxisbedingungen keine oder kaum Brustbeinschäden aufweist. Im Gegenteil erleiden viele Tiere beides, Deformationen und Frakturen.

Brustbeinfrakturen können chronische Schmerzen verursachen *(Nasr et al., 2012a, 2013)* und die Bewegung einschränken *(Nasr et al., 2012b, Richards et al., 2012, Casey-Trott und Widowski, 2016)*. In einer Untersuchung von *Rufener et al. (2018)* am Aviforum Zollikofen, Schweiz, wurden Farbkapseln an Fokushennen verfüttert, um Eier individuell zuordnen und damit die Legeleistung sowie die Eiqualität mit Auswertungen von Röntgenbildern in Relation setzen zu können. Hier hat sich gezeigt, dass Hennen mit Frakturen vermehrt Eier verlegen und die Legeleistung nach der Legespitze negativ beeinflusst werden kann. Brustbeinschäden sind demnach ein Tierwohlproblem und können zu wirtschaftlichen Einbußen führen.

Wie geht das Brustbein kaputt?

Neben multiplen Einflussfaktoren wie z. B. Volieren mit ungünstigen An- und Abflugwinkeln, harte, rutschige Sitzstangen *(Stratmann et al., 2015)*, schlechte Lichtverhältnisse im Stall, untergewichtige Tiere *(Jung et al., 2019)* und Einfluss der Fütterung *(Fleming, 2008)* scheint auch die Zucht eine wichtige Rolle zu spielen.

Seit Beginn der Domestizierung und der Zucht auf hohe Legeleistung, ist die Eiproduktion von acht bis zwölf Eiern im Jahr bei den ursprünglichen Bankiva Hühnern *(Anwar et al., 2016)* auf mehr als 330 Eier im Jahr gestiegen. Für die Produktion jeder Eischale werden täglich ca. 3 g Kalzium benötigt (Habig und Distl, 2017). Die Aufnahme des Kalziums über das Futter ist jedoch nur begrenzt möglich (Hurwitz und Bar, 1965) und daher wird Kalzium zum Großteil aus den medullären Knochen bereitgestellt.

Maßnahmen in der Zucht

Ein Zusammenhang zwischen der Selektion auf hohe Legeleistung und dem Auftreten von Brustbeinschäden wurde in zahlreichen Untersuchungen gefunden *(Stratmann et al., 2016, Habig et al., 2017, Eusemann et al., 2018, 2020, Thøfner et al., 2021)*. Es wird vermutet, dass die Hennen aufgrund des frühen Legebeginns und der hohen Legeleistung und wenigen, kurzen Legepausen nicht genügend Möglichkeiten haben, ihre Knochen ausreichend zu remineralisieren und den Kalziumspeicher wieder aufzufüllen *(Whitehead und Flemming, 2000, Whitehead, 2004)*. *Kittelsen et al. (2021)* fanden große Prävalenzunterschiede zwischen betroffenen Red Jungle fowl (3,7–24%, Durchschnitt: 10%) und White Leghorn (37–90%, Durchschnitt: 69%). Auch *Candelotto et al. (2020)* fanden in ihrer Untersuchung zur Anfälligkeit für Brustbeinfrakturen bei Legehennen erhebliche Unterschiede in der Disposition und sahen den Einfluss der Genetik auf die Anfälligkeit für Brustbeinfrakturen bestätigt.

Die in den oben genannten Studien gefundenen Unterschiede lassen die Hypothese zu, dass innerhalb der Rassen und Zuchtlinien eine für die Selektion nutzbare genetische Variation existiert, wobei diese stark von der Rasse/Linie sowie dem erfassten Merkmal abhängig ist. Wichtig ist dabei nicht nur die Varianz, sondern auch die Erblichkeit des betreffenden Merkmals. Wie hoch der erbliche Anteil an einem Merkmal ist, wird mit der Heritabilität (h^2) ausgedrückt. Als Koeffizient kann h^2 zwischen 0 und 1 liegen, wobei $h^2 > 0{,}45$ als hoch, $0{,}2 < h^2 < 0{,}4$ als mittel und $0{,}01 < h^2 < 0{,}15$ als niedrig gelten. Ein h^2 von 0,15 bedeutet, dass 15% der beobachteten Variation genetisch begründet sind. Schätzwerte für Merkmale, die mit der Knochengesundheit in Bezug stehen sind in *Tabelle 1* aufgelistet.

Tabelle 1: Heritabilitäten für die Knochenmineraldichte (Verhältnis der mineralisierten Knochensubstanz zum Volumen), die Bruchfestigkeit und Deformationen aus unterschiedlichen Untersuchungen an Sternum, Humerus und Tibia in unterschiedlichen Genetiken und Lebenswochen

Merkmal	Quelle	h^2	Genetik	Alter in Wochen
Knochen-mineraldichte	Bishop et al. (2000)	0,39 (Sternum)	White Leghorn	70
	Jansen et al. (2020)	0,25 (Humerus) – 0,75 (Tibia)	WLA, BLA, L68, R11	51, 69
	Dunn et al. (2021)	0,03 (Sternum) – 0,59 (Tibia)	White Leghorn, Rhode Island Red	53–68
Bruchfestigkeit	Bishop et al. (2000)	0,30 (Humerus) – 0,45 (Tibia)	White Leghorn	70
	Raymond et al. (2018)	0,55 (Tibia)	LSL	End of lay
	Jansen et al. (2020)	0,17 (Tibia) – 0,58 (Tibia)	WLA, BLA, L68, R11	51, 69
	Dunn et al. (2021)	0,30 (Humerus) – 0,51 (Tibia)	White Leghorn, Rhode Island Red	53–68
Deformation	Andersson (2017)	0,15 (Sternum) – 0,30 (Sternum)	LSL	46, 70
	Zhang et al. (2022)	0,24 (Sternum) – 0,26 (Sternum)	White Leghorn	30, 46, 50

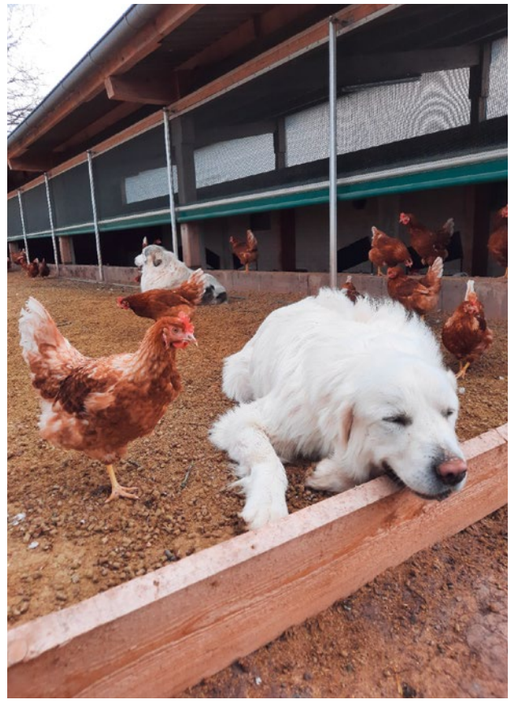
Deformierte Brustbeine (Fotos: Jung, UniKassel).

Insgesamt gibt es neben den in der *Tabelle 1* genannten, weitere Merkmale wie Frakturen, Verhältnis zwischen kortikalem und trabekulärem Knochen, Dicke des intakten kortikalen Knochens oder Knochengewicht, die mit der Knochengesundheit im Zusammenhang zu sehen sind. Auch physiologische Merkmale (z. B. Kalziumaufnahmekapazität), die mit dem Knochenstoffwechsel im Zusammenhang stehen, können für die Zucht von Interesse sein. Studienergebnisse zeigten, dass eine Selektion auf Knochengesundheit nicht gleichzeitig mit einer Minderung der Leistung einhergehen muss *(Flemming et al., 2006, Jansen et al., 2020)*.

In aktuellen Untersuchungen werden genomische Informationen genutzt, um Kandidatengene zu ermitteln, die an der Ausprägung dieser Merkmale beteiligt sind. Dabei gilt es zukünftig von wissenschaftlicher Seite noch genauer zu beschreiben, welche Merkmale praktikabel, reliabel und valide zu erfassen sind, wie hoch ihre Heritabilität ist und inwiefern sie miteinander korrelieren. Untersuchungen unter für Hennen praxisüblichen Umweltbedingungen sind sehr aufwändig, da für Zuchtfragestellungen tierindividuelle Phänotypen vorhanden sein müssen, wobei auch das Ei der Henne zugeordnet werden muss. Fallnester stellen die älteste Methode zur Erfassung tierindividueller Daten dar. Weniger zeitaufwändig sind Methoden, die mit automatisierter Datenerfassung arbeiten, wie z. B. das Weihenstephaner Muldennest. Nur unter diesen Voraussetzungen ist es überhaupt möglich im Rahmen der Selektion zu einer besseren Knochengesundheit beizutragen.

Fazit

Aufgrund chronischer Schmerzen und eingeschränkter Mobilität stellen Brustbeinfrakturen ein tierschutzrelevantes Problem dar, welches auch zu wirtschaftlichen Einbußen führen kann. Die Heritabilitäten zu unterschiedlichen Merkmalen hinsichtlich Knochengesundheit haben eine große Spannbreite, liegen aber oft in einem mittleren Bereich. Die Zucht kann somit einen wichtigen Beitrag zur Vermeidung von Brustbeinschäden bei Legehennen leisten. Zukünftige Forschungsprojekte können unterstützen, indem intensiver nach geeigneten Selektionsmerkmalen und deren Zusammenhang mit Brustbeinschäden untersucht wird.



Legehennen im Außenscharrraum (Foto: Jung, UniKassel).

Literaturverzeichnis

Andersson B, Icken W, Kaufmann F, Schmutz M, 2017. Genetic aspects of keel bone deformities and fractures determined by palpation in laying hens. *Lohmann Information* 51(2): 36–41.

Anwar M S A, Raisand M, Mahmood T, 2016. Breeding ecology of red jungle fowl *(Gallus gallus)* in Deva Vatala National Park, Azad Jammu & Kashmir, Pakistan. *Journal of Applied Agriculture and Biotechnology* 1(1): 59–65.

Bishop S C, Fleming R H, McCormack H A, Flock D K, Whitehead C C, 2000. Inheritance of bone characteristics affecting osteoporosis in laying hens. *British poultry science* 41(1): 33–40. *https://doi.org/10.1080/00071660086376*.

Candelotto L, Stadelmann M, Gebhardt-Henrich S G, Stratmann A, van de Braak T G H, Guggisberg D, Zysset P, Toscano M J, 2020. Genetic variation of keel and long bone skeletal properties for 5 lines of laying hens. *Journal of Applied Poultry Research* 29(4): 937–946. *https://doi.org/10.1016/j.japr.2020.09.004*.

Casey-Trott T M, Widowski T M, 2016. Behavioral differences of laying hens with fractured keel bones within furnished cages. *Frontiers in Veterinary Science* 3: 42. *https://doi.org/10.3389/fvets.2016.00042*.

Dunn I C, de Koning D J, McCormack H A, Fleming R H, Wilson P W, Andersson B, Schmutz M, Benavides C, Dominguez-Gasca N, Sanchez-Rodriguez E, Rodriguez-Navarro A B, 2021. No evidence that selection for egg production persistency causes loss of bone quality in laying hens. *Genetics Selection Evolution* 53: 11. *https://doi.org/10.1186/s12711-021-00603-8*.

Eusemann B K, Patt A, Schrader L, Weigend S, Thöne-Reineke C, Petow S, 2020. The Role of Egg Production in the Etiology of Keel Bone Damage in Laying Hens. *Frontiers in Veterinary Science 7: 81*. *https://doi.org/10.3389/fvets.2020.00081*.

Eusemann B K, Baulain U, Schrader L, Thöne-Reineke C, Patt A, Petow S, 2018. Radiographic examination of keel bone damage in living laying hens of different strains kept in two housing systems. *PLoS ONE* 13(5): e0194974. *https://doi.org/10.1371/journal.pone.0194974*.

Fernyhough M, Nicol C J, van de Braak Teun, Toscano M J, Tønnessen M, 2020. The Ethics of Laying Hen Genetics. *Journal of Agricultural and Environmental Ethics* 33 (1): 15–36. *https://doi.org/10.1007/s10806-019-09810-2*.

Habig C, Distl O, 2017. Evaluation of bone strength, keel bone status, plumage condition and egg quality of two layer lines kept in small group housing systems. *British Poultry Science* 54(4): 413–424. *https://doi.org/10.1080/00071668.2013.792405*.

Heerkens J L T, Delezie E, Ampe B, Rodenburg T B, Tuyttens F A M, 2016. Ramps and hybrid effects on keel bone and foot pad disorders in modified aviaries for laying hens. *Poultry Science* 95(11): 2479–2488. *https://doi.org/10.3382/ps/pew157*.

Hurwitz S, Bar A, 1965. Absorption of calcium and phosphorus along the gastrointestinal tract of the laying fowl as influenced by dietary calcium and egg shell formation. *The Journal of Nutrition* 86(4): 433–438. *https://doi.org/10.1093/jn/86.4.433*.

Jansen S, Baulain U, Habig C, Weigend A, Halle I, Scholz A M, Simianer H, Sharifi A R, Weigend S, 2020. Relationship between Bone Stability and Egg Production in Genetically Divergent Chicken Layer Lines. *Animals*10(5): 850. *https://doi.org/10.3390/ani10050850*.

Nasr M A F, Browne W J, Caplen G, Hothersall B, Murrell J C, Nicol C J, 2013. Positive affective state induced by opioid analgesia in laying hens with bone fractures. *Applied Animal Behaviour Science* 147(1–2): 127–131. *https://doi.org/10.1016/j.applanim.2013.04.015*.

Nasr M A F, Murrell J, Wilkins, L J, Nicol, C J, 2012a. The effect of keel fractures on egg-production parameters, mobility and behaviour in individual laying hens. *Animal Welfare* 21(1): 127.

Nasr M A F, Nicol C J, Murrell J C, 2012b. Do laying hens with keel bone fractures experience pain? *PloS ONE* 7(8): e42420. *https://doi.org/10.1371/journal.pone.0042420*.

Raymond B, Johansson A M, McCormack, H A, Fleming R H, Schmutz M, Dunn I C, de Koning D J, 2018. Genome-wide association study for bone strength in laying hens. *Journal of Animal Science* 96(7): 2525–2535. *https://doi.org/10.1093/jas/sky157*.

Richards G J, Wilkins L J, Knowles T G, Booth F, Toscano M J, Nicol C J, Brown S N, 2012. Pop hole use by hens with different keel fracture status monitored throughout the laying period. *Veterinary Record* 170(19): 494–499. *https://doi.org/10.1136/vr.100489*.

Rodenburg T B, Turner S P, 2012. The role of breeding and genetics in the welfare of farm animals. *Animal Frontiers* 2(3): 16–21. *https://doi.org/10.2527/af.2012-0044*.

Rufener C, Baur S, Stratmann A, Toscano M J, 2018. A reliable method to assess keel bone fractures in laying hens from radiographs using a tagged visual analogue scale. *Frontiers in Veterinary Science* 5: 124. *https://doi.org/10.3389/fvets.2018.00124*.

Stratmann A, Fröhlich E K F, Harlander-Matauschek A, Schrader L, Toscano M J, Würbel H, Gebhardt-Henrich S G, 2015. Soft Perches in an Aviary System Reduce Incidence of Keel Bone Damage in Laying Hens. *PLoS ONE* 10(3): e0122568. *https://doi.org/10.1371/journal.pone.0122568*.

Stratmann A, Fröhlich E K, Gebhardt-Henrich S G, Harlander-Matauschek A, Wurbel H, Toscano M J, 2016. Genetic selection to increase bone strength affects prevalence of keel bone damage and egg parameters in commercially housed laying hens. *Poultry Science* 95(5): 975–984. *https://doi.org/10.3382/ps/pew026*.

Thøfner I C N, Dahl J, Christensen J P, 2021. Keel bone fractures in Danish laying hens: Prevalence and risk factors. *PLoS ONE* 16(8): e0256105. *https://doi.org/10.1371/journal.pone.0256105*.

Whitehead C C, 2004. Overview of bone biology in the egg-laying hen. *Poultry Science* 83(2): 193–199. *https://doi.org/10.1093/ps/83.2.193*.

Whitehead C C, Fleming R H, 2000. Osteoporosis in Cage Layers. *Poultry Science* 79(7): 1033–1041. *https://doi.org/10.1093/ps/79.7.1033*.

Zhang Z, Yang W, Zhu T, Wang L, Zhao X, Zhao G, Qu L, Jia Y, 2022. Genetic Parameter Estimation and Whole Sequencing Analysis of the Genetic Architecture of Chicken Keel Bending. *Frontiers in Genetics* 13: 833132. *https://doi.org/10.3389/fgene.2022.833132*.

Legehennen in strukturiertem Auslauf (Foto: Jung, UniKassel).

Die Pute von morgen – Züchtung zur Verbesserung von Gesundheit und Wohlergehen

Nienke van Staaveren[1], Emily Leishman[1], Alexandra Harlander[1], Ben Wood[1,2,3], Christine Baes[1,4,]*

[1] *Department of Animal Biosciences, University of Guelph, Guelph, Ontario, Kanada*

[2] *Hybrid Turkeys, Kitchener, Ontario, Kanada*

[3] *School of Veterinary Science, University of Queensland, Gatton, Queensland, Australien*

[4] *Institute of Genetics, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Bern, Schweiz*

**Korrespondierende Autorin: cbaes@uoguelph.ca*

Den englischen Originalbeitrag „Tomorrow's turkeys – breeding to improve turkey health and welfare" finden Sie hier.

Highlights

- Gesundheit und Wohlbefinden sind zunehmend wichtige Säulen in der Putenhaltung
- Fortschritte in der Genomik ermöglichen eine genauere Selektion auf Gesundheits- und Tierwohlmerkmale
- Kortikosteron kann in den Flügelfedern von Puten **(FCORT)** als Indikator für die Aktivität der Hypothalamus-Hypophysen-Nebennieren-Achse zuverlässig gemessen werden
- **FCORT** ist ein vererbbares Merkmal, aber es sind weitere Arbeiten erforderlich, um die Beziehungen zu Robustheit und anderen Merkmalen zu verstehen

Einleitung

Zuchtunternehmen werden über alle Nutztierarten hinweg proaktiver bei der Integration von Tiergesundheit und Tierwohl in ihre Selektionsstrategien *(Flock et al., 2005, Rodenburg und Turner, 2012)*. Diese Selektionsstrategien und -entscheidungen werden hauptsächlich an der Spitze der Zuchtpyramide eingesetzt, die vom Heterosiseffekt oder der Zunahme der gewünschten Merkmale bei Hybridnachkommen im Vergleich zu reinrassigen Elterntieren profitiert *(Falconer und MacKay, 1996)*. Die Putenzucht beruht auf der Selektion und Erhaltung reinrassiger genetischer Linien für wirtschaftlich wichtige Merkmale wie Wachstumsrate, Fleischertrag, Eierproduktion, Fruchtbarkeit und Schlupffähigkeit *(Wood, 2009)*, wobei in jüngster Zeit auch Fleischqualitätsmerkmale *(Vanderhout et al., 2018, 2022, Hiscock et al., 2022)* und Verhaltensmerkmale *(Emamgholi Begli et al., 2019)* berücksichtigt wurden. Genetische Verbesserungen auf der Ebene der Reinzucht fließen über eine Reihe von Generationen über einen Zeitraum von etwa vier Jahren in kommerziell genutzte Linien ein *(Neeteson et al., 2016)*.

Ein weiterer wichtiger Schritt war die Entwicklung und Veröffentlichung der Informationen über das Putengenom *(Dalloul et al., 2010, Aslam et al., 2012)*, die dem Putensektor den Weg zur genombasierten Selektion ebnete. Die genombasierte Selektion verringert die Abhängigkeit von phänotypischen Informationen, Stammbaum und Nachkommenschaft *(Dekkers, 2004)*. Sie ermöglicht die direkte Selektion auf Merkmale, die sich erst später im Leben ausprägen (und daher teuer zu erheben sind) oder die erst nach dem Tod des Tieres erfasst werden können *(Baes et al., 2019)*. Die genomische Selektion wird in verschiedenen Bereichen der Viehzucht eingesetzt und findet allmählich auch in der Putenzucht Anwendung *(Abdalla et al., 2019, Emamgholi Begli et al., 2021)*.

Die Fortschritte in der Putenzucht haben zu schnell wachsenden Vögeln mit kräftiger Brustmuskulatur geführt, aber auch die Gesundheit und das Wohlergehen der Puten werden vom Produktionssektor, der wissenschaftlichen Gemeinschaft und der Öffentlichkeit zunehmend beachtet *(Schwean-Lardner et al., 2013, Erasmus, 2018, Bir et al., 2019)*. Um robuste Puten zu züchten, ist ein ausgewogenes Zuchtziel erforderlich, das die verschiedenen Ziele berücksichtigt. Die Verbesserung der Gesundheit und des Wohlergehens von Puten durch Züchtung ist vielversprechend, da Fortschritte kumulativ und dauerhaft wären. Die Schwierigkeit besteht jedoch darin, genaue Phänotypen zu definieren, die die Gesundheit und das Wohlergehen von Puten widerspiegeln und die einfach bei einer großen Anzahl an Tieren erhoben werden können. Auch wenn die Selektionsstrategien und -entscheidungen an der Spitze der Zuchtpyramide getroffen werden, ist es wichtig, die Leistung des kommerziellen Produkts zu bewerten, um die Selektionsstrategien zu untermauern. Dies umso mehr zumal sich das Umfeld der kommerziellen Tiere oft stark von dem der Nukleusherden unterscheidet. Es ist möglich, Herausforderungen auf kommerzieller Ebene durch eine Änderung der Gewichtung der Selektionskriterien oder durch die Nutzung neuer Merkmale in den reinerbigen Linien anzugehen, vorausgesetzt, es gibt eine vererbbare genetische Komponente für das Problem.

Die Perspektive kommerzieller Landwirt:innen

Bei der Entscheidung darüber, welche Eigenschaften in Zuchtprogramme aufgenommen werden sollten, ist es unerlässlich, die Bedürfnisse oder Anliegen des Sektors zu berücksichtigen. *Van Staaveren et al. (2020)* führten eine Umfrage unter 83 kommerziellen Landwirt:innen durch, um zu ermitteln, welche Art von Gesundheits- oder Tierwohlproblemen sie für wichtig halten. Die am häufigsten genannten Gründe für die Keulung von Puten betrafen Beindeformationen (68% der Landwirt:innen) und Beinverletzungen (54% der Landwirt:innen), aber auch Pickverletzungen (38% der Landwirt:innen) und Kropfdilatation (Pendelkropf) (25% der Landwirt:innen) wurden recht häufig genannt. Während die Gründe für die Sterblichkeit oft nicht bekannt waren (60% der Landwirt:innen), waren es in den Fällen, in denen die Landwirt:innen in der Lage waren, einen Grund zu nennen, am häufigsten Dehydrierung (43% der Landwirt:innen) und Kannibalismus (42% der Landwirt:innen).

Interessanterweise stuften die Bäuerinnen und Bauern die Probleme häufig eher für den Sektor als für ihren eigenen Betrieb als besorgniserregend ein *(Abbildung 1)*, insbesondere im Fall von Krankheiten, Beinverletzungen, Beindeformationen und Brustverletzungen *(van Staaveren et al., 2020)*. Dies könnte mit den erheblichen Auswirkungen dieser Krankheiten zusammenhängen und darauf hindeuten, dass die Bekämpfung dieser Probleme durch die Zucht von Vorteil sein könnte.

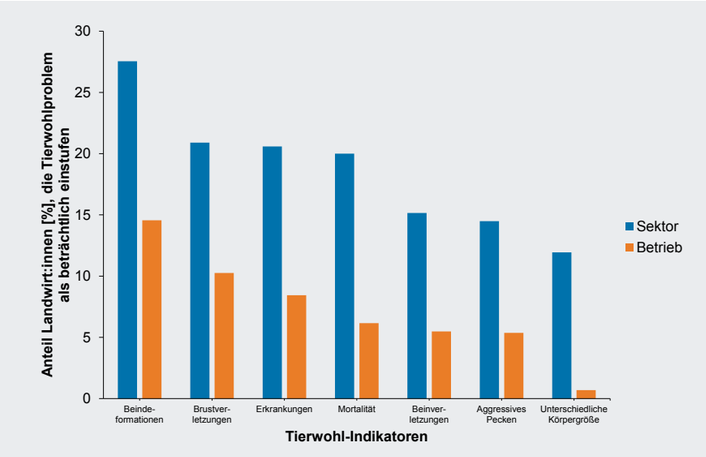


Abbildung 1: Prozentualer Anteil der Landwirt:innen, die die verschiedenen Bedingungen als großes Problem in ihrem Betrieb oder für den Sektor insgesamt angeben (nach van Staaveren et al., 2020)

Probleme mit Fußballendermatitis (FPD) und verletzendem Picken sind in der Putenhaltung bekannt, da sie sich auf die Gesundheit und das Wohlbefinden der Tiere auswirken, aber auch die Rentabilität beeinträchtigen *(Erasmus, 2018)*. In der Putenhaltung wurden verschiedene Ansätze verwendet, um Risikofaktoren für FPD und verletzendes Picken zu identifizieren *(Sherwin et al., 1999, Moinard et al., 2001, Mayne et al., 2007, Da Costa et al., 2014, Leishman et al., 2021b, 2022a)*. Die Lage der Verletzungen ist ein Hinweis auf das verletzende Verhalten, das sie verursacht; Pickverletzungen im Rücken-/Schwanzbereich sind ein Hinweis auf Federpicken, während Verletzungen im Kopf-/Halsbereich auf aggressives Picken hindeuten *(Dalton et al., 2013)*. Puten, die Opfer von Federpicken sind (d. h. Verletzungen im Rücken-/Schwanzbereich aufweisen), haben mit größerer Wahrscheinlichkeit Verletzungen aufgrund von aggressivem Picken und weisen auch häufiger Anzeichen von FPD auf *(Leishman et al., 2022b)*. Die Beziehungen zwischen diesen verschiedenen Arten von Verletzungen erfordern einen ganzheitlichen Ansatz, um Lösungen zu finden. *Leishman et al. (2021b, 2022a)* berichteten, dass weniger als 30% der Unterschiede in der Prävalenz von Pickverletzungen und FPD durch untersuchte Haltungs- und Managementfaktoren im Betrieb erklärt werden konnten, was darauf hindeutet, dass auch die Genetik eine große Rolle beim Umgang mit diesen Problemen spielen kann.

FPD ist ein vererbbares Merkmal, für das bereits genetische Parameter geschätzt wurden ($h^2 \leq 0{,}02$, *Quinton et al., 2011*, $h^2 = 0{,}10–0{,}15$, *Kapell et al., 2017*). Als Merkmal wurde die FPD bereits in die Selektionsstrategien für Puten aufgenommen *(Neeteson et al., 2016)*. Beim verletzenden Picken ist die Situation komplexer. Dies ist darauf zurückzuführen, dass das Verletzungsverhalten vom Verhalten einzelner Tiere und von Gruppenmitgliedern abhängt und dass es schwierig ist, das Verhalten in großen Putengruppen zu messen *(Dalton et al., 2013, Ellen et al., 2019, van Staaveren und Harlander, 2020)*. Eine erfolgreiche Selektion für oder gegen Federpicken wurde jedoch in Forschungslinien von Legehennen erreicht *(Kjaer et al., 2001, Rodenburg und Turner, 2012)*, aber dies muss noch im kommerziellen Maßstab oder bei Puten im Allgemeinen geschehen *(Dalton et al., 2013)*. Diese logistischen Herausforderungen haben die Umsetzung von Verhaltensmerkmalen für die Selektion eingeschränkt. Dennoch gilt der Einsatz automatischer Sensoren in Kombination mit Entwicklungen in der Genomik als vielversprechendes Instrument zur Verringerung des schädigenden Pickens bei Geflügel *(Ellen et al., 2019)*. Beispielsweise arbeiten mehrere Forschungsgruppen an automatisierten Systemen oder Ansätzen des maschinellen Lernens zur Erkennung von Picken, schädigendem Picken oder Verletzungen bei Puten *(Nasirahmadi et al., 2020, Volkmann et al., 2021, Stracke et al., 2022)*, die jedoch noch weiter validiert und unter kommerziellen Bedingungen getestet werden müssen.

Potenzielle neue Merkmale oder verbesserte Methoden

Das Konzept der Robustheit, d. h. die Fähigkeit von Tieren, eine hohe Produktion aufrechtzuerhalten und gleichzeitig gegenüber Störungen widerstandsfähig zu sein *(Knap, 2005)*, findet ebenfalls zunehmend Beachtung *(Star et al., 2008, Leishman, 2021)*. Dies ist äußerst komplex und kann die Reaktionsnorm-Analyse *(Knap und Su, 2008)* oder die direkte Selektion auf Merkmale, die mit der Robustheit zusammenhängen, umfassen, beispielsweise die Selektion auf Beingesundheit *(Neeteson et al., 2016)* oder Krankheitsresistenz *(Jie und Liu, 2011)*. Jüngste Arbeiten von *Abdalla et al. (2022)* deuten darauf hin, dass eine Verringerung der Anfälligkeit für Pendelkropf bei reinrassigen Puten möglich ist, da sie eine moderate Heritabilität ($h^2 = 0{,}17$) feststellten. Wie bei allen neuen Merkmalen sollten jedoch vor einer groß angelegten Einführung Korrelationen mit anderen Merkmalen berücksichtigt werden.

Eine weitere Überlegung betrifft die Genetik der Hypothalamus-Hypophysen-Nebennieren (HPA)-Achse *(Mormède et al., 2011, Mormède und Terenina, 2012)*. Die HPA-Achse spielt eine wichtige Rolle bei der neuroendokrinen Reaktion auf Stress sowie beim Energiehaushalt und Stoffwechsel durch Kortikosteron (CORT) bei Vögeln *(Sapolsky et al., 2000, Boonstra, 2004)*. Der CORT-Spiegel wurde bei verschiedenen Arten mit Elementen der Robustheit (z. B. frühes Überleben, Hitzetoleranz, Krankheitsresistenz) in Verbindung gebracht *(Gross, 1976, Leenhouwers et al., 2002, Michel et al., 2007)*. Frühe Arbeiten zeigten, dass es eine genetische Komponente für den CORT-Spiegel im Putenplasma gibt *(Brown und Nestor, 1973)*, und die Pionierarbeit von *Bortolotti et al. (2008, 2009)* förderte

eine nicht-invasive Methode zur Messung von CORT in Federn (FCORT), die einige Probleme vermeidet, die z. B. bei Blutentnahmen auftreten *(Romero und Fairhurst, 2016)*. Da CORT eine Schlüsselrolle bei der Basalenergiebilanz und der Reaktion auf Störungen spielt und Auswirkungen auf die Gesundheit und das Wohlbefinden im Zusammenhang mit der Robustheit hat, könnte die Einbeziehung eines Merkmals wie FCORT in die Zuchtstrategien für Puten von Vorteil sein. Während sich die Forschung noch in der Anfangsphase befindet, wurden methodische und biologische Validierungen durchgeführt, die die Bedeutung des Verständnisses über auszuwählende Federn aufgrund der Ablagerung von CORT während ihres Wachstums und der konsequenten Verwendung derselben Feder nach dieser Auswahl hervorheben *(Abbildung 2, Leishman et al., 2020a, b, 2021a)*.

Es wurde festgestellt, dass FCORT vererbbar ist (h^2 = 0,21), mit negativen genetischen Korrelationen zu anderen Produktionsmerkmalen (z. B. Brustfleischertrag) aber positiven genetischen Korrelationen zu Merkmalen der Lebensfähigkeit (z. B. Laufleistung) – obwohl diese Ergebnisse mit einer größeren Stichprobe validiert werden sollten *(Leishman, 2021)*. Schließlich ist zu bedenken, dass FCORT selbst möglicherweise nicht der praktischste oder kosteneffizienteste Ansatz ist, weshalb andere Stellvertreter-Methoden wie z. B. Federdeformationen erforscht werden *(Leishman, 2021)*.

Wir haben auch erste Hinweise darauf gefunden, dass FCORT mit der Laufleistung von Puten in Verbindung steht *(Leishman, 2021)*. Die Gehfähigkeit von Geflügel ist ein wichtiger Indikator für das Wohlergehen der Tiere und von wirtschaftlicher Bedeutung, da sie sich positiv auf die Futterverwertung, die Skelettgesundheit, die Verringerung des Kannibalismus und die Verbesserung der Verarbeitungsqualität auswirkt *(Oviedo-Rondón, 2007)*. Die Laufleistung wird bereits als Merkmal in die Selektionsprogramme aufgenommen, kann aber erst spät im Leben gemessen werden. Verbesserungen in der statistischen Modellierung sind ein weiterer Weg auf dem die Putenzucht Fortschritte bei Gesundheit und Wohlergehen erzielen kann. Insbesondere die Anwendung der einstufigen genomischen Selektion kann die Vorhersagegenauigkeit erhöhen, nicht nur für traditionelle Produktionsmerkmale (z. B. Futterverwertung, Residuale Futteraufnahme, Körpergewicht, Brustfleischausbeute), sondern auch für den „Walking Score" (+16 %, *Abdalla et al., 2019*) und neuartige Merkmale wie das Vorkommen von Pendelkropf (+46 %, *Abdalla et al., 2022*) und Verhaltensmerkmale bei der Eiablage *(Emamgholi Begli et al., 2019)*. Genomische Informationen können auch verwendet werden, um den Grad der Inzucht genauer zu bewerten als mit Stammbauminformationen allein *(Adams et al., 2021)*. Schließlich wurden kürzlich andere Ansätze wie die „Transmission Ratio Distortion" zur Identifizierung letaler Allele verwendet, was die Möglichkeit eröffnet, die Sterblichkeit in der Putenzucht zu verringern *(Abdalla et al., 2020)*.

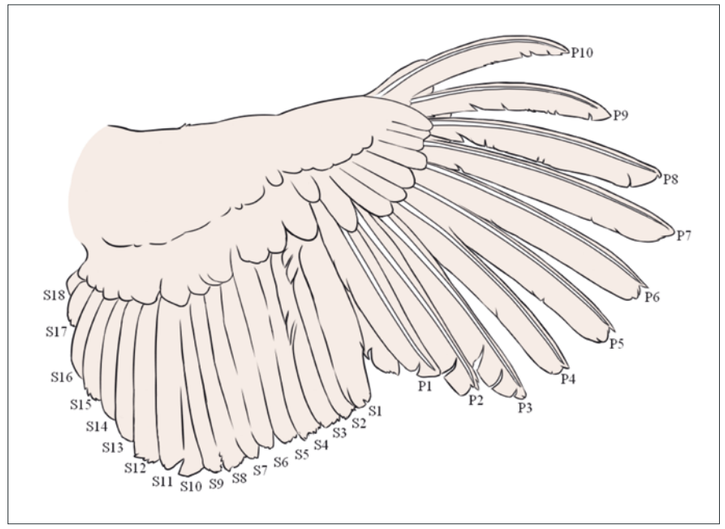


Abbildung 2: Schematische Darstellung der Flügelfedern von Puten mit Angabe der primären (P) und sekundären (S) Flugfedern. (Bild: Garant, University of Guelph)

Fazit

Die Putenzucht beginnt gerade erst, die Vorteile der Fortschritte in der genomischen Selektion zu nutzen. Mit der Erhöhung der Genauigkeit der Zuchtwerte können wir die Fähigkeit zur Einschätzung des genetischen Wertes von Puten verbessern. Verbesserungen bei Merkmalen im Zusammenhang mit der Lebensfähigkeit, Krankheitsresistenz, Fruchtbarkeit und anderen Gesundheits- und Tierwohlmerkmalen bei Puten könnten die Verbesserung zuchtbedingter Probleme erheblich voranbringen.

Danksagung

Ein großer Teil der in diesem Artikel vorgestellten Arbeit war Teil des Projekts „Application of genomic selection in turkeys for health, welfare, efficiency and production traits". Dieses Projekt wurde von der kanadischen Regierung über das „Genome Canada Genomic Application Partnership Program" (GAPP) finanziert und von „Ontario Genomics" (OGI-133) verwaltet [Empfänger: BW (Industrie) und CB (Akademikerin)]. Wir danken dem „Natural Sciences and Engineering Research Council of Canada" (NSERC) und „Hybrid Turkeys" für die finanzielle Unterstützung. Wir danken den „Turkey Farmers of Canada" für die Unterstützung bei der Verteilung der Umfrage. Schließlich möchten wir den Putenzüchter:innen und Mitarbeiter:innen, die an diesem Projekt teilgenommen haben, unseren aufrichtigen Dank aussprechen.

Literaturverzeichnis

Abdalla E A, Id-Lahoucine S, Cánovas A, Casellas J, Schenkel F S, Wood B J, Baes C F, 2020. Discovering lethal alleles across the turkey genome using a transmission ratio distortion approach. *Animal Genetics* 51(6): 876–889. *https://doi.org/10.1111/age.13003*.

Abdalla E A, Makanjuola B O, van Staaveren N, Wood B J, Baes C F, 2022. Accuracy of genomic selection for reducing susceptibility to pendulous crop in turkey *(Meleagris gallopavo)*. *Poultry Science* 101(2): 101601. *https://doi.org/10.1016/j.psj.2021.101601*.

Abdalla E A, Schenkel F S, Emamgholi Begli H, Willems O W, van As P, Vanderhout R, Wood B J, Baes C F, 2019. Single-Step Methodology for Genomic Evaluation in Turkeys *(Meleagris gallopavo)*. *Frontiers in Genetics* 10: 1248. *https://doi.org/10.3389/fgene.2019.01248*.

Adams S M, Derks M F L, Makanjuola B O, Marras G, Wood B J, Baes C F, 2021. Investigating inbreeding in the turkey *(Meleagris gallopavo)* genome. *Poultry Science* 100(11): 101366. *https://doi.org/10.1016/j.psj.2021.101366*.

Aslam M L, Bastiaansen J W M, Elferink M G, Megens H-J, Crooijmans R P M A, Blomberg L A, Fleischer R C, Van Tassell C P, Sonstegard T S, Schroeder S G, Groenen M A M, Long J A, 2012. Whole genome SNP discovery and analysis of genetic diversity in Turkey *(Meleagris gallopavo)*. *BMC Genomics* 13: 391. *https://doi.org/10.1186/1471-2164-13-391*.

Baes C F, Schenkel F S, Abdalla E A, Emamgholi Begli H, Harlander-Matauschek S, Barbut A, Adams S, Leishman E, Vanderhout R, Yahiro M, van Staaveren N, Wood B J, 2019. Conceptual, theoretical, and applied aspects of genomic selection in turkeys. In: *The 11th European Symposium on Poultry Genetics*. Prag, Tschechische Republik, 23–25 Oktober 2019.

Bir C, Davis M, Widmar N, Zuelly S, Erasmus M, 2019. Perceptions of Animal Welfare With a Special Focus on Turkeys. *Frontiers in Veterinary Science* 6: 413. *https://doi.org/10.3389/fvets.2019.00413*.

Boonstra R, 2004. Coping with changing northern environments: The role of the stress axis in birds and mammals. *Integrative and Comparative Biology* 44(2): 95–108. *https://doi.org/10.1093/icb/44.2.95*.

Bortolotti G R, Marchant T, Blas J, Cabezas S, 2009. Tracking stress: localisation, deposition and stability of corticosterone in feathers. *The Journal of Experimental Biology* 212(10): 1477–1482. *https://doi.org/10.1242/jeb.022152*.

Bortolotti G R, T A Marchant, J Blas, T German. 2008. Corticosterone in feathers is a long-term, integrated measure of avian stress physiology. *Functional Ecology* 22(3): 494–500. *https://doi.org/10.1111/j.1365-2435.2008.01387.x*.

Brown K I, Nestor K E, 1973. Some physiological responses of turkeys selected for high and low adrenal response to cold stress. *Poultry Science* 52(5): 1948–1954. *https://doi.org/10.3382/ps.0521948*.

Da Costa M J, J L Grimes, E O Oviedo-Rondón, I Barasch, C Evans, M Dalmagro, J Nixon, 2014. Footpad dermatitis severity on turkey flocks and correlations with locomotion, litter conditions, and body weight at market age. *Journal of Applied Poultry Research* 23(2): 268–279. *https://doi.org/10.3382/japr.2013-00848*.

Dalloul R A, Long J A, Zimin A V, Aslam L, Beal K Blomberg L Ann, Bouffard P, Burt D W, Crasta O, Crooijmans R P M A, Cooper K, Coulombe R A, De S, Delany M E, Dodgson J B, Dong J J, Evans C, Frederickson K M, Flicek P, Florea L, Folkerts O, Groenen M A M, Harkins T T, Herrero J, Hoffmann S, Megens H-J, Jiang A, de Jong P, Kaiser P, Kim H, Kim K-W, Kim S, Langenberger D, Lee M-K, Lee T, Mane S, Marcais G, Marz M, McElroy A P, Modise T, Nefedov M, Notredame C, Paton I R, Payne W S, Pertea G, Prickett D, Puiu D, Qioa D, Raineri E, Ruffier M, Salzberg S L, Schatz M C, Scheuring C, Schmidt C J, Schroeder S, Searle S M J, Smith E J, Smith J, Sonstegard T S, Stadler P F, Tafer H, Tu Z, Van Tassell C P, Vilella A J, Williams K P, Yorke J A, Zhang L, Zhang H-B, Zhang X, Zhang Y, Reed K M, 2010. Multi-Platform Next-Generation Sequencing of the Domestic Turkey *(Meleagris gallopavo)*: Genome Assembly and Analysis. *PloS Biology* 8(9): e1000475. *https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1000475*.

Dekkers J C M, 2004. Commercial application of marker- and gene-assisted selection in livestock: Strategies and lessons. *Journal of Animal Science* 82(Issue Supplement 13): E313–E328. *https://doi.org/10.2527/2004.8213_supplE313x*.

Ellen E D, van der Sluis M, Siegford J, Guzhva O, Toscano M J, Bennewitz J, Zande L E van der, van der Eijk J A J, de Haas E N, Norton T, Piette D, Tetens J, de Klerk B, Visser B, Rodenburg T B, 2019. Review of Sensor Technologies in Animal Breeding: Phenotyping Behaviors of Laying Hens to Select Against Feather Pecking. *Animals* 9(3): 108. *https://doi.org/10.3390/ani9030108*.

Emamgholi Begli H, Schaeffer L R, Abdalla E, Lozada-Soto E A, Harlander-Matauschek A, Wood B J, Baes C F, 2021. Genetic analysis of egg production traits in turkeys *(Meleagris gallopavo)* using a single-step genomic random regression model. *Genetics Selection Evolution* 53: 61. *https://doi.org/10.1186/s12711-021-00655-w*.

Emamgholi Begli H, Wood B J, Abdalla E A, Balzani A, Willems O, Schenkel F, Harlander-Matauschek A, Baes C F, 2019. Genetic parameters for clutch and broodiness traits in turkeys *(Meleagris Gallopavo)* and their relationship with body weight and egg production. *Poultry Science* 98(12): 6263–6269. *https://doi.org/10.3382/ps/pez446*.

Erasmus M A, 2018. Welfare issues in turkey production. In: *Advances in Poultry Welfare*. Hrsg. Mench, J A Food Science, Technology and Nutrition. Elsevier.

Falconer D, MacKay T, 1996. Introduction to Quantitative Genetics. 4. Auflage, Longmans Green, Harlow, Essex, UK.

Flock D K, Laughlin K F, Bentley J. 2005. Minimizing losses in poultry breeding and production: How breeding companies contribute to poultry welfare. *World's Poultry Science Journal* 61(2): 227–237. *https://doi.org/10.1079/WPS200560*.

Gross W B, 1976. Plasma steroid tendency, social environment and *Eimeria necatrix* infection. *Poultry Science* 55(4): 1508–1512. *https://doi.org/10.3382/ps.0551508*.

Hiscock H M, Leishman E M, Vanderhout R J, Adams S M, Mohr J, Wood B J, Baes C F, Barbut S, 2022. Describing the relationships among meat quality traits in domestic turkey *(Meleagris gallopavo)* populations. *Poultry Science* 101(10): 102055. *https://doi.org/10.1016/j.psj.2022.102055*.

Jie H, Liu Y P, 2011. Breeding for disease resistance in poultry: Opportunities with challenges. *World's Poultry Science Journal* 67(4): 687–696. https://doi.org/10.1017/S0043933911000766.

Kapell, D N R G, Hocking P M, Glover P K, Kremer V D, Avendaño S, 2017. Genetic basis of leg health and its relationship with body weight in purebred turkey lines. *Poultry Science* 96(6): 1553–1562. https://doi.org/10.3382/ps/pew479.

Kjaer J B, Sorensen P, Su G, 2001. Divergent selection on feather pecking behaviour in laying hens also affects body weight, egg production and egg quality. *Applied Animal Behaviour Science* 71(3): 229–239. https://doi.org/10.1016/S0168-1591(00)00184-2.

Knap P W, 2005. Breeding robust pigs. *Australian Journal of Experimental Agriculture* 45(8): 763–773. https://doi.org/10.1071/EA05041.

Knap P W, Su G, 2008. Genotype by environment interaction for litter size in pigs as quantified by reaction norms analysis. *Animal* 2(12): 1742–1747. https://doi.org/10.1017/S1751731108003145.

Leenhouwers J I, Knol E F, De Groot P N, Vos H, Van Der Lende T, 2002. Fetal development in the pig in relation to genetic merit for piglet survival. *Journal of Animal Science* 80(7): 1759–1770. https://doi.org/10.2527/2002.8071759x.

Leishman E M, 2021. Hypothalamic Pituitary-Adrenal Axis Activity and Robustness: Working Towards Better Breeding of Canadian Turkeys. Dissertation. https://atrium.lib.uoguelph.ca/xmlui/bitstream/handle/10214/26613/Leishman_Emily_202112_PhD.pdf?sequence=3&isAllowed=y.

Leishman E M, Freeman N E, Newman A E M, van Staaveren N, Wood B J, Harlander-Matauschek A, Baes C F, 2020a. Research Note: Quantifying corticosterone in turkey *(Meleagris gallopavo)* feathers using ELISA. *Poultry Science* 99(11): 5261–5264. https://doi.org/10.1016/j.psj.2020.06.075.

Leishman E M, van Staaveren N, McIntyre D R, Mohr J, Wood B J, Baes C F, Harlander-Matauschek A, 2020b. Describing the growth and molt of modern domestic turkey *(Meleagris gallopavo)* primary wing feathers. *Journal of Animal Science* 98(12): skaa373. https://doi.org/10.1093/jas/skaa373.

Leishman E M, van Staaveren N, Mohr J, Wood B J, Freeman N E, Newman A E M, Harlander-Matauschek A, Baes C F, 2021a. The Effect of Egg Laying on Feather and Plasma Corticosterone Concentrations in Turkey *(Meleagris gallopavo)* Hens. *Animals* 11(7): 1892. https://doi.org/10.3390/ani11071892.

Leishman E M, van Staaveren N, Osborne V R, Wood B J, Baes C F, Harlander-Matauschek A, 2021b. A Cross-Sectional Study on the Prevalence of Footpad Dermatitis in Canadian Turkeys. *Frontiers in Animal Science* 2: 726907. https://doi.org/10.3389/fanim.2021.726907.

Leishman E M, van Staaveren N, Osborne V R, Wood B J, Baes C F, Harlander-Matauschek A, 2022a. The Prevalence of Integument Injuries and Associated Risk Factors Among Canadian Turkeys. *Frontiers in Veterinary Science* 8: 757776. https://doi.org/10.3389/fvets.2021.757776.

Leishman E M, Wood B J, Baes C F, Harlander-Matauschek A, van Staaveren N, 2022b. The usual suspects: Co-occurrence of integument injuries in turkey flocks. *Poultry Science* 101(11): 102137. https://doi.org/10.1016/j.psj.2022.102137.

Mayne R K, Else R W, Hocking P M, 2007. High litter moisture alone is sufficient to cause footpad dermatitis in growing turkeys. *British Poultry Science* 48(5): 538–545. https://doi.org/10.1080/00071660701573045.

Michel V, Peinnequin A, Alonso A, Buguet A, Cespuglio R, Canini F, 2007. Decreased heat tolerance is associated with hypothalamo-pituitary-adrenocortical axis impairment. *Neuroscience* 147(2): 522–531. https://doi.org/10.1016/j.neuroscience.2007.04.035.

Moinard C, Lewis P D, Perry G C, Sherwin C M, 2001. The effects of light intensity and light source on injuries due to pecking of male domestic turkeys *(Meleagris gallopavo)*. *Animal Welfare* 10(2): 131–139.

Mormède P, Foury A, Terenina E, Knap P W, 2011. Breeding for robustness: The role of cortisol. *Animal* 5(5): 651–657. https://doi.org/10.1017/S1751731110002168.

Mormède P, Terenina E, 2012. Molecular genetics of the adrenocortical axis and breeding for robustness. *Domestic Animal Endocrinology* 43(2): 116–131. https://doi.org/10.1016/j.domaniend.2012.05.002.

Nasirahmadi A, Gonzalez J, Sturm B, Hensel O, Knierim U, 2020. Pecking activity detection in group-housed turkeys using acoustic data and a deep learning technique. *Biosystems Engineering* 194: 40–48. https://doi.org/10.1016/j.biosystemseng.2020.03.015.

Neeteson A, Swalander M, Ralph J, Koerhuis A, 2016. Decades of Welfare and Sustainability Selection at Aviagen Chickens and Turkeys. *AviagenBrief*: 1–8.

Oviedo-Rondón E O, 2007. Predisposing factors that affect walking ability in turkeys and broilers. In: *34th Annual Carolina Poultry Nutrition Conference*. Research Triangle Park, North Carolina.

Quinton C D, Wood B J, Miller S P, 2011. Genetic analysis of survival and fitness in turkeys with multiple-trait animal models. *Poultry Science* 90(11): 2479–2486. https://doi.org/10.3382/ps.2011-01604.

Rodenburg T B, Turner S P, 2012. The role of breeding and genetics in the welfare of farm animals. *Animal Frontiers* 2(3): 16–21. https://doi.org/10.2527/af.2012-0044.

Romero L M, Fairhurst G D, 2016. Measuring corticosterone in feathers: Strengths, limitations, and suggestions for the future. *Comparative Biochemistry and Physiology Part A: Molecular & Integrative Physiology* 202: 112–122. https://doi.org/10.1016/j.cbpa.2016.05.002.

Sapolsky R M, Romero L M, Munck A U, 2000. How do glucocorticoids influence stress responses? Integrating permissive, suppressive, stimulatory, and preparative actions. *Endocrine Reviews* 21(1): 55–89. https://doi.org/10.1210/edrv.21.1.0389.

Schwean-Lardner K, Anderson D, Petrik M, Torrey S, Widowski T M, Kitts B, Gardner J, 2013. Code of practice for the care and handling of chickens, turkeys and breeders: review of scientific research on priority issues. National Farm Animal Care Council.

Sherwin C M, Lewis P D, Perry G C, 1999. Effects of environmental enrichment, fluorescent and intermittent lighting on injurious pecking amongst male turkey poults. *British Poultry Science* 40(5): 592–598. https://doi.org/10.1080/00071669986954.

van Staaveren N, Harlander A, 2020. Cause and prevention of injurious pecking in chickens. In: *Understanding the behaviour and improving the welfare of chickens*. Hrsg. Nicol, C. Burleigh Dodds Science Publishing, Cambridge, UK.

van Staaveren N, Leishman E M, Wood B J, Harlander-Matauschek A, Baes C F, 2020. Farmers' Perceptions About Health and Welfare Issues in Turkey Production. *Frontiers in Veterinary Science* 7: 332. https://doi.org/10.3389/fvets.2020.00332.

Star L, Ellen E D, Uitdehaag K, Brom F W A, 2008. A plea to implement robustness into a breeding goal: Poultry as an example. *Journal of Agricultural and Environmental Ethics* 21: 109–125. https://doi.org/10.1007/s10806-007-9072-7.

Stracke J, Andersson R, Volkmann N, Spindler B, Schulte-Landwehr J, Günther R, Kemper N, 2022. Footpad Monitoring: Reliability of an Automated System to Assess Footpad Dermatitis in Turkeys *(Meleagris gallopavo)* During Slaughter. *Frontiers in Veterinary Science* 9: 888503. https://doi.org/10.3389/fvets.2022.888503.

Vanderhout R J, Leishman E M, Abdalla E A, Barbut S, Wood B J, Baes C F, 2022. Genetic Parameters of White Striping and Meat Quality Traits Indicative of Pale, Soft, Exudative Meat in Turkeys *(Meleagris gallopavo)*. *Frontiers in Genetics* 13: 842584. https://doi.org/10.3389/fgene.2022.842584.

Vanderhout R, Wood B, Barbut S, Baes C, 2018. PSIV-37 Development of a genomic selection strategy to include meat quality traits in turkeys *(Meleagris gallopavo)*. *Journal of Animal Science* 96(Supplement 3): 133–134.

Volkmann N, Brünger J, Stracke J, Zelenka C, Koch R, Kemper N, Spindler B, 2021. Learn to Train: Improving Training Data for a Neural Network to Detect Pecking Injuries in Turkeys. *Animals* 11(9): 2655. https://doi.org/10.3390/ani11092655.

Wood B J, 2009. Calculating economic values for turkeys using a deterministic production model. *Canadian Journal of Animal Science* 89(2): 201–213. https://doi.org/10.4141/CJAS08105.

Ökologischer Zuchtwert bei Milchkühen – Ein Beitrag zum Tierwohl in der Bio-Landwirtschaft

Dieter Krogmeier[1,], Andreas Steinwidder[2]*

[1]*Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Tierzucht, Prof. Dürrwaechter-Platz 1, 85586 Poing-Grub, Deutschland*

[2]*HBLFA Raumberg-Gumpenstein, Institut für Biologische Landwirtschaft und Biodiversität der Nutztiere, Raumberg 38, 8952 Irdning-Donnersbachtal, Österreich*

**Korrespondierender Autor: dieter.krogmeier@lfl.bayern.de*

Highlights

- Mit dem **ökologischen Zuchtwert** wird versucht für ökologische Milchviehbetriebe geeignete Kühe zu züchten
- Kühe sollen das genetische Potenzial besitzen, um unter ökologischen Fütterungsbedingungen stabile und ausreichende Milchleistungen ohne Beeinträchtigungen der Tiergesundheit und des Tierwohls zu erbringen
- Die ökologische Milchviehhaltung will Kühe die für Haltungsbedingungen geeignet sind, die dem Ausleben des Normalverhaltens der Milchkuh besonders nahekommen
- Durch eine stärkere Gewichtung von Fitness- und Gesundheitsmerkmalen kann die Milchviehzucht zu einer besseren Tiergesundheit und mehr Tierwohl beitragen

Einleitung

Der Begriff Tierwohl fasst unterschiedliche Aspekte in der Tierhaltung zusammen. Dazu zählen die Tiergesundheit (einschließlich gewisser Leistungsparameter wie Fruchtbarkeit), die Freiheit von Schmerzen und Leid (inkl. das Erleben positiver emotionaler Zustände) und die Möglichkeit der Tiere zur Ausübung ihres Normalverhaltens *(Winckler, 2022)*. Die Tierzucht berührt dabei insbesondere die ersten zwei der oben angeführten Tierwohlbereiche. So gibt es zahlreiche Hinweise auf eine Interaktion zwischen dem Zuchtziel „Milchleistung" und dem vermehrten Auftreten von Produktionskrankheiten *(Bauer et al., 2021)*, die auf eine Verschlechterung des Tierwohls bei steigender Milchleistung, die nicht durch eine Verbesserung des Managements aufgefangen werden kann, hinweisen.

Eine direkte züchterische Verbesserung des natürlichen oder arttypischen Verhaltens ist schwierig, allerdings setzt das Ausleben arttypischer Verhaltensweisen passende Haltungsbedingungen voraus. Hier ist sicherlich die Weidehaltung, die häufig unter extensiveren Bedingungen erfolgt, das Verfahren der Wahl. Extensive und/oder restriktive Haltungsbedingungen, bezogen auf Möglichkeiten in der Fütterung wie sie häufiger in der biologischen Landwirtschaft zu finden sind, erfordern dabei eine geeignete Genetik. Dies ist heute besonders wichtig, da eine zunehmende Differenzierung im Leistungsniveau und auch in der Fütterungsintensität zwischen den Betrieben zu beobachten ist.

Durch Anpassung der Zuchtziele mit einer größeren Gewichtung von Gesundheitsmerkmalen kann die Milchviehzucht zu einer besseren Tiergesundheit und mehr Tierwohl beitragen *(Fürst et al., 2022, Bauer et al., 2021, Martens, 2016)*. Die primäre Zielrichtung des ***ökologischen Zuchtwertes*** (ÖZW, LfL, 2022) ist es den ökologischen Betrieben einen für ihre Belange geeigneten Gesamtzuchtwert zur Verfügung zu stellen und ein Zuchtziel für ökologische, aber auch extensive Betriebe zu definieren. Aufgrund der stärkeren Gewichtung der Gesundheitsmerkmale trägt er aber auch zu mehr Tiergesundheit und Tierwohl bei. Milchkühe mit dem entsprechenden genetischen Leistungsspektrum sind darüber hinaus für Haltungsbedingungen geeignet, die dem Ausleben des Normalverhaltens der Milchkuh besonders nahekommen.

Der folgende Beitrag beschreibt den ÖZW mit den zugrundeliegenden Zuchtwerten und zeigt Unterschiede zum konventionellen Zuchtziel auf, wobei der Aspekt Tierwohl im Fokus steht.

Hilfsmittel Ökologischer Zuchtwert

Der ***ökologische Zuchtwert*** (ÖZW) ist ein Gesamtzuchtwert, der den Zielsetzungen und Rahmenbedingungen des ökologischen Landbaus in besonderer Weise Rechnung trägt. Er errechnet sich aus den Zuchtwerten für Leistungs- und Fitnessmerkmale, wobei diese entsprechend den Zielen und der wirtschaftlichen Bedeutung für die Biolandwirtschaft gewichtet werden. Der ÖZW setzt im Fitnessbereich (Konstitution) und der Grundfutter-Lebensleistung einen Schwerpunkt. Demgegenüber wird auf Frühreife, hohe Einsatzleistungen und Einzeltier-Höchstleistungen verzichtet. Bei der wirtschaftlichen Gewichtung der Einzelzuchtwerte wird daher der Nutzungsdauer, Persistenz, Leistungssteigerung, Kalbung und Vitalität der Tiere großes Augenmerk geschenkt *(Tabelle 1)*.

Die Unterschiede zum ***konventionellen Gesamtzuchtwert*** (GZW) liegen nicht nur in den deutlich unterschiedlichen wirtschaftlichen Gewichten, sondern im ÖZW werden auch zusätzliche Merkmale berücksichtigt (siehe Beitrag von Fürst et al. in diesem Heft). Hervorzuheben ist der Zuchtwert Leistungssteigerung, mit dem versucht wird, der zunehmenden Frühreife der Tiere entgegenzuwirken. Tiere mit höheren Zuchtwerten in diesem Merkmal entwickeln ihr volles genetisches Milchleistungsvermögen erst in höheren Laktationen und es kommt weniger zu einer Konkurrenzsituation zwischen Milchleistung und Wachstum und einer damit verbundenen negativen Energiebilanz in den ersten Laktationen. Eine negative Energiebilanz führt zu einem vermehrten Auftreten vieler peripartaler Erkrankungen wie Mastitis, Ketose oder Klauenerkrankungen *(u. a. Martens, 2013)* und damit zu erheblichen Beeinträchtigungen der Tiergesundheit.

Die gleiche Stoßrichtung hat die im Vergleich zum konventionellen Bereich annähernd doppelt so hohe Gewichtung der Persistenz, durch die sich bei Tieren mit flacher Laktationskurve ein höherer ÖZW errechnet. Da die Futteraufnahme zu Laktationsbeginn langsamer als die Milchleistung steigt, können Kühe mit hoher Einsatzleistung schwieriger ausgefüttert werden, was ebenfalls eine negative Energiebilanz fördert. Dies gilt nicht nur für Biobetriebe mit Restriktionen in der Fütterung, sondern stellt ein allgemeines Problem bei Hochleistungskühen dar.

Tabelle 1: Aktuelle Gewichtung der Merkmale im ökologischen Zuchtwert für die Rassen Braunvieh und Fleckvieh

	Braunvieh [%]	Fleckvieh [%]	Einzelmerkmale	Braunvieh [%]	Fleckvieh [%]
Konstitution (Fitness)	65		Persistenz	5,6	
			Leistungssteigerung	8,4	
			Nutzungsdauer	11,0	
			Fruchtbarkeitswert	9,0	
			Kalbeverlauf (p + m)	9,0	
			Vitalitätswert	6,0	
			Eutergesundheit	5,0	
			Melkbarkeit	2,0	
			Euterform	5,0	
			Fundament	3,0	
			Trachten	1,0	
Milch	25	20	Fett kg	11,8	9,8
			Eiweiß kg	13,2	10,2
Fleisch	10	15	Nettozunahmen	2,0	3,0
			Ausschlachtung	4,0	6,0
			Handelsklasse	4,0	6,0

Ein weiterer Unterschied zum konventionellen Zuchtziel bei Braunvieh und Fleckvieh liegt in der Berücksichtigung des Exterieurs, also des Körperbaus. Ein gutes Fundament und Euter führen nicht nur zu einer längeren Nutzungsdauer, sondern auch zu Verbesserungen in der Tiergesundheit *(Fürst et al., 2016a)*. Das Argument, dass Vorteile eines besseren Exterieurs im konventionellen Zuchtziel bereits über andere Merkmale abgedeckt werden trifft zwar methodisch zu, Verbesserungen für das Tierwohl die über Vorteile in den berücksichtigten Fitness- und Gesundheitszuchtwerten hinausgehen lassen sich aber nicht unbedingt quantitativ erfassen. Hier ist u. a. an eine verbesserte Bewegungsfähigkeit und somit Weidetauglichkeit zu denken.

Ziel der unterschiedlichen wirtschaftlichen Gewichtung ist es substanzielle Unterschiede im züchterischen Ergebnis zu erreichen. Vergleiche zwischen dem theoretischen prozentualen Zuchterfolg bei einer Zucht nach dem konventionellen und dem ökologischen Zuchtziel verdeutlichen die starke Ausrichtung auf die Fitness- und Gesundheitsmerkmale im ÖZW. Während der prozentuale Selektionserfolg im Konstitutions- und Fitnesskomplex konventionell beim Fleckvieh nur bei 20% liegt sind dies im ökologischen Bereich 75%. Bei vergleichbaren Zuchterfolgen im Fleischbereich, verringert sich der Zuchtfortschritt in der Milch von 70% auf 19%.

Merkmale beeinflussen sich gegenseitig

Die unterschiedlichen Zuchterfolge werden aber nicht nur durch die unterschiedlich hohen wirtschaftlichen Gewichtungen im ÖZW bedingt, eine deutliche Beeinflussung erfolgt vor allem durch die genetischen Korrelationen zwischen den Merkmalen *(Tabelle 2)*.

Diese bestätigen einerseits die negativen Auswirkungen einer hohen Milchleistung (Fett und Eiweiß kg) auf die Nutzungsdauer, Fruchtbarkeit und Persistenz und zeigen andererseits die positiven Auswirkungen einzelner Fitnessmerkmale auf eine lange Nutzungs- und damit Lebensdauer. Eine lange Nutzungsdauer wird nur von gesunden Kühen, die ihre Milchleistung über viele Laktationen ohne Beeinträchtigung der Gesundheit erbringen können, erreicht.

Bei einer weiteren züchterischen Steigerung der Milchleistung muss im Durchschnitt mit einem zunehmenden Druck auf Seiten der Fitness und Fruchtbarkeit gerechnet werden. Dies ist darin begründet, dass die meisten Fitness- und Gesundheitsmerkmale im Vergleich zur Milchleistung nur sehr niedrige Heritabilitäten besitzen und somit stark durch die Selektion auf Milchleistung

Tabelle 2: Genetische Korrelationen zwischen den Merkmalen im ökologischen Zuchtwert (nach Fürst et al., 2016b)

Genetische Merkmalsbeziehung	Genetische Korrelation
Milchleistung[1] – Nutzungsdauer	–0,25
Milchleistung – Fruchtbarkeitswert	–0,40
Milchleistung – Persistenz	–0,15
Nutzungsdauer – Persistenz	0,50
Nutzungsdauer – Fruchtbarkeitswert	0,50
Nutzungsdauer – Eutergesundheitswert	0,50

[1]*Milchleistung = Fett kg bzw. Eiweiß kg.*

Braunvieh Kuh auf der Weide (Foto: Bio-Institut, HBLFA Raumberg-Gumpenstein)

beeinflusst werden. Damit hohe Leistungen nicht zu physiologischen und damit gesundheitlichen Störungen führen sind Zucht, Fütterung, Haltung und Management zu optimieren *(Egger-Danner, 2013)*. Dies wird in extensiven Produktionssystemen schwieriger und ist bei Low-Input-Strategien kaum zu verwirklichen. Insbesondere unter extensiven bzw. biologischen Fütterungsbedingungen ist daher eine einseitige Zucht auf hohe Milchleistungen jedenfalls kontraproduktiv.

Dreimal jährliche Veröffentlichung

Der ÖZW wird dreimal jährlich im April, August und Dezember für alle verfügbaren Braunvieh-, Fleckvieh- und Gelbviehstiere aus Deutschland und Österreich berechnet und veröffentlicht. Der ÖZW und zahlreiche Zusatzinformationen werden auf der Homepage der LfL in Bayern (*https://www.lfl.bayern.de/itz/rind/018887/index.php*) und der Homepage des Bio-Instituts der HBLFA Raumberg-Gumpenstein (*www.raumberg-gumpenstein.at/oezw*) veröffentlicht.

Außerdem sind die Informationen mit der ZAR-Zuchtwertdatenbank (*http://cgi.zar.at/zuchtwertdb.htm*) und der bayerischen Rinderdatenbank BAZI-Rind (*https://www.lfl.bayern.de/bazi-rind*) tierindividuell verlinkt, sodass die Züchter:innen auch die weiteren Zuchtwerte (Einzelzuchtwerte, GZW, Exterieur etc.) sowie Abstammungsdaten einfach einsehen können. Darüber hinaus werden Auswahllisten in Österreich auch über den vom Bioverband BIO AUSTRIA erstellten Rinder-Infoblitz an Rinderbetriebe versandt bzw. bei Veranstaltungen weitergegeben.

Besonders geeignete Bullen können mit dem sogenannten *„ÖZW-Logo"* (Abbildung 1) gekennzeichnet und beworben werden. Das Logo kann von Zuchtverbänden und Besamungsstationen sowie von weiteren Interessent:innen unentgeltlich genutzt werden.

Abbildung 1: Das ÖZW-Logo (mit und ohne Schriftzug)

Geeignete Kühe züchten und erhalten

Obwohl sich auch in der konventionellen Rinderzucht die Zuchtziele stärker in Richtung Fitness gewandelt haben liegt der Hauptanteil am Zuchterfolg noch immer in der Milchleistung. Deshalb stellt sich die Frage, ob es aktuell noch geeignete Milchkühe für ökologische Milchviehbetriebe gibt und wie sich die zukünftige Situation gestalten wird.

In einer bayerischen Arbeit *(Krogmeier, 2016)* wurde gezeigt, dass derzeit die genetische Variation innerhalb der Rassen Fleckvieh und Braunvieh auch für extensiver wirtschaftende Betriebe bzw. Bio-Betriebe noch als ausreichend hoch eingestuft werden kann. Entscheidend ist zurzeit, dass Bio-Betriebe aus den zur Verfügung stehenden Zuchtstieren die geeignetsten Tiere mit Hilfe des ÖZW tatsächlich auswählen und dann auch am Betrieb in gezielten Anpaarungen einsetzen.

Damit für extensive Bedingungen geeignete Milchkühe auch in Zukunft zur Verfügung stehen erfolgt seit einigen Jahren eine intensive länderübergreifende Zusammenarbeit zwischen Bayern, Baden-Württemberg und Österreich. Neben der flächendeckenden Bereitstellung aller wichtigen züchterischen Informationen auf Basis des ÖZW hat diese Zusammenarbeit das Ziel, die Ökorinderzucht gemeinsam zu vertreten und weiterzuentwickeln. Da sich die züchterischen Anforderungen der Ökobetriebe ähneln, wird ein Nachfragepotenzial nach geeigneten Bullen geschaffen. Dies soll bewirken, dass die Besamungsstationen solche Bullen ankaufen und anbieten.

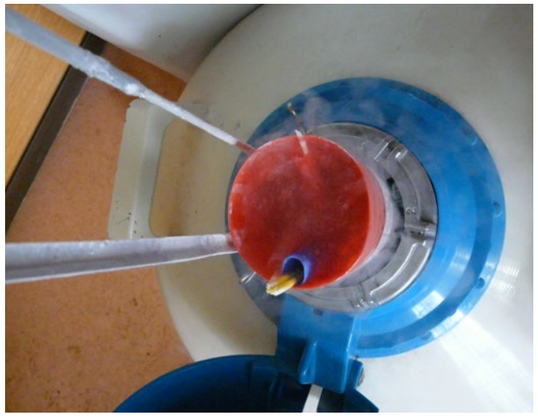
Durchaus wahrscheinlich ist aber auch, dass diese ökologischen Eigenschaften in Zukunft für die gesamte Milchviehhaltung an Bedeutung gewinnen. Angesichts der wachsenden Weltbevölkerung bringt das Rind den großen Vorteil mit sich auf absoluten Grünlandstandorten, die nicht direkt für die menschliche Ernährung genutzt werden können, Milch und Fleisch erzeugen zu können. Um auf diesen Standorten mit gesunden Kühen Milch erzeugen zu können, werden auch konventionelle Zuchtziele verstärkt auf Fitness- und Gesundheitsmerkmale setzen. Hierzu werden zurzeit Zuchtwertschätzungen für neue Merkmale, u.a. für neue Gesundheits- und Effizienzmerkmale entwickelt.

Den ÖZW weiterentwickeln

Die Arbeitsgruppe „Ökologische Rinderzucht" beurteilt regelmäßig die Entwicklungen in der Rinderzucht. Auf Basis aktueller wissenschaftlicher Daten und in Abstimmung mit den Bio-Verbänden sowie Zuchtorganisationen der Länder sollen auch zukünftig Anpassungen im ÖZW umgesetzt werden. Dies betrifft zum Beispiel die Berücksichtigung weiterer für die ökologische Rinderhaltung wichtiger Merkmale im ÖZW (Lebendgewicht, neue Gesundheitsmerkmale etc.). Ein Ziel liegt auch darin, die Bäuerinnen und Bauern über die Bedeutung der Zuchttierauswahl zu informieren und zur eigenverantwortlichen Zucht auf den Bio-Höfen zu motivieren. Da die Nachfrage wesentlich das Angebot beeinflusst sind diese Bemühungen auch für die mittel- und langfristige Sicherung passender Zuchttiere bedeutend.

Fazit

Mit dem ÖZW wird versucht für ökologische Milchviehbetriebe geeignete Kühe zu züchten. Diese Kühe sollen das genetische Potenzial besitzen unter ökologischen Fütterungsbedingungen stabile und ausreichende Milchleistungen zu erbringen, ohne dass dies zu Beeinträchtigungen der Tiergesundheit und des Tierwohls führt. Darüber hinaus sollen sie für Haltungsbedingungen geeignet sein, die dem Ausleben des Normalverhaltens der Milchkuh besonders nahekommen. Aber auch außerhalb der ökologischen Milchviehhaltung kann die Milchviehzucht durch eine stärkere Gewichtung von Fitness- und Gesundheitsmerkmalen zu einer besseren Tiergesundheit und mehr Tierwohl beitragen.



Spermacontainer (Foto: Bio-Institut, HBLFA Raumberg-Gumpenstein)

Weidebegehung (Foto: Bio-Institut, HBLFA Raumberg-Gumpenstein)

Literaturverzeichnis

Bauer A, Martens H, Thöne-Reineke C, 2021. Tierschutzrelevante Zuchtprobleme beim Milchvieh – Interaktion zwischen dem Zuchtziel „Milchleistung" und dem vermehrten Auftreten von Produktionskrankheiten. *Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift* 134: 1–9.

Egger-Danner C, 2013. Leistungsgrenzen beim Rind in Abhängigkeit von Züchtung und Management In: *Tagungsband 19. Österreichische Wintertagung 2013 für Grünland- und Viehwirtschaft.* 11–12.

Fürst C, Schwarzenbacher H, Egger-Danner C, Fürst-Waltl B, 2022. Möglichkeiten zur genetischen Verbesserung des Tierwohls. *Rinderzucht Austria Seminar* 2022. Tagungsband 32–47. *https://www.rinderzucht.at/downloads/seminarunterlagen.html*. Abgerufen am 25.08.2022

Fürst C, Egger-Danner C, Schwarzenbacher H, Fürst-Waltl B, 2016a. Neue Merkmale – Fitness, Vitalität und Gesundheit. Tagungsband ZAR-Seminar 2016, 19–31.*https://www.rinderzucht.at/downloads/seminarunterlagen.html*. Abgerufen am 25.08.2022

Fürst C, Pfeiffer C, Fürst-Waltl B, 2016b. Fit, vital und leistungsstark – die neuen Zuchtziele für Fleckvieh und Braunvieh. *Neue Zuchtziele in der Rinderzucht.* Seminar des Ausschusses für Genetik der ZAR 41–48.

Krogmeier D, 2016. Eines für Alle – oder brauchen wir verschiedene Zuchtziele? Anforderungen extensiver Produktionssysteme an die Tierzüchtung. *Tagungsband ZAR-Seminar* 2016, 9–17. *https://www.rinderzucht.at/downloads/seminarunterlagen.html*. Abgerufen am 25.08.2022

LfL, 2022. Der ökologische Gesamtzuchtwert August 2022. *https://www.lfl.bayern.de/itz/rind/018887/index.php*. Abgerufen am 25.08.2022

MARTENS H, 2013. Erkrankungen von Milchkühen in der frühen Laktationsphase – Risikofaktor negative Energiebilanz und Hyperketonämie. *Tierärztliche Umschau* 68: 463–476.

MARTENS H, 2016. Leistung und Gesundheit von Milchkühen: Bedeutung von Genetik (Ursache) und Management (Wirkung). *Tierärztliche Praxis Großtiere* 4: 253–258

Winckler C, 2022. Tierwohl messen: Grundsätzliche Überlegungen und Beurteilung in der Praxis. *Rinderzucht Austria* Seminar 2022. Tagungsband 4–8. *https://www.rinderzucht.at/downloads/seminarunterlagen.html*. Abgerufen am 25.08.2022

Fleckvieh Kühe auf der Weide
(Foto: Bio-Institut, HBLFA Raumberg-Gumpenstein)

Molekulargenetik statt Antibiotika – Schweizer Züchterinnen und Züchter setzen auf genetisch Coli-resistente Schweine

Stefan Neuenschwander[1,], Peter Vögeli[1]*

[1]Institut für Agrarwissenschaften, Departement Umweltsystemwissenschaften, ETH Zürich, Schweiz

**Korrespondierender Autor: stefan.neuenschwander@usys.ethz.ch*

Abbildung 1: An Colienterotoxaemie erkranktes Ferkel mit Schwellungen im Gesicht (Flüssigkeitsansammlungen, Ödeme), Festliegen und unnatürlicher Haltung der Vorderbeine als Folge von Durchblutungsstörungen im Gehirn (Foto: Veterinärfakultät der Universität Zürich)

Einleitung

Darminfektionen mit ***Escherichia (E.) coli*** treten beim Schwein unter den klinischen Bildern der Colidiarrhöe (Colidurchfall) oder der Colienterotoxämie (Ödemkrankheit, *Abbildung 1)* auf *(Tabelle 1)*.

Diese gehören beim Schwein sowohl in der Schweiz wie auch weltweit zu den wichtigsten bakteriellen Infektionskrankheiten. Bei einer grob geschätzten Sterblichkeit – exakte Statistiken fehlen – von über einem Prozent und weltweit rund 3 Milliarden jährlich geborenen Schweinen, handelt es sich um Verluste in der Größenordnung von mehr als 30 Millionen Schweinen *(Jahn und Uecker, 1987)*. Krankheitsausbrüche bei Saugferkeln sind in der Regel selbstbegrenzend. Im Gegensatz dazu bleiben Infektionen bei abgesetzten, d. h. von der Sau entwöhnten Ferkeln über Monate oder Jahre hinweg in den Tierbeständen heimisch.

Neben dem Leiden der erkrankten Schweine entstehen auch erhebliche ökonomische Verluste nicht nur durch die Tierabgänge, sondern auch durch den Aufwand für prophylaktische und therapeutische Maßnahmen. Während die Schutzimpfung der trächtigen Sauen einen guten Schutz der Saugferkel während der Säugezeit ergibt, sind die abgesetzten Ferkel nicht mehr geschützt. Deshalb nehmen betroffene Betriebe in erster Linie Zuflucht zu antimikrobiellen Substanzen, die vorzugsweise als Fütterungsarzneimittel verabreicht werden. Je nach Substanz und Dauer des Einsatzes entwickeln sich mehr oder weniger schnell resistente Bakterien *(Peng et al., 2022)* bei behandelten und nicht behandelten Schweinen im Bestand. Die meisten Substanzen induzieren infektiöse Resistenzen. Das sind Resistenzen, deren Gene horizontal auf andere Bakterienstämme der gleichen oder auch fremder Arten und sogar Gattungen übertragen werden. In Ländern mit freiem Zugang zu diesen Substanzen sind Resistenzen sehr häufig *(Phongpaichit et al., 2007)* und zwingen zum Einsatz immer neuer Stoffgruppen. *Olasz et al. (2005)* fanden, dass auf demselben Bakterienplasmid (übertragbares genetisches Element) wie die Resistenz auch genetische Informationen für Virulenzeigenschaften sitzen können. In diesem Fall werden Virulenzfaktoren in der bakteriellen Flora des Tierbestandes durch die Behandlung sogar angereichert.

Neben der Verabreichung von antimikrobiellen Substanzen zur Verhinderung von Krankheitsausbrüchen werden auch Säuerungsmittel verabreicht. Diese modulieren den pH-Wert im Dünndarm und beeinflussen die Vielfalt der Mikrobenflora im Darm und fördern die Verdaulichkeit des Futters *(Liu et al., 2018)*. Zink und Kupfer beeinflussen die Darmflora positiv dank ihres möglichen antibakteriellen Effekts. Wegen der Tier- und Umwelttoxizität von Zink ist der pharmakologisch hohe Gehalt in Tierfutter in der EU ab Juni 2022 verboten. Nukleotide und Pflanzenextrakte haben auch einen Einfluss auf die Mikrobenflora und könnten die Immunität der Schweine stärken. Es gibt zahlreiche andere Futterzusätze, die möglicherweise die Gesundheit der Schweine verbessern, doch die Resultate der Studien sind oft widersprüchlich. Der Grund dafür könnte darin liegen, dass die Wirksamkeit jedes Futterzusatzes von der Futterzusammensetzung und vom Gesundheitsstatus des Tieres abhängt. Als Fazit kann daher gefolgert werden,

Tabelle 1: Hauptvirulenzfaktoren die beim Schwein Darmkrankheiten verursachen

Krankheit/betroffene Altersgruppe	Adhäsive Fimbrientypen	Toxine
Colidiarrhöe Saugferkel Absetzferkel	F4ab/F4ac, F18ac	Enterotoxine: hitzestabile Variante a (Sta), hitzestabile Variante b (Stb), hitzelabile Variante (LT)
Colienterotoxämie (Ödemkrankheit) Absetzferkel	F18ab/F18ac	Shigatoxin Variante 2e (Stx2e)

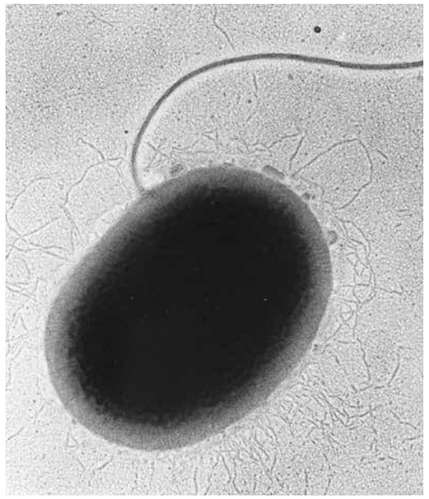


Abbildung 2: Einzelnes E. coli-Bakterium mit einer erkennbaren Geißel und sehr zahlreichen Fimbrien des Typs F18ab. Aufnahme im Transmissions-Elektronenmikroskop nach Platin-Kohle-Rotationsbeschattung (Foto: Institut für Veterinär-Anatomie, Universität Zürich)

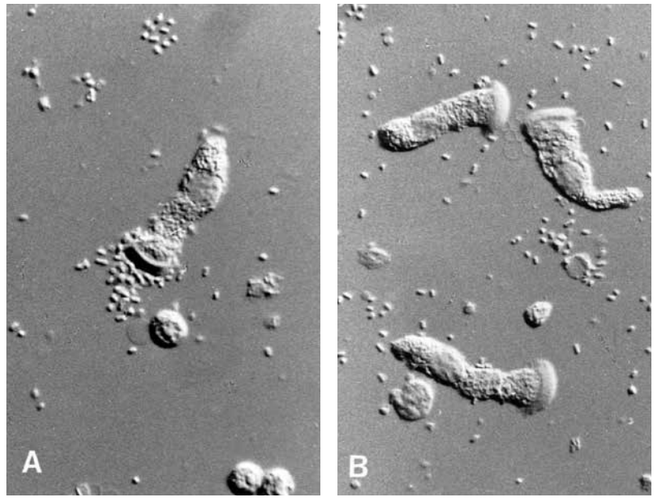


Abbildung 3: Bestimmung des Rezeptor-Phänotyps im mikroskopischen Adhäsionstest nach der Schlachtung des Schweines und Präparation isolierter Dünndarm-Enterozyten. Bild A: Darmzelle mit mehreren am Bürstensaum haftenden Bakterien des Fimbrientyps F18ab. Bild B: Darmzellen ohne Adhäsion (Foto: Institut für Nutztierwissenschaften, ETH Zürich)

dass keine der bisher verfügbaren Maßnahmen zur Krankheitsverhütung die Wirksamkeit antimikrobieller Substanzen erreicht. Wegen der hohen Tenazität (Überlebensfähigkeit in der Umwelt) der Erreger sind hygienische Vorkehrungen zum Schutz vor Krankheitsverschleppung von begrenztem Wert.

Pathogenese

Kenntnisse über die Krankheitsentstehung sind entscheidend für das Verständnis der genetischen Resistenz. Colidiarrhöe und Colienterotoxämie werden durch bakterielle Exotoxine ausgelöst *(Tabelle 1)*. Ein Bakterienstamm kann ein einzelnes Toxin oder eine Kombination von Toxinen produzieren. Enterotoxine bewirken lokal im Dünndarm eine reversible Steigerung der physiologischen Sekretion. Wenn die Menge der ausgeschiedenen Flüssigkeit die Kapazität der Rückresorption im Darm übersteigt, kommt es zu Durchfall. Im typischen Fall führt der Verlust von Flüssigkeit und Elektrolyten zum Tod des erkrankten Ferkels. Shigatoxin der Variante 2e (Stx2e) tritt im Dünndarm in die Blutbahn über und wird, absorbiert an die Membran von Erythrozyten, im Blutgefässsystem verteilt. In erster Linie in den Wänden von Arteriolen bewirkt es degenerative Schäden mit vermehrtem Austritt von Flüssigkeit in die Gewebe, die zu einem hyperakuten Schock mit Kreislaufversagen und hyperakutem Verenden führen können. *Abbildung 1* zeigt ein an Colienterotoxämie erkranktes Absetzferkel.

Für die Erzeugung wirksamer Mengen an Toxinen müssen die Bakterien im Dünndarm riesige Populationen bilden. Im Verlauf einer akuten Coliinfektion steigt die Keimzahl um das Tausend- bis Hunderttausendfache auf 10^9 bis 10^{11} KBE (koloniebildende Einheiten) an *(Bertschinger et al., 1993)*. Bei gesunden Ferkeln übersteigen die Zahlen der Colibakterien am distalen Ende des Dünndarms kaum je 10^6 KBE pro Gramm Darminhalt, denn der ständige Flüssigkeitsstrom im Darmlumen schwemmt die Bakterien laufend weiter. Für hohe Keimzahlen ist daher die Bildung eines Bakterienfilmes auf der Schleimhaut essenziell.

Die Adhäsion an der Darmwand wird durch Fimbrien vermittelt. Fimbrien sind meist in großer Zahl vorhandene, haarförmige Anhängsel auf der Bakterienoberfläche *(Abbildung 2)*, die aus Proteinen bestehen und verschiedenen Typen und Typenvarianten zugeordnet werden. Sie können eine hochspezifische Bindung mit Glykoproteinen auf der Oberfläche der Enterozyten eingehen. Diese werden als Rezeptoren bezeichnet. Die Adhäsion der Fimbrientragenden Bakterien ist spezifisch für die Tierart, das Organ (hier Dünndarm), die Epithelzellen und im vorliegenden Fall für den mit Mikrovilli (Bürstensaum) besetzten lumenseitigen Zellpool. Das Vorhandensein von Fimbrien kann nicht nur im Elektronenmikroskop, sondern auf Grund ihrer Antigenität auch in einem einfachen Agglutinationstest mit Hilfe von Antikörpern nachgewiesen werden.

Vererbung von Rezeptoren

Das Vorhandensein eines Rezeptors kann in einem mikroskopischen Adhäsionstest nachgewiesen werden. Hierfür werden nach der Schlachtung des Schweines Enterozyten aus dem Dünndarm präpariert und mit Fimbrien-tragenden Bakterien inkubiert. Unter dem Mikroskop kann die Anhäufung von Bakterien am Bürstensaum beobachtet werden *(Abbildung 3A)*. Nicht alle Schweine besitzen Rezeptoren für die dominierenden Coli-Fimbrien F18 und F4. Schweine ohne Rezeptor sind gegen Infektionen mit dem entsprechenden Fimbrientyp genetisch resistent *(Abbildung 3B)*.

Bakterien mit F18ab bilden unter üblichen Kulturbedingungen nur spärliche oder gar keine Fimbrien. Eine spontan aufgetretene Mutante hingegen produziert auch in Kultur zahlreiche Fimbrien *(Bertschinger et al., 1990)*.

Die im Folgenden dargestellten Befunde sind das Resultat einer langjährigen Zusammenarbeit des Instituts für Veterinärbakteriologie und der Nutztierklinik der Veterinärmedizinischen Fakultät der Universität Zürich, der Gruppe Tiergenetik des Instituts für Nutztierwissenschaften der ETHZ sowie der Schweinezuchtorganisation Suisag, Sempach.

Rezeptor für Fimbrien der zwei F18-Varianten

Zuchtversuche lassen den Schluss zu, dass die beiden Varianten F18ab und F18ac an den gleichen Rezeptor binden. Dieser wird von einem Gen gesteuert, wobei das Allel (Genvariante) für das Vorhandensein des Rezeptors über das Allel für dessen Fehlen dominant ist. Für die Suche der Lokalisation des Gens wurde die genetische Kopplung mit bekannten Markern berechnet. Als Marker standen zu jener Zeit Gene für Blutgruppen und polymorphe Blutproteine zur Verfügung. Mit deren Hilfe wurde der Genort auf Schweinechromosom 6 ermittelt, und zwar in der Nähe der Gene für die Blutgruppe S und die Stressempfindlichkeit *(Vögeli et al., 1996)*. Bei der Suche nach Kandidatengenen die für den Rezeptor kodieren könnten, stießen wir an der entsprechenden Stelle des menschlichen Erbgutes auf das Gen für die α-(1,2)-Fucosyltransferase 1 *(FUT1)*. Dieses Gen kommt auch beim Schwein vor. Seine Allele werden bei der Vererbung zu hundert Prozent mit den Allelen für den F18-Rezeptor weitergegeben *(Meijerink et al., 1997, 2000)*. Das *FUT1*-Gen ist mit dem Rezeptorgen identisch. Für die Funktion von *FUT1* ist entscheidend, welche Base auf Position 307 vorhanden ist. Wenn Adenin (A) vorliegt, wird kein Rezeptor gebildet, wohl aber mit der Base Guanin (G). Ein einzelnes Allel mit der Base G genügt für einen funktionellen Rezeptor, was den dominanten Erbgang erklärt. Demnach sind *FUT1* A/A Schweine resistent und *FUT1* A/G und *FUT1* G/G Schweine empfänglich.

Rezeptor für Fimbrien der zwei F4-Varianten

Vor über 30 Jahren wurde genetische Resistenz gegen *E. coli* mit Fimbrien F4ac beobachtet mit einem analogen Erbgang wie er oben für F18 beschrieben ist *(Rutter et al., 1975)*. *Abbildung 4* zeigt ein an *E. coli* F4ab/ac verstorbenes Ferkel, das an Saugferkeldurchfall litt.

Nach Aufbau einer Zuchtherde mit aufspaltenden Würfen an unserem Institut wurde zunächst bestätigt, dass der Rezeptor Fimbrien der beiden Varianten F4ab und F4ac stark bindet, und dass das entscheidende Gen auf Schweinechromosom 13 liegen muss. Dank verschiedener Genmarker konnten wir den Genort eng eingrenzen. *Rampoldi et al. (2011)* kartierten den Rezeptorlocus für F4ab/ac in die Region des *MUC13*-Gens. *Ren et al. (2012)* beschrieben zwei *MUC13*-Allele. Das *MUC13*-A Allel war in kompletter Übereinstimmung mit dem F4ac nicht-adhäsiven Phänotyp, während alle empfänglichen Schweine mindestens ein *MUC13*-B Allel aufwiesen. Jedoch ist die exakte kausative Mutation in dieser Region immer noch nicht bekannt. Aus der Studie von *Hu et al. (2019)* geht hervor, dass die drei in der Nähe von *MUC13* liegenden Allele der Marker ALGA0072075, CHCF1 und CHCF3 sehr eng mit Rezeptorphänotyp korrelieren.

Abbildung 4: Ein an E. coli F4ab/ac verstorbenes Ferkel mit typisch gelblich-schleimigen Exkrementen (Foto: Suisag)

Praktisches Vorgehen bei der Resistenzzucht

In der Schweinezucht hat eine Spezialisierung stattgefunden. Die Hochzuchtbetriebe haben die Verbesserung des Erbmaterials zum Ziel. Hier dienen regelmäßige Haarwurzelentnahmen nicht nur der eindeutigen Identifikation der Nachkommen, sondern auch der genomischen Selektion von wertvollen Zuchttieren für erwünschte Leistungs- und Qualitätsmerkmale. Aus diesen Proben wird DNA extrahiert und daraus die Genotypen mittels spezieller Chips bestimmt. Dank dieser Technik kann festgestellt werden, ob ein Schwein homo- oder heterozygoter Träger des Rezeptorgens ist. Der Untersuchungsgang für das F18-Rezeptorgen ist durch ein ETH-Patent geschützt.

In *Abbildung 5* ist die Zunahme der F18ab/ac resistenten Edelschwein (ES)-Eber auf der Besamungsstation (KB) nach Geburtsjahr der Eber aufgezeichnet. Seit 2013 kommen keine reinerbig anfälligen ES-KB-Eber mehr vor und seit 2017 gibt es auch keine mischerbig anfälligen ES-KB-Eber mehr.

In *Abbildung 6* ist der Selektionsfortschritt bei den Schweizer Landrasse (SL)-Ebern auf der KB-Station dargestellt. Hier sind die Eber seit 2021 reinerbig resistent.

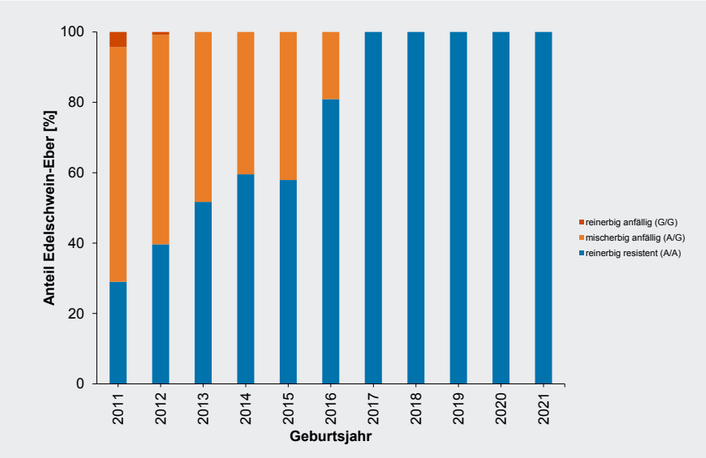


Abbildung 5: Anteil der verschiedenen Coli F18ab/ac-Genotypen der Edelschwein-Eber auf der Besamungsstation nach dem Geburtsjahr der Eber aufgeteilt

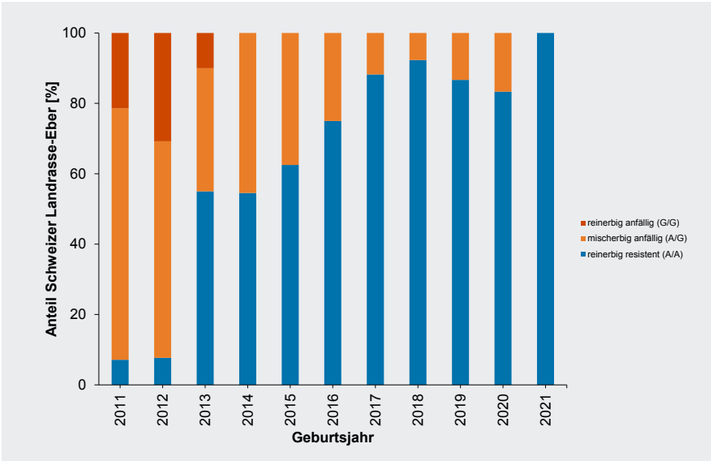


Abbildung 6: Anteil der verschiedenen Coli F18ab/ac-Genotypen der Schweizer Landrasse-Eber auf der Besamungsstation nach dem Geburtsjahr der Eber aufgeteilt

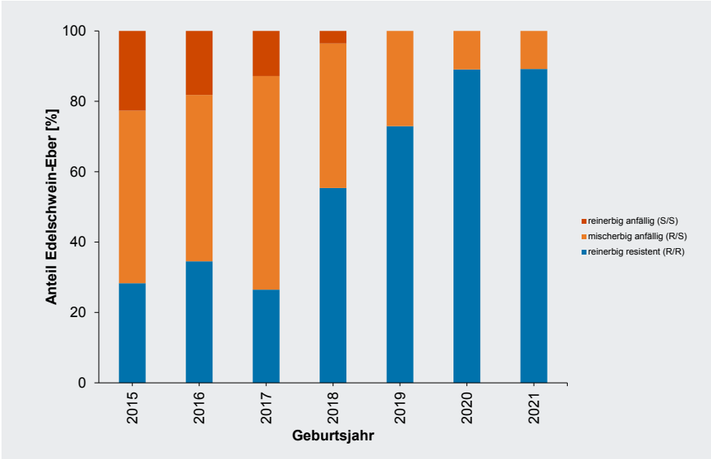


Abbildung 7: Anteil der verschiedenen Coli F4-Genotypen der Edelschwein-Eber auf der Besamungsstation nach Geburtsjahr der Eber aufgeteilt

Bei den Rassen Duroc und Piétrain werden die Zuchtkandidaten auch bezüglich F18ab/ac typisiert und der Genotyp bei der Auswahl neuer KB-Eber berücksichtigt. Weil aber beide Rassen stark auf Genetik-Importe angewiesen sind und im Ausland bisher nicht systematisch auf diese Resistenz gezüchtet wird, kann der Anteil der resistenten KB-Eber in diesen Rassen nur begrenzt erhöht werden.

Die Suisag selektioniert auf F4ab/ac-Resistenz (R/R) erst seit 2018. Reinerbig resistente ES-KB-Eber werden für die KB bevorzugt angekauft. Reinerbig anfällige ES-KB-Eber (S/S) werden nicht mehr eingestallt. Daher nimmt die Anzahl resistenter ES KB-Eber kontinuierlich zu *(Abbildung 7)*.

Ab 2022 werden keine mischerbigen F4 (R/S) ES-Eber mehr für die KB angekauft und die noch vorhandenen sukzessive ausgemerzt. Bei der SL hat die Selektion auf F4 erst kürzlich begonnen. Aufgrund der kleinen Zuchtpopulation, der tiefen Frequenz der resistenten Genvariante und dem Zukauf von ausländischem Sperma wird es Jahre dauern, bis SL KB-Eber reinerbig F4 resistent sind. Bei der Rasse Duroc sind praktisch alle KB-Eber reinerbig resistent. Und bei der Rasse Piétrain sind es viele.

Fazit

Die Nutzung von genetischer Resistenz gegenüber *E. coli* bedingtem Saugferkel- und Absetzdurchfall ist machbar, weil im vorliegenden Fall nur zwei Rezeptoren ausgeschaltet werden müssen. Durch die züchterische Bearbeitung dieses Merkmals kann die Gesundheit und das Wohlergehen der Schweine nachhaltig verbessert werden. Der wirtschaftliche Aufwand ist vertretbar, da die Entnahme von Typisierungsmaterial bei Schweinen der Hochzucht für die genomische Zuchtwertschätzung ohnehin durchgeführt wird. Die künstliche Besamung sorgt für eine rasche Ausbreitung der Resistenzgene in der Landeszucht. Kritisch zu hinterfragen sind eine allfällige, noch nicht erkannte anderweitige Funktion der Rezeptormoleküle und ebenso die unbeabsichtigte genetische Kopplung mit unerwünschten Merkmalen. Bei F18- und F4-resistenten Schweinen sind bis jetzt keine ungünstigen Auswirkungen auf Gesundheits- oder Produktionsmerkmale bekannt. Im Vergleich zu andern Prophylaxe-Maßnahmen ist die Resistenzzucht langfristig sehr konkurrenzfähig, weil später jeder Aufwand beschränkt ist. Hingegen fällt der Aufwand bei Maßnahmen wie Schutzimpfungen, Spezialfutter oder Medikamenten in jeder Generation neu an. Resistente Schweine führen zu einem geringeren Infektionsdruck auf empfängliche Schweine und dadurch zu einer geringeren Anzahl erkrankter Tiere, zu weniger Tierverlusten – insgesamt also einem gesteigertem Tierwohl-Niveau – und zu geringeren Behandlungskosten. Der reduzierte Einsatz von Antibiotika bei resistenten Schweinen vermindert die Ausbreitung von resistenten Keimen und trägt dazu bei, die Wirksamkeit von Antibiotika länger zu erhalten.

Literaturverzeichnis

Bertschinger H U, Bachmann M, Mettler C, Pospischil A, Schraner E M, Stamm M, Sydler T, Wild P, 1990. Adhesive fimbriae produced invivo by *Escherichia-coli* O139-K12(B)-H1 associated with enterotoxemia in pigs. *Veterinary Microbiology* 25(2–3): 267–281. *https://doi.org/10.1016/0378-1135(90)90083-8*.

Bertschinger H U, Stamm M, Vögeli P, 1993. Inheritance of resistance to oedema disease in the pig: experiments with an *Escherichia coli* strain expressing fimbriae 107. *Veterinary Microbiology* 35(1–2): 79–89. *https://doi.org/10.1016/0378-1135(93)90117-P*.

Hu D, Rampoldi A, Bratus-Neuenschwander A, Hofer A, Bertschinger H U, Vögeli P, Neuenschwander S, 2019. Effective genetic markers for identifying the *Escherichia coli* F4ac receptor status of pigs. *Animal Genetics* 50(2): 136–142. *https://doi.org/10.1111/age.12770*.

Jahn S, Uecker E, 1987. Economic Studies into Coli-Enterotoxemia of Swine. *Monatshefte für Veterinärmedizin* 42(21): 769–771.

Liu Y, Espinosa C D, Abelilla J J, Casas, G A, Lagos L V, Lee S A, Kwon W B, Mathai J K, Navarro D, Jaworski N W, Stein H H, 2018. Non-antibiotic feed additives in diets for pigs: A review. *Animal Nutrition* 4(2): 113–125. *https://doi.org/10.1016/j.aninu.2018.01.007*.

Meijerink E, Fries R, Vögeli P, Masabanda J, Wigger G, Stricker C, Neuenschwander S, Bertschinger H U, Stranzinger G, 1997. Two a(1,2)fucosyltransferase genes on porcine chromosome 6q11 are closely linked to the blood group inhibitor *(S)* and *Escherichia coli* F18 receptor *(ECF18R)* loci. *Mammalian Genome* 8(10): 736–741. *https://doi.org/10.1007/s003359900556*.

Meijerink E, Neuenschwander S, Fries R, Dinter A, Bertschinger H U, Stranzinger G, Vögeli P, 2000. A DNA polymorphism influencing a(1,2)fucosyltransferase activity of the pig FUT1 enzyme determines susceptibility of small intestinal epithelium to *Escherichia coli* F18 adhesion. *Immunogenetics* 52(1–2): 129–136. *https://doi.org/10.1007/s002510000263*.

Olasz F, Fekete P Z, Blum-Oehler G, Boldogkoi Z, Nagy B, 2005. Characterization of an F18+ enterotoxigenic *Escherichia coli* strain from post weaning diarrhoea of swine, and of its conjugative virulence plasmid pTC. *FEMS Microbiology Letters* 244(2): 281–289. *https://doi.org/10.1016/j.femsle.2005.01.057*.

Peng Z, Hu Z, Li Z, Zhang X, Jia C, Li T, Dai M, Tan C, Xu Z, Wu B, Chen H, Wang X, 2022. Antimicrobial resistance and population genomics of multidrug-resistant *Escherichia coli* in pig farms in mainland China. *Nature Communications* 13(1): 1116. *https://doi.org/10.1038/s41467-022-28750-6*.

Phongpaichit S, Liamthong S, Mathew A G, Chethanond U, 2007. Prevalence of class 1 integrons in commensal *Escherichia coli* from pigs and pig farmers in Thailand. *Journal of Food Protection* 70(2): 292–299. *https://doi.org/10.4315/0362-028X-70.2.292*.

Rampoldi A, Jacobsen, M J, Bertschinger H U, Joller D, Bürgi E, Vögeli P, Andersson L, Archibald A L, Fredholm M, Jorgensen C B, Neuenschwander S, 2011. The receptor locus for *Escherichia coli* F4ab/F4ac in the pig maps distal to the *MUC4–LMLN* region. *Mammalian Genome* 22(1): 122–129. *https://doi.org/10.1007/s00335-010-9305-3*.

Ren J, Yan X, Ai H, Zhang Z, Huang X, Ouyang J, Yang M, Yang H, Han P, Zeng W, Chen Y, Guo Y, Xiao S, Ding N, Huang L, 2012. Susceptibility towards enterotoxigenic *Escherichia coli* F4ac diarrhea is governed by the *MUC13* gene in pigs. *PLoS ONE* 7(9): e44573. *https://doi.org/10.1371/journal.pone.0044573*.

Vögeli P, Bertschinger H U, Stamm M, Stricker C, Hagger C, Fries R., Rapacz J, Stranzinger G, 1996. Genes specifying receptors for F18 fimbriated *Escherichia coli*, causing oedema disease and postweaning diarrhoea in pigs, map to chromosome 6. *Animal Genetics* 27(5): 321–328.

Die Zucht einer vitalen und resilienten Biene für die extensive Imkerei

Ariane Maeschli[1,], Günter Friedmann[2], Salvador V. Garibay[1]*

[1]*Forschungsinstitut für biologischen Landbau (FiBL), Ackerstrasse 113, 5070 Frick, Schweiz*

[2]*Demeter-Imkerei Friedmann, Küpfendorf 37, 89555 Steinheim am Albuch, Deutschland*

**Korrespondierende Autorin: ariane.maeschli@fibl.org*

Highlights

- Aggressivere Bienenvölker könnten in der extensiven Imkerei Überlebensvorteile haben
- Zwischen den Völkern zeigten sich große Unterschiede im Anlegen von Brutnestern und Futterreserven
- Große Bienenvölker müssen nicht resistenter und resilienter sein als kleine

Zusammenfassung

Eine lokal angepasste und gesunde Biene war das Ziel eines Pilotprojekts in der Zentralschweiz. Ein Expertenteam entwickelte ein Selektionskonzept für Bienenvölker der Rasse der Dunklen Biene. Der Schwerpunkt waren Vitalitätsmerkmale für Resistenz und Resilienz.

Ein Team unter der Leitung des Forschungsinstituts für biologischen Landbau (FiBL) führte viermal im Jahr umfangreiche Datenerhebungen durch. Jeweils im Frühjahr wurden Völker für die Weiterzucht ausgewählt. Das geschah ausschließlich auf der Grundlage von Überlebensmerkmalen wie Gesundheit, Vitalität und Widerstandsfähigkeit. Die ausgewählten Völker wurden während der Schwarmsaison vermehrt, mit je zwei Ablegern mit eigenen Königinnenzellen pro Bienenvolk.

Das Forschungsteam untersuchte, ob ein angepasstes Selektionskonzept für die extensive ökologische Bienenhaltung den üblichen Zuchtkriterien entspricht oder widerspricht. Zudem prüfte das Team, ob im Laufe des Jahres wesentliche Kriterien beobachtet werden können, die bei der Beurteilung für die Selektion geeigneter Völker helfen könnten.

Zum jetzigen Zeitpunkt scheint es, dass die Nachkommenschaft aggressiverer Bienenvölker eine bessere Vitalität und Widerstandsfähigkeit aufweist. Weitere interessante Beobachtungen: Kleine Bienenvölker haben möglicherweise einen gewissen Vorteil bei der Überwinterung, da sie weniger Nahrung aufnehmen. Weiter stellen im Sommer einige Bienenvölker die Brutaufzucht bei schlechter Fütterung ein. Große Unterschiede in Menge und Anordnung wurden bei der Lagerung von Nektar und Pollen im Brutraum festgestellt.

Einleitung

Ausgangslage

Immer mehr Imker:innen interessieren sich für eine extensive Imkerei, welche stärker die bienengemäßen Verhaltensweisen, wie Naturwabenbau und natürliches Schwarmverhalten, in den Vordergrund stellt. Dies bedingt eine an den Standort angepasste vitale Biene *(Meixner, 2010, Costa et al., 2012)*. Die extensive Haltung mit natürlicher Vermehrung durch das Schwarmverhalten bringt den Imker:innen Unabhängigkeit von der Königinnenzucht, außerdem ist sie weniger zeitintensiv. Die extensive Haltung könnte auch eine Möglichkeit sein, die Robustheit der Biene zu fördern: die Bienen werden weniger in ihrem natürlichen Verhalten gestört und sind somit weniger Stressfaktoren ausgesetzt. Der Nachteil der extensiven Haltung ist jedoch der geringere Honigertrag.

Projektziele

In einem vierjährigen Zuchtprojekt wurde ein Selektionskonzept *(Abbildung 1)* für die bienengerechte, extensive Bio-Imkerei entwickelt, welches Zuchtvölker allein nach Merkmalen, welche für Vitalität und Resilienz einer Biene sprechen, auswählt *(Friedmann, 2017)*. Dies mit dem Ziel, eine lokal angepasste und gesunde Biene zu erhalten. Es sollte untersucht werden, in wie weit diese Auswahlkriterien mit den Standardkriterien der konventionellen Imkerei korrelieren, nach denen Bienenvölker üblicherweise zur Zucht ausgewählt werden *(Tabelle 1)*.

Projektdurchführung

Die Dunkle Biene, als einzige ursprünglich in der Schweiz heimische Bienenrasse, bringt gute Eigenschaften für die extensive Haltung gerade in der Bergregion mit. Daher entschied man sich, diese Rasse einzusetzen.

An zwei Standorten der Zentralschweiz in unterschiedlicher Höhenlage (400 und 1.500 m ü. M., *Abbildung 2*) wurden je 15 Völker aufgestellt. Die Bienen wurden extensiv gemanagt, d. h. mittels Naturwabenbau und Vermehrung durch natürliches Schwarmverhalten am Standort. Routinemäßig fanden Varroabehandlungen mittels Ameisensäure im Spätsommer und Oxalsäure im Winter statt. Bei Futtermangel wurden alle Völker mit der gleichen Menge Zuckersirup bzw. Zuckerteig gefüttert.

Im Frühjahr wurden die Bienenvölker vermehrt. Kurz vor dem Ausschwärmen wurden die Muttervölker nach Möglichkeit in drei Völker aufgeteilt. Ein Volk mit der Mutterkönigin, zwei Völker mit gut entwickelten Königinnenzellen für die Nachzucht. Das Ziel war es also, zwei Ableger (Jungvölker) pro Muttervolk zu erhalten. Die Jungköniginnen wurden am Stand begattet, so waren auch Paarungen mit Drohnen von nahe gelegenen Bienenständen anderer Rassen möglich.

Tabelle 1: Standard- und standortangepasste Selektionskriterien im Vergleich

Selektionskriterien nach Standard-Zucht für intensive Imkerei	Selektionskriterien für standortangepasste Zucht und extensive Imkerei
Honigertrag Volksstärke Große zusammenhängende Brutnester Schwarmträgheit	Vitalität Bautätigkeit Brutnest kompakt und mit allen Brutstadien unter guten Bedingungen Verhalten: aktiv, lebhaft, reaktiv Schwarmfreude
Gesundheit Brutgesundheit (frei von Krankheiten) Wenig Varroa	Gesundheit Brutgesundheit (frei von Krankheiten) Wenig Varroa
Einfaches Handling Sanftmut (wenig aggressiv) Guter Wabensitz	Resilienz (Anpassung an Umgebung) Umgang mit Futterquellen Futterabnahme bei Fütterung Futterlager im Brutraum Anpassung an schlechte Bedingung (z. B. Brutstopp)
Rassenstandard Farbe der Biene, Morphologie	

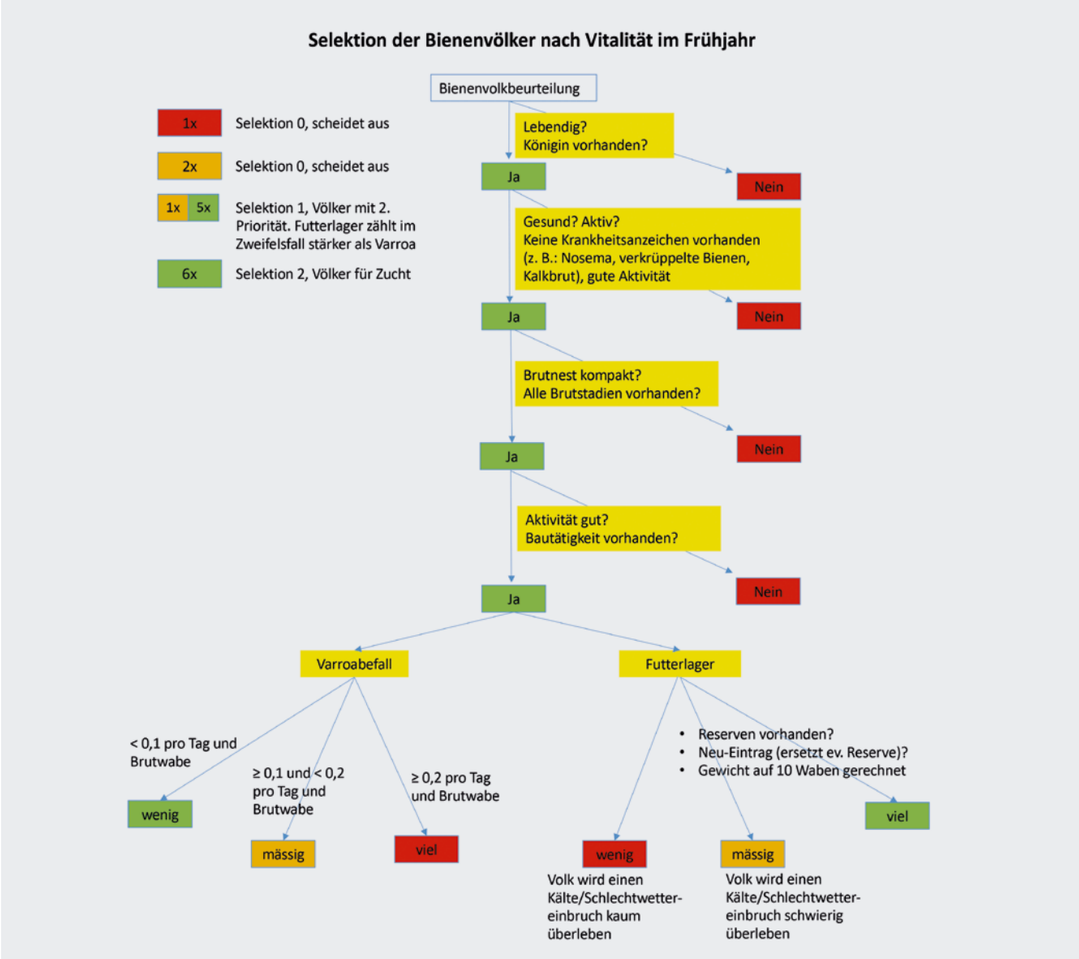


Abbildung 1: Angewendetes Selektionskonzept für die bienengerechte, extensive Bio-Imkerei, welches Zuchtvölker allein nach Merkmalen, welche für Vitalität und Resilienz einer Biene sprechen, auswählt

Abbildung 2: Bienenstand auf der Rigi, 1.500 m ü. M. (Foto: Maeschli, FiBL)

Datenerfassung

Viermal im Jahr wurde eine umfangreiche Datenerhebung bei 78 Völkern verschiedener Generationen durchgeführt. Hierbei flossen folgende Standardkriterien mit ein: natürliche Völkerverluste, Bienengesundheit, Bienenvolkgrösse, Varroabefall, Aggressivität, Ruhe, Putzverhalten, Gewicht des Bienenstocks, sowie ***Vitalitätskriterien*** *(Bautätigkeit, Qualität des Brutnestes, Verhalten, Schwärmen)* und ***Widerstandsfähigkeit*** *(Anpassung an die Umwelt, Futtervorrat im Brutraum)*.

Jeweils im folgenden Frühjahr nach der Auswinterung wurden die rein nach Vitalitätskriterien, besten 12–15 Jungvölker zur Weiterzucht ausgewählt, die anderen Völker (Muttervölker und aussortierte Jungvölker) wurden vom Standort entfernt. Auf 1.500 m ü. M. zeigten die Völker nur wenig Schwarmtrieb, so konnten nur wenige Jungvölker erhalten werden und die besten Muttervölker mussten für die weitere Zucht am Stand belassen werden.

Resultate

Vergleich mit Vorjahresdaten

Es zeigte sich eine Tendenz, dass Völker, welche im Vorjahr eine höhere Aggressivität zeigten nach dem Auswintern eine größere Volksstärke aufwiesen – obwohl die Volksstärke kein Auswahlkriterium für die Selektion im Frühjahr war.

Es zeigte sich, dass nach den Kriterien der standortangepassten Zucht für die extensive Imkerei diejenigen Völker im Frühjahr bevorzugt selektiert wurden, welche im Vorjahr eine höhere Aggressivität, sowie ein ***gutes Putzverhalten*** *(Ausräumen beschädigter Larven)* zeigten. Weitere deutliche Eigenschaften eines Bienenvolkes, welche vor der Einwinterung helfen würden die geeignetsten Völker auszuwählen, konnten nicht eruiert werden.

Eigenschaften der Muttervölker

Analysiert wurden zusätzlich die Eigenschaften des Muttervolkes. Es sollte festgestellt werden, ob eine Selektion der Muttervölker zur erfolgreichen Vermehrung der Bienenvölker für die extensive Imkerei möglich ist. Am Standort im Tal (auf 400 m ü. M.) konnte festgestellt werden, dass die erwünschten zwei Nachkommen hauptsächlich von denjenigen Muttervölkern selektiert wurden, welche sich durch eine höhere Aggressivität auszeichneten *(Abbildung 3)*. Ebenfalls bestachen diese Muttervölker durch größere Futterreserven im Frühjahr.

Weitere Beobachtungen

Am alpinen Standort (1.500 m ü. M.) konnte das Zuchtprogramm wegen mangelnder Schwarmstimmung nicht wie geplant durchgeführt werden. Ebenfalls war die Futtersituation suboptimal, so mussten die Bienenvölker auch im Sommer teilweise zugefüttert werden. Unter diesen schwierigen Bedingungen konnten jedoch andere interessante Beobachtungen gemacht werden:

- Die Menge und die Anordnung der Futterreserven variierten unter den Bienenvölkern in der Höhe sehr deutlich.
- Alle gesunden Völker wurden im Projekt eingewintert. Kleine Völker, welche nach üblicher imkerlicher Praxis vor dem Winter aussortiert worden wären, entwickelten sich im Folgejahr sehr gut. Allenfalls konnte ihnen im langen Winter in den Bergen der geringe Futterbedarf sogar Überlebensvorteile schaffen.
- Auffallend waren einzelne Völker, welche im Sommer bei schwieriger Futtersituation Brutpausen einlegten, um Reserven zu sparen. Dies ist ein Phänomen, welches bei der Dunklen Biene bekannt ist. Dennoch zeigten es nur wenige Völker.

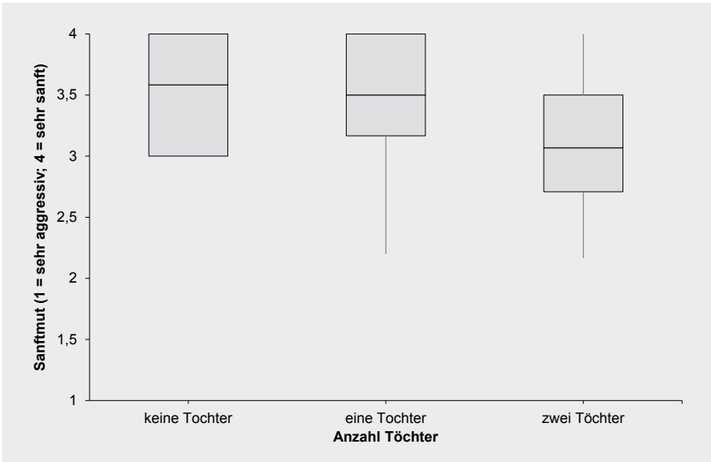


Abbildung 3: Aggressivität der Muttervölker und Anzahl nachgezogener Jungvölker

Fazit

Es war im Rahmen dieses Projektes leider nicht möglich mehrere eindeutige Kriterien zu definieren, welche in der extensiven Imkerei als Selektionsmerkmal von Jungvölkern verwendet werden könnten. Als einziges Merkmal in diversen Beobachtungen schien die Aggressivität tendenziell mit höherer Vitalität und besserer Resilienz in Zusammenhang zu stehen. In der traditionellen Imkerei wird bei sämtlichen Honigbienenrassen auf ein möglichst sanftmütiges Wesen Wert gelegt. Somit stellt sich die Frage, ob die traditionelle Zuchtauswahl langfristig eine Biene hervorbringt, welche auf Kosten von Vitalität und Resilienz stark auf die Betreuung des Menschen angewiesen ist. Allenfalls müssen in Zukunft separate Zuchtlinien, speziell für die extensive Imkerei geführt werden. Diese Fragen lassen sich nur durch vergleichende Langzeitstudien beantworten, welche über mehrere Bienengenerationen durchgeführt werden.

Danksagung

- Benjamin Jud für das Füttern der Bienenvölker am Standort 1.500 m ü. M.
- Kräuterhotel Edelweiss auf der Rigi für das zur Verfügung stellen von Land für den Bienenstand
- Aldi Schweiz für die Finanzierung des gesamten Projekts

Literaturverzeichnis

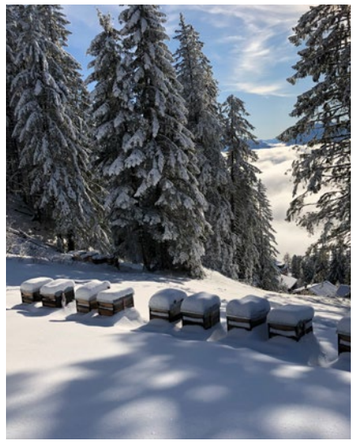
Costa C, Büchler R, Berg S, Bienkowska M, Bouga M, Bubalo D, Charistos L, Le Y C, Drazic M, Dyrba W, Fillipi J, 2012. A Europe-Wide Experiment for Assessing the Impact of Genotype-Environment Interactions on the Vitality and Performance of Honey Bee Colonies: Experimental Design and Trait Evaluation. *Journal of Apicultural Science* 56(1): 147–158. *https://doi.org/10.2478/v10289-012-0015-9*.

Friedmann G, 2017. Bienengemäß Imkern: Das Praxis-Handbuch. BLV Buchverlag GmbH & Co. KG, München. ISBN 978-3-8354-1544-7

Meixner M D, Costa C, Kryger P, Hatjina F, Bouga M, Ivanova E, Büchler R, 2010. Conserving diversity and vitality for honey bee breeding. *Journal of Apicultural Research* 49(1): 85–92. *https://doi.org/10.3896/IBRA.1.49.1.12*.

Futterrahmen (Foto: Maeschli, FiBL)

Bienenstand Weggis 400 m ü. M. (Foto: Maeschli, FiBL)



Bienenstand Rigi 1.500 m ü. M. im Winter (Foto: Garibay, FiBL)

Zusammenfassungen von Josef Schenkenfelder

Rinder

Tierschutzrelevante Zuchtprobleme beim Milchvieh – Interaktion zwischen dem Zuchtziel „Milchleistung“ und dem vermehrten Auftreten von Produktionskrankheiten

Bauer A, Martens H, Thöne-Reineke C, 2021.

Tierschutzrelevante Zuchtprobleme beim Milchvieh – Interaktion zwischen dem Zuchtziel „Milchleistung“ und dem vermehrten Auftreten von Produktionskrankheiten. Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift 134: 1–9.

https://doi.org/10.2376/1439-0299-2021-5

Einleitung

Das Hauptaugenmerk dieser systematischen Literaturrecherche lag auf der Entwicklung der Milchleistung von ***Holstein Friesian** (HF)-Kühen* während der letzten Jahrzehnte und dem Auftreten sogenannter ***Produktionskrankheiten** (Erkrankungen, die durch ein Ungleichgewicht zwischen der Aufnahme und Produktion von Nährstoffen, insbesondere in der Frühlaktation, entstehen; z. B. Fruchtbarkeitsstörungen, Eutererkrankungen, Erkrankungen der Klauen und Gliedmaßen, Stoffwechselstörungen)*. In engem Zusammenhang damit steht die Nutzungsdauer der Kühe und dafür ursächliche Abgangsgründe bzw. Abgangsraten. Schlussendlich stellt sich die Frage, ob die traditionell starke Selektion auf Milchleistung Auswirkungen auf Tierwohl und Tiergesundheit hat und welche Rolle dem Betriebsmanagement hinsichtlich Produktionskrankheiten zuteil wird.

Leistungsdaten von Holstein Friesian-Milchkühen

Die durchschnittliche Laktationsmilchleistung einer in Deutschland gehaltenen Holstein Friesian-Kuh hat sich seit den 1950er-Jahren von 2.600 kg auf aktuell 9.000 kg mehr als verdreifacht. Diese Entwicklung kann auch in anderen Europäischen Ländern und der Welt beobachtet werden. Für die Beurteilung der Wirtschaftlichkeit einer Milchkuh ist neben der Laktationsmilchleistung auch die Lebensleistung relevant, die für eine HF-Kuh zurzeit bei ca. 29.000 kg liegt. In Anbetracht der hohen Laktationsmilchleistung erscheint dieser Wert überraschend niedrig und wird durch die geringe durchschnittliche Nutzungsdauer von zwei bis drei Laktationen erklärt. Nur ein Drittel der deutschen Milchkühe erlebt das Ende der dritten Laktation und überhaupt nur 9% der Kühe schaffen sechs oder mehr Laktationen. Damit erreicht der Großteil der Hochleistungskühe nicht ihr Leistungsoptimum, welches erst ab der vierten Laktation beobachtet wird. Aus tierschutzrechtlicher und tiergesundheitlicher Sicht, aber auch nach wirtschaftlichen Gesichtspunkten, ist eine derart kurze Nutzungsdauer von HF-Kühen fragwürdig. Seit 2007 konnte die Nutzungsdauer von HF-Kühen zwar um 2,8 Monate verlängert werden, dennoch wird das vorhandene Potenzial für hohe Lebensleistungen vom Parameter Nutzungsdauer stark eingeschränkt.

Abgangsrate und Abgangsgründe

Die Abgangsrate, also das Verhältnis abgegangener zur Gesamtzahl an Tieren, liegt in Deutschland bei Kühen aus der ***Milchleistungsprüfung** (MLP)* bei 36,2% (diese erfasst Tiere zur Schlachtung und nicht den Weiterverkauf von Rindern), wobei Fruchtbarkeitsstörungen 20,5%, Eutererkrankungen/schlechte Eutergesundheit/Mastitis 12,8%, Klauen- und Gliedmaßenerkrankungen 11,5%, sonstige Erkrankungen 6,3% und Stoffwechselstörungen 3,7% die fünf häufigsten Abgangsursachen darstellen. In absoluten Zahlen bedeutet das einen Abgang von etwa 700.000 MLP-Kühen, die ursächlich den Produktionskrankheiten zugerechnet werden können. HF-Kühe zeigen ein erhöhtes Erkrankungsrisiko für Produktionskrankheiten und sind vor allem in den ersten beiden Laktationen und jeweils zu Beginn der Laktationsphase davon betroffen. Das wiederum kann als Ursache für vorzeitige (unfreiwillige) Merzungen angesehen werden. Als Zeichen dafür, den metabolischen Ansprüchen nicht gerecht werden zu können, steigen seit den 1970er-Jahren die Milchleistung und Produktionskrankheiten bedingte Abgangsraten parallel an. Diesem Trend kann die Verbesserung bzw. Weiterentwicklung von Technik, Management und Zuchtmethoden scheinbar nicht effektiv entgegenwirken.

Tiergesundheit und hohe Milchleistungen

Die genannten Zahlen verdeutlichen, dass es in deutschen Milchviehbetrieben Defizite bei der Rindergesundheit gibt. Neben den erwähnten Produktionskrankheiten ist vor allem der Anteil an bei Laktationsbeginn unterkonditionierten Tieren besorgniserregend (je nach Region zwischen ein Fünftel bis über ein Drittel der Tiere pro Betrieb). Die hohe Milchleistung in dieser Phase ist gekoppelt mit einer genetisch bedingten forcierten ***negativen Energiebilanz** (NEB)*, was dazu führt, dass Kühe Körpersubstanz abbauen. Magere Tiere wiederum zeigen ein erhöhtes Risiko für Folgeerkrankungen und Lahmheiten (z. B. im Mittel 26,4% lahme Tiere je Herde, 40% Eutererkrankungen). Mögliche Ursachen für diese Gesundheitsrisiken werden kontrovers diskutiert, es besteht aber kein Zweifel an einer genetischen Assoziation zwischen dem Auftreten verschiedener (peripartaler) Produktionskrankheiten, der Lebensdauer sowie NEB und der Milchleistung einer Kuh *(Tabelle 1)*.

Neben der genetischen Korrelation sind also weitere Faktoren für das Auftreten von Produktionskrankheiten von Bedeutung, die unter dem Begriff Management zusammengefasst werden. Es lässt sich daraus erkennen, dass das Management nur zur Stellschraube für das Ausmaß der Erkrankungen wird, deren Entstehung aber auf Grund der genetisch bedingten Krankheitsrisiken nicht gänzlich verhindert werden kann.

Tabelle 1: Genetische Korrelation zwischen Milchleistung und (peripartalen) Erkrankungen, Lebensdauer und negativer Energiebilanz

Indikator	Genetische Korrelation r mit Milchleistung
Ketose	r = 0,65 bei Norwegian Red r = 0,77 bei Canadian Holstein Friesian
Mastitis	r = 0,51 bei Norwegian Red r = 0,37 bei Canadian Holstein Friesian
Frühe Embryoverluste	r = 0,52 bei Swedish Red und Swedish Holstein
Späte Embryoverluste	r = 0,39 bei Swedish Red und Swedish Holstein
Lahmheit	r = 0,23 bei Canadian Holstein Friesian
Lebensdauer	r = –0,34 bei British Holstein Friesian
Negative Energiebilanz	r = –0,26/–0,56 bei Deutsch Holstein Friesian

Milchviehzucht und Entwicklung des Zuchtziels Milchleistung in Deutschland

Das deutsche Tierschutzgesetzt gibt vor, die Gesundheit und Robustheit von Nutztieren nicht nur zu erhalten, sondern gleichzeitig mit Leistungsfähigkeit, Wirtschaftlichkeit und insbesondere der Wettbewerbsfähigkeit der tierischen Erzeugung zu verbessern. Um dies zu erreichen, werden von Zuchtverbänden Zuchtziele definiert, welches vom Bundesverband Rind und Schwein für das Holstein-Rind als eine wirtschaftliche Leistungskuh mit hoher Milchleistung, einer Lebensleistung von über 40.000 kg Milch sowie gesundem Fundament und Euter formuliert ist. Zur Erreichung des Zuchtziels wiederum dient die Zuchtwertschätzung, wobei einzelne Merkmale von Zuchttieren in unterschiedlicher Gewichtung zu einem ***Gesamtzuchtwert** (RZG)* zusammengefasst werden. Erst 1997 wurde der RZG eingeführt und damit schrittweise funktionale Merkmale (gesundheits- und fruchtbarkeitssteigernde Merkmale, Kalbefähigkeit, Futterverwertung) in die Leistungszucht mit aufgenommen (bis dahin wurde zu 100% auf Milchleistung gezüchtet). Im aktuellen Zuchtziel für HF-Kühe (seit April 2021) ist die Milchleistung mit 36% anteilsmäßig immer noch das am stärksten gewichtete Merkmal (neben 18% Gesundheit, 18% Nutzungsdauer, 15% Exterieur, 7% Fruchtbarkeit, 3% Kälberfitness und 3% Kalbeverlauf), obwohl die Verfolgung produktionsfördernder Zuchtziele die gesundheitlichen Probleme der Hochleistungskühe verschärft hat. Dennoch belegt die Anpassung der Gewichtung funktionaler und produktiver Merkmale das Bewusstsein der Zuchtbranche für die Notwendigkeit einer Änderung der Zuchtstrategie. Die Verbesserung der Tiergesundheit und des Tierwohls wird also entscheidend von der Milchviehzucht mitbestimmt, wobei Veränderungen eine längere Zeitspanne benötigen, um sich in der Kuhpopulation durchzusetzen. Vor 2021 wurde das Zuchtziel für HF-Kühe zuletzt 2008 angepasst (damals 45% Milchleistung) und es muss festgehalten werden, dass es seither zu keinen nennenswerten Verbesserungen der Tiergesundheit, wie etwa einer deutlichen Erhöhung der Nutzungsdauer oder einer Reduktion der Produktionskrankheiten, gekommen ist.

Auswirkung der Produktionskrankheiten auf den Tierschutz und das Tierwohl

Je nach Ausprägung und Umfang der beschriebenen (Produktions-)Krankheiten können diese zu vermeidbaren Schmerzen, Schäden oder Leiden einer Milchkuh führen, was im Kontext des ***„Überforderungsparagrafen“** (§3 Nr. 1 TierSchG)* und ***„Qualzuchtparagrafen“** (§11b TierSchG)* kritisch betrachtet werden muss. Es ist verboten, einem Tier, außer in Notfällen, Leistungen abzuverlangen, denen es nicht gewachsen ist oder die offensichtlich seine Kräfte übersteigen bzw. Wirbeltiere zu züchten, deren Nachkommen nur unter Schmerzen oder vermeidbaren Leiden gehalten werden können. Nun ist die Anwendung und Auslegung des Tierschutzgesetzes eine Ermessensfrage und Tierärztinnen und Tierärzte können eventuelle Missstände auf der Grundlage des TierSchG beheben. Sie haben aber in Deutschland keine Zuständigkeit im Rahmen des Tierzuchtgesetzes, wodurch eine Verknüpfung von Tierschutz und Tierzucht nicht erleichtert wird.

Diskussion und Handlungsbedarf

Hohe Erkrankungsinzidenzen, hohe Abgangsraten und damit eine kurze Nutzungsdauer von Kühen stellen systematische Probleme in der Milchwirtschaft dar. Wie die Selektion auf eine hohe Milchleistung mit der multifaktoriellen Entstehung von Produktionskrankheiten verknüpft ist, wird kontrovers diskutiert. Gute Fütterung und Haltung sowie aufmerksames Management sind zweifellos Grundvoraussetzung für hohe Leistungen und gesunde Tiere. Betriebe die diese scheinbare Diskrepanz erfolgreich bewältigen dürfen aber nicht zur Rechtfertigung der genetischen Risiken herangezogen werden. Es kann nicht die primäre Aufgabe der Bäuerinnen und Bauern sein, genetisch bedingte Krankheitsrisiken zu kompensieren und es ist evident, dass das Management alleine nicht fähig ist, die Probleme in Milchviehbeständen zu eliminieren. Der genetische Hintergrund der Entstehung von Produktionskrankheiten verdeutlicht, dass durch die Setzung der Zuchtziele ein bedeutender Beitrag zur Verbesserung der Tiergesundheit geleistet werden kann. Dass der Relativzuchtwert Gesund mit 18% im Jahr 2021 neu in den Gesamtzuchtwert mit aufgenommen wurde bestätigt indirekt die genetisch bedingten Gesundheitsrisiken bei Milchkühen.

Genomeditierung von Holstein Friesian-Kühen zur Aufhellung der Fellfarbe als potenzielle Anpassung an den Klimawandel

Laible G, Cole S-A, Brophy B, Wei J, Leath S, Jivanji S, Littlejohn M D, Wells D N, 2021.

Holstein Friesian dairy cattle edited for diluted coat color as a potential adaptation to climate change. BMC Genomics 22(1): 856.

https://doi.org/10.1186/s12864-021-08175-z

Abbildung 1: Wildtyp-Kontrollkalb mit der üblichen schwarz-weißen Fellfarbe (Foto: Laible, AgResearch, NZ)

Einleitung

Die Prognose von häufiger auftretenden und länger andauernden Hitzeperioden auf Grund der globalen Klimaveränderung stellt die Weidehaltung von Kühen vor eine Herausforderung. In Neuseeland sind weidende Kühe bis zu 20% der Laktationsdauer mit Hitzestress konfrontiert, wobei hier insbesondere Tiere mit schwarzem Fell betroffen sind, da schwarze Haare etwa doppelt so viel Sonnenstrahlung absorbieren wie weiße. Die Aufhellung der Fellfarbe könnte also dazu beitragen, das Risiko von Hitzestress zu verringern. Für von Hitzestress betroffene Kühe ist es schwierig die Körpertemperatur zu regulieren was allgemein eine Beeinträchtigung des Tierwohls darstellt und in weiterer Folge zu einer verringerten Reproduktions- und Milchleistung führen kann. Die Deletion eines Leucin-Codons in der für das Signalpeptid kodierenden Region des ***PMEL***-Gens *(p.Leu18del)* wurde als ursächliche Mutation für Veränderungen in der Fellfarbe in verschiedenen Spezies identifiziert. Für p.Leu18del heterozygote Tiere zeigen gegenüber dem ***Wildtyp*** *(wt)* eine leichte Aufhellung der Fellfarbe, für homozygote Tiere ist der Effekt sogar noch stärker. Damit erscheint diese Mutation als interessante Kandidatin für die Introgression in ***Holstein Friesian*** *(HF)*-Kühe zur Verbesserung der Hitzetoleranz. Grundsätzlich wäre eine derartige Einkreuzung mittels klassischer Zuchtmethoden möglich, damit könnte aber keine funktionelle Validierung der p.Leu18del Variante durchgeführt werden und zudem wäre ein wesentlich längerer Zeithorizont inklusive Rückkreuzungen in Kauf zu nehmen. Mittels Genomeditierung kann der kausale Zusammenhang zwischen einer Mutation und deren Auswirkung auf den Phänotyp innerhalb nur einer Generation überprüft werden.

In dieser Studie wurde mittels gRNA/Cas9 die in Galloway- und Highland-Rindern natürlich vorkommenden ***PMEL***-Gen-Mutation p.Leu18del in HF Rinder eingeschleust. Für die ***PMEL***-Mutation homozygote Kälber zeigten eine deutliche Aufhellung zu einem silbrigen Grau im Vergleich zu den ansonsten schwarzen Fellmarkierungen bei den Kontrollkälbern. In den weißen Fellregionen konnte keine Änderung der Helligkeit beobachtet werden. Dieser neuartige Phänotyp mit grauer und weißer Fellfarbe bestätigt die ursächliche Rolle der ***PMEL***-Mutation. Außerdem konnte die Introgression natürlich vorkommender Sequenzvarianten durch Genomeditierung als neuer Ansatz, Nutztiere schnell zu verbessern und an sich ändernde Umweltbedingungen anzupassen, belegt werden.

Ergebnisse

Durch die Anwendung der gRNA/Cas9-Technologie zur Introgression der p.Leu18del ***PMEL***-Mutation in HF-Kühen konnten aus 128 transfizierten mitotischen Zellen schlussendlich sieben Zellklone mit der gewünschten Mutation hergestellt werden (3 monoallelische Klone mit einem Homology-Directed Repair (HDR)-Allel und einem wt-Allel und 4 biallelische Klone mit je 2 HDR-Allelen). Um den phänotypischen Effekt der ***PMEL***-Mutation zu beurteilen, wurden Kälber durch ***Somatic Cell Nuclear Transfer*** *(SCNT)* erzeugt, wozu einerseits der biallelische Zellklon und andererseits die wt-Zelllinie als Spenderzellen dienten. Aus 22 biallelischen und 14 wt-SCNT Embryos konnten am 37. Gestationstag sieben Trächtigkeiten festgestellt werden. Je Genotyp ist eine Trächtigkeit fehlgeschlagen, was zur Geburt von zwei Kälbern mit ***PMEL***-Mutation und drei Kontrollkälbern führte. Eines der ***PMEL***-Kälber wurde postpartum euthanasiert *(Hydrops fetalis)*, das zweite wurde gesund geboren, verstarb aber nach vier Wochen an einer nicht entdeckten Nabelentzündung. Die drei Kontrollkälber wurden gesund geboren und entwickelten sich normal.

Eine Genotypisierung der Kälber bestätigte identische Allele der ***PMEL***-Mutanten mit der Deletion der drei Basenpaare die für Leucin codieren sowie den wt-Genotyp der Kontrollkälber. Auf Grund einer bekannten Interaktion zwischen der ***PMEL***-Mutation und dem ***Melanocortin 1 Rezeptor Gen*** *(MC1R)* wurde ***MC1R*** genotypisiert und der Status homozygot für die Allele E^D der genomeditierten Kälber bestätigt (Tiere mit dem dominanten Allel E^D können nur das schwarze Pigment Eumelanin bilden). Die genomeditierten Kälber waren weiter frei von einer unerwünschten Vektorintegration (gRNA/Cas9 Editor wurde als Plasmid eingeschleust) sowie von eventuellen Off-Target-Mutationen (Überprüfung der drei mit CRISPOR identifizierten wahrscheinlichsten Off-Target Regionen).

Abbildung 2: Für die PMEL-Mutation homozygotes Kalb mit aufgehellter grau-weißer Musterung (Foto: Laible, AgResearch, NZ)

Im Vergleich zu den wt-Kontrollkälbern mit der üblichen schwarz-weißen Fellfarbe *(Abbildung 1)* zeigten beide homozygote Kälber mit der ***PMEL***-Mutation *(Abbildung 2)* eine aufgehellte grau-weiße Musterung.

Um den Aufhellungseffekt zu quantifizieren wurden kolorimetrische Messungen der Fellfarbe sowie der darunterliegenden Hautregionen vom lebensfähigen ***PMEL***-Kalb und den Kontrollkälbern gemacht (Helligkeit L* von 0–100 entsprechend dem Lab-Farbraum). Während sich die Helligkeit der weißen Haare nicht zwischen dem Kalb mit der ***PMEL***-Mutation (L* = 81,6) und den drei Kontrollkälbern (L* = 80,8, 83,5 und 81,3) unterschied, war bei den schwarzen bzw. grauen Haaren eine deutliche Differenz zu erkennen (***PMEL***-Kalb: L* = 53,8, wt-Kontrollkälber: L* = 16,8, 20,5 und 16,5, $P<0.0001$). Für die Pigmentierung in der darunterliegenden Haut konnte ein ähnliches Bild gezeigt werden (weiße Region ***PMEL***-Kalb: L* = 72,4, wt-Kontrollkälber: L* = 71,7, 73,0 und 71,3, dunkle Region ***PMEL***-Kalb: L* = 45,1, wt-Kontrollkälber: L* = 23,8, 33,5 und 28,3, $P < 0.0001$).

Diskussion

Die in dieser Studie angewendete Technik gRNA/Cas9 erlaubte die beabsichtigte Herstellung und Isolation von insgesamt sieben Zellklonen mit einem präzise editierten Genotyp (nämlich der Deletion von drei Basenpaaren im ***PMEL***-Gen *(p.Leu18del)*, codierend für Leucin im Signalpeptid), der natürlicherweise in Galloway- und Highland-Rindern auftritt. Der Aufhellungseffekt bei den HF-Rindern in dieser Studie war nicht so stark ausgeprägt wie das von Highland-Rindern bekannt ist, bei denen die homozygote Variante der Mutation zu einer ***annähernd weißen Färbung*** *(genannt silver-dun)* des Fells führt. Bei Highland-Rindern wirkt die p.Leu18del-Mutation in einem semidominanten Muster, was durch die Bestimmung des Phänotyps bei für p.Leu18del heterozygote HF-Rindern noch belegt werden muss. Neben dem Aufhellungseffekt konnte auch eine deutliche Ausweitung der weißen Fellregionen sowie ein charakteristisch weißes Gesicht bei den ***PMEL***-Kälbern beobachtet werden, wobei die Kontrollkälber ein überwiegend schwarzes Fell mit dem für HF typisch schwarzen Gesicht mit weißem Diamant auf der Stirn aufwiesen. Jüngst veröffentlichte Studien konnten ***drei Gene*** *(KIT, MITF und PAX3)* mit der Ausprägung weißer Fellregionen bei Rindern in Verbindung bringen und nähere Untersuchungen bestätigten, dass bei den Versuchstieren entsprechende Allele für eine Vergrößerung des weißen Fellanteils vorhanden waren. Die Introgression der entsprechenden Genvarianten stellt also eine zusätzliche Strategie zur Verringerung der Pigmentierung bei Rindern dar. Es ist weiter erwähnenswert, dass alle vier Gene (***PMEL***, ***KIT***, ***MITF*** und ***PAX3***) entweder direkt oder indirekt über gemeinsame Wege interagieren und so die Migration, Differenzierung, Proliferation und/oder das Überleben der Melanoblasten steuern. Epistatische Wechselwirkungen werden daher erwartet und könnten helfen, die Signalbeziehungen zwischen diesen Molekülen und der zugrundeliegenden Melanozytenbiologie besser zu verstehen.

Eines der ***PMEL***-Kälber musste postpartum euthanasiert werden *(Hydrops fetalis)* und das zweite lebend geborene verstarb nach vier Wochen an einer unentdeckten Nabelinfektion. Diese beiden Krankheitsbilder stellen bekannte Komplikationen im Zusammenhang mit der Herstellung klonierter Rinder dar und es wird vermutet, dass eine inkorrekte epigenetische Reprogrammierung des Spendergenoms für diese Entwicklungsprobleme verantwortlich ist. Damit wird die Produktion von lebenden Rindern durch Klonierung zu einem ineffizienten Prozess, wovon wiederholt in der wissenschaftlichen Literatur berichtet wurde. Wenn lebende Kälber in einem Experiment geboren werden, dann in aller Regel nicht mehr als eines oder zwei. Eine mögliche Gegenstrategie wäre der Transfer einer größeren Anzahl klonierter Embryos, dem stehen aber hohe Kosten sowie Argumente des Tierwohls (Reduktion der Anzahl an Tieren für die Forschung) entgegen. Allerdings muss die Hürde einer geringen Effizienz nur einmal überschritten werden und das Genom editierter Tiere kann in weiterer Folge durch konventionelle Zuchtmethoden (künstliche Befruchtung) rasch in der Population verbreitet werden.

Da das Gen-Editor Konstrukt als Plasmid eingeschleust wurde bestand die Möglichkeit einer sogenannten Vektorintegration. Daneben besteht in Klonierungsexperimenten ganz allgemein ein Risiko für Off-Target Mutationen. In der Studie durchgeführte Analysen konnten jedoch bestätigen, dass keines der genannten Probleme aufgetreten ist und beide ***PMEL***-Kälber präzise die beabsichtigte Deletion von drei Basenpaaren aufwiesen.

PMEL ist ein Membranprotein, das in pigmentierten Zellen exprimiert wird und an der Reifung von Melanosomen, Pigmentablagerung und Pigmentpolymerisation in diesen Organellen beteiligt ist. Über die exakte Funktion von *PMEL* ist allerdings wenig bekannt. Mutationen an unterschiedlichen Stellen dieses Proteins werden aber in Zusammenhang mit einer abgeschwächten schwarzen Pigmentierung in verschiedenen Spezies gesehen. Bei Rindern ist die ***Mutation in der Region des Signalpeptids*** *(N-terminal)* zu finden, bei anderen Spezies (Maus, Huhn, Hund, Pferd) hingegen treten die ***Mutationen am C-terminalen Ende des Proteins*** *(Transmembrandomäne, cytoplasmatische Domäne)* auf. Durch die Mutation ändert sich die Schnittstelle des Signalpeptids, wodurch das N-terminale Ende des mutierten Proteins im Vergleich zur wt-Variante um wenige Aminosäuren verlängert wird, was wiederum auf einen partiellen Verlust der Proteinfunktion schließen lässt.

Mit dieser Studie konnte erstmals der kausale Zusammenhang einer Mutation mit der phänotypischen Ausprägung der Fellfarbe bei Rindern funktionell bestätigt werden. Auf Grund der komplexen genetischen Zusammenhänge und potenziell unbekannter Funktionen bzw. epistatischer Interaktionen kann die eingeführte Mutation jedoch zu Auswirkungen abseits der Veränderung der Fellfarbe führen. Die geringfügige Veränderung durch die Deletion von lediglich 3 Basenpaaren kann aber als ein wertvolles Modell dafür dienen, nicht nur den Einfluss auf die Hitzetoleranz zu prüfen, sondern weitreichende Auswirkungen auf z. B. Reproduktionsleistung, Milchleistung, Widerstandsfähigkeit gegen durch Sonnenlicht verursachte Krankheiten, sowie ganz allgemein Gesundheit und Wohlbefinden zu untersuchen. In einem globalen Kontext würde in Anbetracht der Vielzahl von Milchkühen mit geringer Milchleistung bereits eine moderate Produktivitätssteigerung durch die Verwendung von an wärmere Bedingungen angepassten Rindern mit hoher Leistung zu erheblich reduzierten Umweltwirkungen führen. Die Aufhellung der Fellfarbe stellt jedoch nur einen Aspekt in der Steigerung der Thermotoleranz dar und der Einbau weiterer Sequenzvarianten in diesem Zusammenhang wird notwendig sein, um die Anpassungsfähigkeit von Rindern zu steigern. Daneben kann die in dieser Studie an Milchrindern demonstrierte Genomeditierung auch bei Fleischrindern angewendet werden (z. B. Angus). Aus Sicht der Autor:innen bestätigt die Studie, abgesehen von dem unglücklichen Verlust der *PMEL*-Kälber, Genomeditierung als eine Methode zur raschen Anpassung von Nutztieren an sich ändernde Umweltbedingungen.

Schweine

Ein Review zum genetischen Hintergrund der Thermoregulation beim Schwein

Gourdine J L, Rauw W M, Gilbert H, Poullet N, 2021.

The Genetics of Thermoregulation in Pigs: A Review. Frontiers in Veterinary Science 8: 770480

https://doi.org/10.3389/fvets.2021.770480

Einleitung

Züchterische Fortschritte beim Schwein hinsichtlich der Reproduktionsleistung aber auch der Magerfleischwachstumsrate gingen mit einer gesteigerten metabolischen Wärmeentwicklung und einer damit eingeschränkten Adaptationsfähigkeit bezogen auf ***Hitzestress*** *(HS)* einher. In Anbetracht des Klimawandels und der damit verbundenen Veränderung in Häufigkeit und Intensität von Temperaturspitzen wird dieser Entwicklung weiter Brisanz zuteil. ***Technologische*** *(z. B. Kühlung)* oder ***Managementstrategien*** *(z. B. Futterzusammensetzung)* zur Minderung des negativen Einflusses auf Nutztiere haben potenziell hohe ökonomische aber auch ökologische Folgen. Aus diesem Grund scheint die Selektion auf HS-tolerante Genotypen als eine vielversprechende und langfristige Adaptationsmöglichkeit an die sich ändernden Produktionsbedingungen. Auch hinsichtlich einer agrarökologischen Betrachtungsweise erscheint es sinnvoll, bevorzugt Tiere mit einer guten (Re)Produktionsleistung unter weniger kontrollierten Haltungsbedingungen zu züchten, anstelle Tiere völlig von wechselnden Umweltbedingungen zu isolieren.

Das Phänom[1] der Thermoregulation beim Schwein

Schweine können als homoiotherme Tiere ihre Körpertemperatur unabhängig von der Außentemperatur in einem engen Bereich konstant halten. Thermoregulation ist dabei der physiologische Prozess, durch den Entstehung und Abgabe von Wärme im Gleichgewicht gehalten wird. Die Wärmeabgabe erfolgt entweder durch ***Konduktion, Konvektion*** oder ***Radiation*** *(„sensible Wärmeabgabe")* bzw. ***Evaporation*** *(„latente Wärmeabgabe")*. Bei hohen Umgebungstemperaturen, oberhalb einer sogenannten thermoneutralen Zone (zw. unterer und oberer kritischer Temperatur), verliert die sensible Wärmeabgabe ihre Wirkung und Schweine sind auf die latente Wärmeabgabe durch eine Erhöhung der ***Respirationsrate*** *(Hecheln)* angewiesen. Tatsächlich spielt hier auch die Luftfeuchtigkeit eine bedeutende Rolle, was über den ***Temperatur-Luftfeuchtigkeit-Index*** *(THI)* berücksichtigt wird. Wird die Wärmelast durch Umwelt und Stoffwechsel so hoch, dass keine entsprechende Wärmeenge zur Aufrechterhaltung des Temperaturgleichgewichts an die Umgebung abgeben werden kann, kommt es zu HS. Kritische Temperaturen bzw. die Belastung für das Tier sind individuell unterschiedlich, grundsätzlich aber von z. B. ***Rasse, Gewicht, Fütterung, metabolischer Aktivität*** *(Laktation, Wachstum)* oder dem ***Oberfläche-Gewicht-Verhältnis*** beeinflusst. Daneben wird zwischen ***kurz-*** *(Akklimatisation)* bzw. ***langfristigen Reaktionen*** *(Adaptation)* ***auf HS*** unterschieden und ***HS in Dauer*** *(kurz bis chronisch)* ***und Intensität*** *(moderat bis extrem)* unterschieden.

Thermoregulation ist ein komplexer Prozess der sowohl die einzelne Zelle als auch den Gesamtorganismus involviert. Aus diesem Grund gibt es eine Vielzahl an physiologischen und biochemischen Merkmalen, die als direkte oder indirekte Indikatoren zur Beschreibung des Phänoms der Thermoregulation genutzt werden können *(Tabelle 1)*. Der Ausgangspunkt einer genetischen Selektion auf verbesserte Hitzetoleranz ist die Definition vererbbarer Phänotypen im Zusammenhang mit Anfälligkeit auf bzw. Toleranz gegenüber HS, um damit relevante genetische Marker bzw. Gene für eine genauere genomische Zuchtwertschätzung zu identifizieren. Bislang wurde in Zuchtprogrammen als indirektes Merkmal für Hitzetoleranz die Beibehaltung der Produktionsleistung unter HS herangezogen, wobei es wünschenswert wäre Selektionsmerkmale zu haben, die direkt mit der Thermoregulation in Verbindung stehen. Eine ***präzise Definition wünschenswerter Phänotypen ist*** schwierig, diese sollten aber ganz allgemein ***i) biologisch relevant***, ***ii) einfach*** und kostengünstig routinemäßig zu erheben und ***iii) möglichst nicht-invasiv*** messbar sein.

Die hormonalen, zellulären und molekularen Reaktionen auf HS sind komplex und nach wie vor nicht gänzlich geklärt. Außerdem gibt es nur wenige Daten zur Heritabilität der angeführten Biomarker bzw. deren Korrelation mit anderen HS-Phänotypen bzw. Leistungsmerkmalen, was deren Einbindung in eine genomische Selektion nur bedingt möglich macht. Die Variation bei ökonomisch wichtigen Merkmalen – Reproduktions- und Leistungsmerkmale – hinsichtlich HS sind Indikatoren für die Resilienz der Tiere und könnten als solche interessant sein, um die biologische Reaktion der Tiere auf HS zu berücksichtigen.

[1] Die physische Gesamtheit aller Eigenschaften bzw. Teilsysteme (einschließlich deren Funktionen) einer Zelle oder eines vielzelligen Organismus.

Tabelle 1: Selektionsmerkmale im Zusammenhang mit Thermoregulation beim Schwein

Selektionsmerkmal	Indikator für	Invasivität der Messung
Funktionale Merkmale		
Rektaltemperatur	Körper Kerntemperatur	Moderat
Respirationsrate	Latente Wärmeabgabe	Keine
Hauttemperatur	Sensible Wärmeabgabe	Keine
Kortisolspiegel (Speichel)	Stress	Moderat
Kortisolspiegel (Blut)	Stress	Hoch
Schilddrüsenhormone T3/T4	Thermoregulation (verringerte metabolische Aktivität)	Moderat
Nicht veresterte freie Fettsäuren (NEFA)	Thermoregulation (verringerte metabolische Aktivität)	Moderat
Hitze-Schock-Protein HSP70/90 mRNA Expression	Hitzestress	Moderat bis beträchtlich
Leistungsmerkmale		
Wachstumsrate	Thermoregulation	Keine
Futteraufnahme	Thermoregulation	Keine
Futterverwertung	Thermoregulation	Keine
Körperliches Verhalten	Sensible Wärmeabgabe	Keine
Futteraufnahmeverhalten	Körper Kerntemperatur	Keine
Trinkverhalten	Wärmeabgabe	Keine

Variabilität und Heritabilität von Merkmalen bezüglich Thermoregulation beim Schwein

Eine gewisse genetische Variabilität hinsichtlich Hitzetoleranz unterschiedlicher Schweinerassen ist bekannt. Besonders in tropischen und subtropischen Region konnten sich Rassen mit einer gesteigerten Hitzetoleranz gegenüber kommerziellen Linien etablieren, was teilweise durch ein geringeres Leistungspotenzial (und damit einer verringerten metabolischen Wärmeentwicklung) aber auch durch eine verbesserte Wärmeabgabe erklärt werden kann. Beispielsweise konnte für laktierende Kreolische Sauen im Vergleich zu Large White eine niedrigere Rektal- und Hauttemperatur, sowie Respirationsrate unter Einfluss von HS festgestellt werden. Zusätzlich zeigten Kreolische Sauen eine höhere Variabilität für diese drei Merkmale. Ein ähnliches Bild konnte auch für den Vergleich der beiden Rassen bei Masttieren gezeigt werden, was die Existenz von Rassen mit höheren kritischen Temperaturen belegt. Insbesondere interessant wäre eine Charakterisierung der Reaktion ***neuroendokriner*** *(Kortisol)*, ***metabolischer*** *(Schilddrüsenhormone, NEFA)*, sowie ***zellulärer*** und ***molekularer*** *(HSP)* Biomarker auf HS bei hitzetoleranten Rassen, um deren Relevanz für die Selektion zu beurteilen. Grundsätzlich könnten tropische Schweinerassen mittels Kreuzungszucht zur Verbesserung der Hitzetoleranz kommerzieller Rassen herangezogen werden,

allerdings gibt es ökonomische Argumente (Leistung, Fettanteil, Homogenität der Tiere) die eine praktische Umsetzung erschweren.

Im Gegensatz zu Leistungsmerkmalen ist die Heritabilität von Merkmalen hinsichtlich der Thermoregulation nur sehr spärlich in der Literatur beschrieben. Nur wenige Studien haben die Vererbbarkeit des Merkmals Rektaltemperatur bei Ferkeln, Mastschweinen und Sauen untersucht, mit dem Ergebnis einer niedrigen bis moderaten Heritabilität. Hinsichtlich der angeführten Biomarker wurde für Kortisol eine hohe Vererbbarkeit festgestellt, allerdings gibt es keine Studien zur genetischen Korrelation zwischen Biomarkern und Leistungsmerkmalen. Nichtsdestotrotz konnte gezeigt werden, dass hohe Kortisolspiegel positiv mit Robustheit und Adaptationsfähigkeit aber negativ mit Leistungsmerkmalen korrelieren. Diese Ergebnisse bedürfen zwar weiterer genetischer Validierung, sind aber ein vielversprechender Ansatz für die Selektion auf niedrige Kortisolspiegel und einer damit gesteigerten Hitzetoleranz bei gleichbleibender Leistung.

Wie bei anderen komplexen Merkmalen sind wahrscheinlich eine Vielzahl von Genen am Prozess der Thermoregulation beteiligt, weswegen genetische Korrelationen mit anderen ökonomisch wichtigen Merkmalen untersucht werden müssen, um etwaige positive und negative Wechselwirkungen zu erfassen und diese in einem Selektionsindex berücksichtigen zu können. ***Quantitative Trait Loci*** *(QTL)* im Zusammenhang mit Thermoregulation bei HS wurden beim Schwein nur in zwei Studien für Jungsauen und Mastschweine publiziert, mit einem sehr kleinen Effekt hinsichtlich der Variabilität von Merkmalen zur Thermoregulation. Es wäre daher wünschenswert eine wesentlich größere Anzahl von Tieren zu genotypisieren und phänotypisch zu beurteilen, um das aktuell begrenzte Wissen hinsichtlich genomischer Variabilität von Merkmalen zur Thermoregulation zu erweitern.

Herausforderungen für die Zukunft

Die Analyse von phänotypischen und genomischen Daten mit hohem Durchsatz zur züchterischen Verbesserung von Hitzetoleranz erfordert die Entwicklung neuer Methoden und Technologien, die in der Lage sind, vielfältige, heterogene und umfangreiche Daten zu integrieren. Die Implementierung von direkt mit Thermoregulation im Zusammenhang stehenden Merkmalen in konventionellen Zuchtprogrammen ist konfrontiert mit *i) der Schwierigkeit direkte und messbare Merkmale zu Hitzetoleranz zu definieren*, *ii) diese Merkmale routinemäßig und technisch einfach unter HS-Bedingungen zu erfassen* und *iii) einer fehlenden Quantifizierung ökonomischer Merkmale im Zusammenhang mit Hitzestress*. Daneben ist ein biologischer Antagonismus zwischen Produktionsmerkmalen und Hitzetoleranz zu erwarten, wodurch sich ein verringerter genetischer Zuchtfortschritt in den aktuell definierten Zuchtzielen einstellen wird. Um einen etwaigen genetischen Fortschritt aus der Zucht an produzierende Betriebe zu bringen sollten im Zusammenhang mit HS insbesondere Genotyp × Umwelt-Interaktionen als potenzielle Störfaktoren berücksichtigt werden. Zweifellos werden Innovationen und neue Technologien (Cis-, Transgenese, Genomeditierung) für künftige Versuche zur Verbesserung der Hitzetoleranz beim Schwein Anwendung finden, diese dürfen aber nicht losgelöst von systematischen, globalen Fragen (Verfügbarkeit von Futter, Auftauchen neuer Krankheiten) eingesetzt werden.

Entwicklung eines optimierten Zuchtziels für österreichische Mutterlinien beim Schwein in einem partizipativen Prozess

Pfeiffer C, Schodl K, Fürst-Waltl B, Willam A, Leeb C, Winckler C, 2018.

Developing an optimized breeding goal for Austrian maternal pig breeds using a participatory approach. Journal of Central European Agriculture 19(4): 858–864.

https://doi.org/10.5513/JCEA01/19.4.2342

Einleitung

Gegenwärtig basiert die Nutztierzucht ausschließlich auf der Selektionsindextheorie und den daraus abgeleiteten ökonomischen Gewichtungen der erfassten Merkmale. Die Absicht Zuchtmerkmale zur Steigerung von Tiergesundheit und Tierwohl in den Gesamtzuchtwert miteinzubeziehen erweitert das aktuell verfolgte Paradigma der ökonomischen Optimierung um eine Dimension, indem diese poten-ziell antagonistischen Ziele gegeneinander abgewogen werden müssen.

Saugferkel (Foto: Kottik, BOKU)

Tabelle 1: Erwünschte Zuchtmerkmale von Sauen und Ferkeln gereiht nach Anzahl an Nennungen in einem Workshop mit Züchter:innen und Zuchtverbänden (Mehrfachnennungen möglich, n = 56 Teilnehmer:innen)

Erwünschte Zuchtmerkmale	Anzahl Nennungen
Merkmale Sauen	
Ruhiges Verhalten	22
Milchleistung	19
Konformation	13
Euterqualität	11
Appetit	9
Abferkelverhalten	7
Wurfgröße	7
Wurfhomogenität	6
Robustheit	5
Brunstverhalten	2
Abliegeverhalten	2
Merkmale Ferkel	
Saugverhalten	13
Hohes Geburtsgewicht	11
Hohe Wachstumsrate	10
Robustheit	9
Agil und aktiv	3

Zuchtziele beim Schwein fokussierten über die letzten Jahrzehnte auf Fruchtbarkeit, was sich im Gesamtzuchtwert für österreichische Mutterlinien widerspiegelt (Gewichtung: lebend geborene und abgesetzte Ferkel 45%, Fleischqualität und Futterverwertung 40%, Langlebigkeit 15%). Aktuell kann ein kleiner genetischer Zuchtfortschritt für das Merkmal lebend geborene und abgesetzte Ferkel beobachtet werden. Mit einer steigenden Wurfgröße kommt es aber neben ökonomischen und Management-Herausforderungen auch zu Problemen im Tierwohl.

In Österreich dürfen ab dem 1.1.2033 Sauen nur noch einen Tag vor dem errechneten Geburtstermin bis fünf Tage nach der Geburt in Abferkelbuchten fixiert werden. Diese gesetzliche Änderung aber auch der gesellschaftliche Wandel veranlassten österreichische Schweinezuchtverbände dazu, Merkmale zur Verbesserung von Mütterlichkeit sowie Tiergesundheit und Tierwohl in das Zuchtziel für Mutterlinien aufzunehmen. In einem partizipativen Prozess wurde unter Beteiligung von Züchter:innen, Zuchtorganisationen und der Universität für Bodenkultur das aktuelle Zuchtziel überarbeitet mit der Annahme, dass die Einbindung der Züchter:innen ihre Motivation zur Aufzeichnung Tierwohl-relevanter Merkmale erhöht.

Material und Methoden

In einem ersten Schritt wurden Zuchtziele mit dem Fokus auf Wurfqualität und Mütterlichkeit gemeinsam von Zuchtverbänden und Wissenschaftler:innen diskutiert und ein Konzept für die Überarbeitung der Zuchtwertschätzung erstellt. Zusätzlich wurden von den Wissenschaftler:innen angeleitete Workshops mit Züchter:innen und Vertreter:innen der Zuchtverbände abgehalten, bei denen die Ideen der Züchter:innen für eine Überarbeitung der Zuchtziele gesammelt wurden *(Tabelle 1)*. Dabei wurden potenzielle zukünftige Ansprüche und Herausforderungen in der österreichischen Schweinezucht berücksichtigt. Im Anschluss wurden die erwünschten Fitnessmerkmale entsprechend ihrer Machbarkeit bzw. der Kosten für eine Vor-Ort-Erhebung gewichtet, was zu einer Vorauswahl von Merkmalen führte. Die Erhebung dieser Zuchtmerkmale wurde auf Praxisbetrieben getestet, wodurch schlussendlich 11 Merkmale *(Tabelle 2)* beibehalten und exakt definiert wurden. In einem weiteren Workshop mit Züchter:innen, Ferkelproduzent:innen und Mitarbeiter:innen der Zuchtverbände (n = 56 Personen) wurde versucht die wichtigsten Merkmale für Sauen bzw. Ferkel zu identifizieren, indem die Fragen *„Wie würden Sie die perfekte Sau für Ihre Herde beschreiben?"* und *„Wie würden Sie ein vitales Ferkel beschreiben?"* zu beantworten waren. Diese Ergebnisse wurden wiederum mit den 11 bereits definierten Merkmalen abgeglichen, um potenziell zusätzliche Merkmale zu erfassen. Schlussendlich erfolgte die Merkmalserfassung in 24 teilnehmenden Zuchtbetrieben. Während der einjährigen Aufzeichnungsphase wurde die Datenqualität laufend evaluiert und Rückmeldung von den Wissenschaftler:innen an die Zuchtbetriebe gegeben, um einerseits die Datenqualität hoch zu halten und andererseits die Betriebe weiterhin zu der umfassenden Datenaufzeichnung zu motivieren.

Ergebnisse und Diskussion

In *Tabelle 1* sind die von den Züchter:innen erwünschten Zuchtmerkmale gereiht nach Anzahl an Nennungen zusammengefasst. Diese waren beinah ident mit jenen, die im Vorfeld gemeinsam von Zuchtverbänden und Wissenschaftler:innen formuliert wurden. Aufgrund der schwierigen Erfassung (z. B. Appetit, Abliegeverhalten, Saugverhalten) bzw. Standardisierung (z. B. Euterqualität) wurden wenige Merkmale für die Vor-Ort-Erhebung ausgeschlossen. Die in *Tabelle 2* zusammengefassten Merkmale wurden über den Zeitraum von einem Jahr

Tabelle 2: Für die Erfassung von Mütterlichkeit beim Schwein ausgewählte Merkmale zur Optimierung des Zuchtziels in österreichischen Mutterlinien

Zuchtmerkmale für Mütterlichkeit	Beurteilungskategorien
Merkmale Sauen	
Manipulation von Jutesäcken als Indikator für Nestbauverhalten	1–4
Aggressives Verhalten gegenüber Menschen	Ja/Nein
Aggressives Verhalten gegenüber Ferkeln	Ja/Nein
Ruhiges Abferkelverhalten	Ja/Nein
Geburtshilfe notwendig	Ja/Nein
Mastitis-Metritis-Agalaktie	Ja/Nein
Allgemein gute Muttereigenschaften	Ja/Nein
Merkmale Ferkel	
Wurfhomogenität	1–4
Ferkelvitalität	1–4
Geburtsgewicht innerhalb 24 h post partum[1]	kg
Wurfgewicht beim Absetzen[1]	kg
Abgeleitete Merkmale Ferkel	
Durchschnittliches Geburtsgewicht Ferkel/Wurf	kg
Standardabweichung Geburtsgewicht Ferkel/Wurf	kg
Anteil Ferkel <1 kg je Wurf	%

[1]Milchleistung der Sauen wurde indirekt aus Wurfgewicht bei der Geburt und beim Absetzen ermittelt.

auf den Testbetrieben aufgezeichnet. Interessanterweise sind diese Merkmale jenen ähnlich, die bei Befragungen schwedischer bzw. dänischer Biobäuerinnen und Biobauern als wünschenswerte Zuchtziele genannt wurden. Die Datenerfassung wurde von den Züchter:innen als sehr arbeitsintensiv eingestuft. Vermutlich konnte aber die partizipative Herangehensweise Züchter:innen zur engagierten Teilnahme am Projekt motivieren, wodurch Daten von 1.800 Sauen und 38.000 Ferkeln gesammelt werden konnten.

In einem nächsten Schritt gilt es unterschiedliche Modelle hinsichtlich der Implementierung eines Ferkel-Vitalitäts-Index in die Zuchtwertschätzung zu untersuchen, um damit einen genetischen Zuchtfortschritt beurteilen zu können. Nur durch eine gute Balance zwischen den einzelnen Merkmalen kann schlussendlich ein erfolgreiches und nachhaltiges Zuchtprogramm erstellt werden.

Schlussfolgerung

Der partizipative Ansatz zur Definition von Zuchtzielen zur Mütterlichkeit erwies sich als ein Erfolg, obwohl es ein ehrgeiziges Unterfangen war viele Stakeholder:innen in den gesamten Prozess miteinzubeziehen. Auf diese Weise konnten wichtige Fitnessmerkmale sowie Anforderungen der Züchter:innen aus verschiedenen Perspektiven untersucht werden. Darüber hinaus trug die Einbeziehung der Züchter:innen in die Definition von Zuchtzielen und den Prozess der Merkmalserfassung dazu bei, die Motivation der Züchter:innen für die Merkmalserfassung und damit eine gute Datenqualität aufrechtzuerhalten.

Geflügel

Können Züchterinnen und Züchter das Problem von durch Federpicken verursachter Mortalität bei Legehennen lösen?

Ellen E D, Bijma P, 2019.

Can breeders solve mortality due to feather pecking in laying hens? Poultry Science, 98(9), 3431–3442.

https://doi.org/10.3382/ps/pez250

Einleitung

Die Hauptursache für eine verkürzte Lebensdauer von Legehennen ist die durch ***Kannibalismus*** bzw. ***Federpicken*** *(FP)* bedingte Sterblichkeit. Mit dem Verbot des Schnabelkürzens in vielen Europäischen Ländern wird eine Erhöhung der Sterblichkeit durch FP befürchtet, was durch die Haltung in größeren Gruppen zusätzlich noch begünstigt wird. Die Mortalitätsrate während der Legeperiode liegt bei Herden mit gekürztem Schnabel bei 5% und erreicht bis zu 50% wenn der Schnabel nicht gekürzt ist. Die Ursachen für diese hohe Variabilität liegen vor allem an einer unterschiedlichen Lichtintensität, dem Haltungssystem, der Besatzdichte sowie der genetischen Herkunft der Tiere. Der starke genetische Einfluss konnte durch eine Untersuchung illustriert werden, in der drei White Leghorn-Legelinien in ***identen Haltungssystemen*** *(Käfighaltung mit vier Hennen je Käfig)* 22% Unterschied in der Mortalitätsrate aufwiesen.

Wenn FP bei Legehennen auftritt ist die Überlebenszeit sowohl vom individuellen genetischen Potenzial kein Opfer zu werden *(**direkter genetischer Effekt**, DGE)*, als auch vom Potenzial anderer Tiere in der Gruppe FP zu zeigen *(**indirekter genetischer Effekt**, IGE)* abhängig. Mehrere Studien konnten bereits eine deutliche Variabilität der Heritabilität von DGE und IGE bezogen auf die Überlebenszeit belegen. Optimierte Zuchtprogramme sollten daher den DGE und IGE bei der Selektion entsprechend berücksichtigen.

Ein Problem in der kommerziellen Zucht ist jedoch, dass keine individuellen Daten zur Überlebenszeit vorhanden sind, weil ***Selektionskandidat:innen*** *(SK)* in Einzelkäfigen gehalten werden und blutsverwandte Tiere zum Zeitpunkt der Selektion (im Alter von etwa 55 Wochen) häufig noch am Leben sind.

In dieser Studie wurde die Aussicht auf eine züchterische Lösung des Problems von durch FP verursachter Mortalität bei Legehennen unter Anwendung von ***genomischer Selektion*** *(GS)* untersucht. Dazu wurde die vorhandene Literatur hinsichtlich genetisch bedingter Variation der Überlebenszeit und deren Abhängigkeit von der Mortalitätsrate untersucht. Darauf basierend wurde untersucht, ob die vorhandene genetische Variation effizient zu einem Zuchtfortschritt, in einem klassischen Kreuzungszuchtprogramm sowie in einem Zuchtprogramm auf Basis genomischer Selektion, führen kann. Außerdem wurden die Auswirkungen auf eine kontinuierliche Verbesserung des Merkmals Überlebenszeit untersucht, wenn ein wachsender Anteil an Tieren in der Referenzpopulation länger lebt.

Erbliche Variation für die Überlebenszeit

In konventioneller Käfighaltung (4 oder 5 Hennen je Käfig mit intaktem Schnabel) schwankt die berichtete Mortalitätsrate während der Legeperiode zwischen 22–49% bei einer maximalen Überlebenszeit von 372–447 Tagen. Die genetische Standardabweichung für den DGE liegt zwischen 16–44 Tagen und jene für den IGE bei 23–83 Tagen. Somit tragen DGE und IGE erheblich zur gesamten erblich bedingten Variation in der Überlebenszeit (14–65 Tage bzw. 3–26% der erblich bedingten Varianz in Überlebenszeit) bei. Daneben konnte eine moderat bis stark negative Korrelation zwischen DGE und IGE, insbesondere bei Kreuzungszuchten, festgestellt werden. Das bedeutet, dass Tiere mit einem positiven direkten Zuchtwert für ihr eigenes Überleben, einen negativen indirekten Zuchtwert für das Überleben der Hennen in ihrer Gruppe zeigten. In derartigen Fällen würde eine klassische Selektion auf Überlebenszeit zu einer erhöhten Mortalität in den Folgegenerationen führen.

Effiziente Zuchtprogramme führen im Allgemeinen zu einem Zuchtfortschritt von einer genetischen Standardabweichung je Generation, weshalb basierend auf den angeführten Daten eine deutliche Verlängerung der Überlebenszeit erreicht werden kann. Auf Grund des starken Zusammenhangs zwischen Mortalitätsrate und gesamter erblich bedingter Variation bzw. Varianz betreffend die Überlebenszeit wird jedoch eine anhaltende Verbesserung des Merkmals Überlebenszeit erschwert (bedingt durch eine geringere Variation in der Zuchtpopulation und schlechtere Selektionsgenauigkeit).

Federpicken (Foto: Niebuhr, Vetmeduni Vienna)

Tabelle 1: Parameter für das jeweilige Zuchtmodell (klassisches Zuchtprogramm und genomische Selektion)

Parameter	Klassische Zucht	Genomische Selektion
Angenommene Mortalitätsrate	35 %	
Heritabilität Überlebenszeit	0,17	
Phänotypische Standardabweichung Überlebenszeit	114 Tage	
Maximale Überlebenszeit	447 Tage	
Heritabilität „Andere"	0,3	
Ausgewählter Anteil männlicher Tiere	8 %	2 %
Ausgewählter Anteil weiblicher Tiere	8 %	8 %
Generationsintervall, männlich	99 Wochen	33 Wochen
Generationsintervall, weiblich	55 Wochen	33 Wochen
Selektionsinformation, männlich	Pedigree, Nachkommen	Genotypisierung
Selektionsinformation, weiblich	Pedigree, Nachkommen	Genotypisierung
Anzahl Vater(Mutter)tiere	20 (120)	20 (120)

Zuchtprogramme und Selektionserfolg

In Zuchtprogrammen zur Produktion kommerzieller Legehennen werden üblicherweise 1–2 väterliche mit zwei mütterlichen Reinzuchtlinien gekreuzt. Der Zuchtfortschritt wird dabei durch entsprechende Selektion in den Reinzuchtlinien erzielt. Da Reinzuchtlinien und kommerzielle Herden aber in unterschiedlichen Systemen gehalten werden, kann der in den Reinzuchtlinien erzielte Zuchtfortschritt durch ***Genotyp × Umwelt (G × U)-Wechselwirkungen*** nur begrenzt in kommerziellen Herden ausgeprägt sein. Werden Selektionsentscheidungen aber anhand des Phänotyps von aus Kreuzungszucht stammenden Individuen getroffen (die nahe an kommerziellen Bedingungen gehalten werden), kann eine Reduktion des Zuchtfortschritts durch G × U-Interaktionen vermieden werden.

Der folgende Abschnitt fokussiert auf den erzielbaren Zuchtfortschritt innerhalb einer Generation in einer väterlichen Reinzuchtlinie, basierend auf Informationen von durch Kreuzungszucht erzeugten Nachkommen. Dieses klassische Zuchtprogramm wurde einer genomischen Selektion gegenübergestellt mit dem Ziel, den Zuchtfortschritt für Überlebenszeit in beiden Modellen zu quantifizieren. Deswegen, und weil die Gewichtung unterschiedlicher Zuchtmerkmale bei Legehennen nicht exakt bekannt ist, wurde in dieser Analyse eine Kategorisierung in die zwei Merkmale Überlebenszeit und *„Andere"* vorgenommen. In den berechneten Modellen (deterministische Simulation mit SelAction-Software, Annahmen in *Tabelle 1*) wurden die beiden Merkmale von 100 % Gewichtung auf Überlebenszeit bis 100 % Gewichtung auf *„Andere"* variiert. Der Aufwand für eine gesteigerte Überlebenszeit (in Tagen) wurde dabei als eine Reduktion im Merkmal *„Andere"* (in Prozentpunkten) dargestellt. Für den Zusammenhang von Überlebenszeit und *„Andere"* wurden je zwei unterschiedliche Szenarien modelliert: Für ein Modell wurde kein genetischer Zusammenhang der beiden Merkmale angenommen (genetische Korrelation $r_g = 0$), für ein zweites Modell eine schwach negative Korrelation von $r_g = -0{,}3$. Im klassischen Ansatz wurden männliche SK der reingezüchteten Vaterlinie anhand Pedigree-Informationen sowie des durchschnittlichen Phänotyps der Nachkommen für Überlebenszeit und *„Andere"* ausgewählt. Nachkommen wurden in Gruppen zu fünf väterlichen Geschwistern gehalten (ohne Schnabelkürzen). Weibliche SK der Reinzucht-Vaterlinie wurden einzeln in Käfigen gehalten und anhand Stammbaminformationen für Überlebenszeit bzw. einer Kombination aufgezeichneter und Geschwisterdaten für *„Andere"* ausgewählt. Zum Zeitpunkt der Selektion waren weibliche SK etwa 50 Wochen alt. Männliche SK wurden nach dem Ende der Legeperiode der Nachkommen (Alter etwa 70 Wochen) ausgewählt, womit sich Generationsintervalle von 99 und 55 Wochen für männliche bzw. weibliche Tiere ergaben.

Für die genomische Selektion wurden männliche sowie weibliche SK genotypisiert und anhand des genomisch geschätzten Gesamtzuchtwertes ausgewählt. Das Generationsintervall für beide Geschlechter lag bei 33 Wochen.

Ergebnisse Zuchtfortschritt in einer Generation

Der maximal erzielbare Zuchtfortschritt für die väterliche Reinzuchtlinie im klassischen Zuchtprogramm lag bei 25 Tagen pro Jahr (ermittelt als Zuchtfortschritt je Generation dividiert durch das durchschnittliche Generationsintervall bei 100 % Gewichtung auf Überlebenszeit). Im Szenario ohne genetische Korrelation konnte eine deutliche Steigerung der Überlebenszeit ohne gravierende Einbußen für das Merkmal *„Andere"* erreicht werden (z. B. 12,5 Tage/Jahr bei 12,8 Prozentpunkten Reduktion in *„Andere"*). Bei einer angenommenen leicht negativen genetischen Korrelation von $r_g = -0{,}3$ zwischen Überlebenszeit und *„Andere"* führte eine Stabilisierung der Überlebenszeit (entspricht einem Zuchtfortschritt von 0 Tagen/Jahr) zu einer Reduktion im Merkmal „Andere" um 9,1 Prozentpunkte und eine Steigerung der Überlebenszeit auf 12,5 Tage/Jahr zu 42,3 Prozentpunkten Reduktion.

Bei der genomischen Selektion wurde ein wesentlich größerer maximal erzielbarer Zuchtfortschritt von 48 Tagen/Jahr erreicht, mit einem ähnlichen Verhältnis zwischen Überlebenszeit und *„Andere"* (z. B. 24 Tage/Jahr mehr Überlebenszeit führten zu 14,6 ($r_g = 0$) bzw. 52,2 ($r_g = -0{,}3$) Prozentpunkten Reduktion bei „Andere"; Stabilisierung von Überlebenszeit reduzierte *„Andere"* um 15,0 Prozentpunkte bei $r_g = -0{,}3$).

Zuchtfortschritt über 15 Generationen bei genomischer Selektion

Um den Effekt der abnehmenden additiven genetischen Varianz in der Zuchtpopulation bei kontinuierlicher Selektion auf Überlebenszeit und der dementsprechend geringeren Heritabilität beurteilen zu können, wurde ein iteratives Modell für GS über 15 Generation berechnet (Startbedingungen: Mortalitätsrate 50 %, durchschnittliche Überlebenszeit 331 Tage, maximale Überlebenszeit 441 Tage, Heritabilität Überlebenszeit 0,24, gesamte heritable Standardabweichung 64 Tage, phänotypische Standardabweichung 142 Tage): ***i) Berechnung des Zuchtfortschritts für eine Generation*** *(SelAction)* in väterlichen und mütterlichen Reinzuchtlinien, ***ii) Berechnung der durchschnittlichen Überlebenszeit in der Folgegeneration*** als Summe aus Zuchtfortschritt und Überlebenszeit der Elterngeneration, ***iii) Berechnung der Mortalitätsrate*** und ***iv) Übertragung der neu ermittelten genetischen und phänotypischen Parameter nach Schritt i)***.

Eine bei GS mit der Zeit wachsende Referenzpopulation und damit weiter entfernt verwandte Referenztiere zu den SK, sowie die Selektion auf Basis des genomisch geschätzten Zuchtwertes reduzieren die Bedeutung von Ahnengenerationen für SK. Um einen konservativen Ansatz zu wählen wurde der Einfluss weit entfernt verwandter Tiere für die Genauigkeit der GS nicht berücksichtigt und die Referenzpopulation konstant bei 300 Hähnen gehalten.

Die Überlebenszeit bzw. Mortalitätsrate wurde für die Selektion ausschließlich in der Vaterlinie für die Szenarien $r_g = 0$ und $r_g = -0{,}3$ modelliert. Dabei wurden je drei Modelle mit einer Reduktion um 5, 10, bzw. 20 Prozentpunkte für das Merkmal *„Andere"* berechnet. Für eine Selektion in der Vater- und Mutterlinie wurden ebenfalls beide Szenarien mit $r_g = 0$ und $r_g = -0{,}3$ modelliert, jedoch nur mit einer Reduktion von 5 und 10 % im Merkmal *„Andere"*.

Ergebnisse Zuchtfortschritt über 15 Generationen bei genomischer Selektion

Bei einer genetischen Unabhängigkeit der Merkmale Überlebenszeit und *„Andere"* ($r_g = 0$) konnte eine rasche Reduktion der Mortalitätsrate bzw. Steigerung der durchschnittlichen Überlebenszeit erzielt werden. Allerdings wurde eine weitere Verbesserung der Überlebenszeit bei einer Mortalitätsrate von unter 15 % zusehends schwieriger.

Im Fall der Selektion in ausschließlich der väterlichen Reinzuchtlinie konnten für die drei Modelle (bei $r_g = 0$) mit 5, 10 und 20 Prozentpunkten Reduktion im Merkmal „Andere" in 15 Generationen die Mortalitätsraten auf 11, 6,4 und 3,7 % reduziert (Ausgangsniveau 50 %) bzw. die durchschnittliche Überlebenszeit auf 417, 427 und 433 Tage erhöht (Ausgangsniveau 331 Tage) werden. Erwartungsgemäß war der Effekt bei einer schwach negativen genetischen Korrelation von $r_g = -0{,}3$ etwas schwächer und die entsprechenden Werte lagen bei 34, 24 und 13 % Mortalitätsrate, sowie 366, 389 und 413 Tagen durchschnittlicher Überlebenszeit.

Wurde sowohl in der Vater- als auch in der Mutterlinie selektiert, so lagen bei $r_g = 0$ und einer erlaubten Reduktion im Merkmal *„Andere"* von 5 bzw. 10 % die Mortalitätsraten bei 3,4 bzw. 1,7 % und die durchschnittliche Überlebenszeit bei 433 bzw. 437 Tagen. Auch hier war für eine schwach negative genetische Korrelation von $r_g = -0{,}3$ ein nicht so deutlicher Effekt zu beobachten (Mortalitätsraten 23 bzw. 12 %, durchschnittliche Überlebenszeit 390 bzw. 415 Tage).

Diskussion

In dieser Studie wurde die Verbesserung des Merkmals Überlebenszeit bei Legehennen mit intakten Schnäbeln unter Anwendung realistischer Zuchtprogramme simuliert.

Die Ergebnisse der Literaturrecherche für genetische Parameter der Überlebenszeit zeigten eine hohe Variabilität sowie vielfach eine hohe additive genetische Standardabweichung von über einem Monat. Nichtsdestotrotz sinken genetische Variabilität und Heritabilität gleichzeitig mit sinkender Mortalitätsrate, was eine kontinuierliche Selektion auf Überlebenszeit erschwert. Grundsätzlich zeigten die Ergebnisse der durchgeführten Simulationen aber, dass eine genetische Verbesserung der Überlebenszeit realisierbar ist, die Kosten (ausgedrückt als Reduktion des Zuchtfortschritts in anderen Merkmalen) dafür jedoch mit sinkender Mortalitätsrate, mit stärker negativer Korrelation zwischen Überlebenszeit und anderen Merkmalen und mit der Selektion in ausschließlich der Vaterlinie erheblich anstiegen.

Der abnehmende Zuchtfortschritt mit sinkender Mortalitätsrate resultierte aus einer geringeren genetischen Varianz und Selektionsgenauigkeit. Um auch bei niedrigen Mortalitätsraten eine höhere Selektionsgenauigkeit zu erreichen, müsste die Anzahl geprüfter Nachkommen oder Elterntiere, bzw. eine Kombination aus beiden, deutlich erhöht werden. Bei der genomischen Selektion hängt die Selektionsgenauigkeit noch wesentlich von der Erosion genomischer Information über Generationen ab. Zwar entwickelt sich die Referenzpopulation bei GS im Laufe der Zeit, Selektionskandidat:innen entfernen sich aber immer weiter von der ursprünglichen Referenzpopulation. Auch hier kann die Abnahme der Selektionsgenauigkeit durch eine entsprechende Größe der Referenzpopulation kontrolliert werden. Zum Zeitpunkt der Veröffentlichung dieses Artikels war aber nur eingeschränkt Erfahrung mit GS und deren Zusammenhang mit der Entwicklung der Selektionsgenauigkeit vorhanden.

Aktuell fokussiert die Selektion für das Merkmal Überlebenszeit auf Vaterlinien. Die Autor:innen konnten zeigen, dass eine zusätzliche Berücksichtigung der Mutterlinie bei der Selektion auf dieses Merkmal eine deutliche Steigerung des Zuchtfortschritts ermöglicht. Allerdings können Väter aus der Mutterlinie nur durch reziproke Kreuzung getestet werden und dabei wurden wesentlich abweichende Mortalitätsraten berichtet. Außerdem konnte gezeigt werden, dass die genetische Korrelation für DGE der beiden Kreuzungslinien hoch war, jene für IGE jedoch nur moderat. Dies weist darauf hin, dass es einen Unterschied macht aus welcher Linie Vater- und Muttertiere stammen. Die geringe Korrelation für IGE weist daneben auf nicht-additive Effekte hin, wodurch die genetische Korrelation zwischen Reinzucht- und Kreuzungslinien vermindert werden kann. Insofern ist es möglich, dass ein in der Praxis erzielbarer Zuchtfortschritt geringer ausfällt als hier dargestellt.

Wenn Nachkommen der Referenzpopulation unter Bedingungen gehalten werden, die das Auftreten von FP provozieren (Challenge Test, z. B. hohe Lichtintensität), kann dadurch die additive genetische Varianz der Überlebenszeit sowie die Selektionsgenauigkeit erhöht werden. Diese Herangehensweise wirft zwar ethische Fragen auf, die Mortalität in kommerziellen Herden könnte aber verringert werden. Allerdings ist nicht bekannt, wie sich die Selektion unter FP provozierenden Haltungsbedingungen tatsächlich in kommerziellen Herden (unter FP vermeidenden Haltungsbedingungen) auswirkt (G × U-Wechselwirkungen).

Eine große Herausforderung besteht darin, dass aktuell keine effektiven Werkzeuge vorhanden sind, um bei in großen Herden gehaltenen Legehennen gegen durch FP verursachte Mortalität zu züchten. Der geschätzte Zuchtwert für Überlebenszeit auf Basis individueller Tierdaten berücksichtigt nicht den IGE, was bei einer Selektion darauf zu einer erhöhten Mortalitätsrate führen könnte, da FP zeigende Tiere länger überleben. Die Weiterentwicklung und Einbindung von Sensortechniken könnte hierbei Abhilfe leisten.

Die Eignung langsam wachsender kommerzieller Putenlinien für die ökologische Tierhaltung hinsichtlich Tierwohl und Leistung

Olschewsky A, Riehn K, Knierim U, 2021.

Suitability of Slower Growing Commercial Turkey Strains for Organic Husbandry in Terms of Animal Welfare and Performance. Frontiers in Veterinary Science 7: 600846

https://doi.org/10.3389/fvets.2020.600846

Einleitung

Nach den USA gilt die Europäische Union als zweitgrößter Produzent von Putenfleisch, mit Deutschland als Hauptproduktionsland (500.000 Tonnen jährlich). Davon werden weniger als 2% der Tiere in zertifiziert ökologischen Betrieben gemästet, welche entsprechend der EU Bio-Verordnung u.a. entweder ein Mindestschlachtalter erreichen oder einer langsam wachsenden Putenlinie entstammen müssen. Damit soll neben weiteren Maßnahmen ein höheres Niveau an Tierwohl erreicht werden. Dennoch wurden in der Literatur vergleichbar hohe Prävalenzen für Tierwohlindikatoren (z. B. Gefiederschäden, Erkrankungen der Atemwege und des Herzkreislaufsystems, Fußballenentzündungen, Beinschwäche, Brustverletzungen) in kommerziellen und experimentellen, sowie konventionell und ökologisch geführten Herden berichtet. Das große Wachstumspotenzial kommerzieller Hybriden in Kombination mit den intensiven Haltungsbedingungen wird als einer der Hauptgründe für die genannten Gesundheits- bzw. Verhaltensproblem angesehen. Dass sich die Resultate in Biobetrieben nicht wesentlich von konventionellen unterscheiden kann daran liegen, dass vorwiegend die gleiche ***schnell wachsende Linie*** gehalten wird *(B.U.T 6; aufgrund des geschlechtsspezifisch niedrigeren Nährstoffbedarfs bzw. Wachstumsrate in Biobetrieben Mast rein weiblicher Herden)*, die in Biobetrieben erst nach Erreichen eines Mindestalters zur Schlachtung kommt. Nur wenige Biobetriebe mästen eine etwas ***langsamer wachsende Putenlinie*** *(Kelly Broad Breast Bronze, BBB)*, für die etwas niedrigere Prävalenzen von Tierwohlindikatoren berichtet wurden. Aber auch hier liegen die hohen Erwartungen an Tierwohl in der ökologischen Landwirtschaft und die in der Praxis festzustellende Prävalenz von Tierwohlindikatoren unbefriedigend weit auseinander. Aus Sicht der Autorinnen sollte die Eignung von Puten für die Mast in der ökologischen Landwirtschaft anhand der herausforderndsten Konstellation – nämlich der Mast rein männlicher Tiere mit 100% Biofutter – überprüft werden. Ziel dieser Studie war es daher das Wohlergehen rein männlicher Herden zweier Putenlinien mit einer weiter reduzierten Wachstumsrate im Vergleich zu Kelly BBB zu untersuchen.

Tiere, Material und Methoden

Zwischen Juli 2015 und Jänner 2018 wurden drei Mastdurchgänge (Einstallung in einen Mobilstall jeweils Ende Juli bis Anfang August) auf einem kommerziellen Biobetrieb in Norddeutschland beobachtet. Neben der ***Referenzlinie*** *(Kelly BBB)* wurden ***Hockenhull Large Bronze*** *(HoBr)* und ***Hockenhull Black*** *(HoBl)* von Aviagen getestet (100 Puter mit intaktem Schnabel je Linie und Durchgang in je zwei Gruppen zu 50 Tieren). Als Kriterien für die Auswahl der Linien wurden ***i) geringeres aber ausreichendes Wachstumspotenzial, ii) Robustheit, iii) Eignung zur industriellen Zerlegung*** und ***iv) kommerzielle Verfügbarkeit herangezogen.*** Der Mobilstall war mit Maschendrahtzaun in sechs Buchten von 3,5 × 5,0 m mit einem zentralen Kontrollgang geteilt. Ab Woche 5 hatten die Tiere Zugang zu überdachten und eingestreuten (aber kein befestigter Boden) Wintergärten von 2,5 × 5,0 m Größe. Seitlich waren die Wintergärten mit Holz (im unteren Bereich) bzw. Windschutznetzen (im oberen Bereich) begrenzt. Außerdem erhielten die Tiere ab dem Ende der Aufzuchtphase (nach der 6. Lebenswoche) Zugang zu einer eingezäunten Weide (500 m^2 je Gruppe). Futterspender wurden über die gesamte Versuchsdauer händisch befüllt, die Tränkeanlage wurde ab Woche vier an eine Wasserleitung angeschlossen und in der Höhe laufend der Größe der Tiere angepasst. Ab der zweiten Lebenswoche wurden runde hölzerne Sitzstangen (ø 2 cm) installiert und zu Beginn der Mastphase (Wochen 7–25) durch metallene (ø 4 cm) ersetzt. Ab dem zweiten Mastdurchgang wurden die metallenen Sitzstangen durch Kanthölzer (3 × 6 cm) ersetzt. Zusätzlich zur Einstreu aus Holzspäne wurden in den Buchten Sand (Aufzuchtphase) bzw. Grit, Muscheln und Pickblöcke (Mastphase) angeboten. Die Fütterung mit 100% Biofutter erfolgte in sechs Phasen, wobei ab Woche 14 die Futtermischung mit einem steigenden Anteil von hofeigenem Weizen ergänzt wurde. Geschlachtet wurde in den Wochen 17, 20 und 25.

Als klinische Indikatoren für Tierwohl wurden in den Wochen 7, 16 und 25 Gefieder, Verletzungen der Haut, Gangbild, Beinstellung und die Fußballen beurteilt. Veränderungen an der Brust wurden nur an geschlachteten und gerupften Tieren beurteilt. Für die statistische Auswertung wurden die detailliert erhobenen Befund dichotomisiert (Abweichung vorhanden/nicht vorhanden). Verluste wurden dokumentiert und die Kadaver pathologisch untersucht. Außerdem wurden die Ergebnisse der offiziellen ante- und post-mortem-Schlachtkörperuntersuchungen berücksichtigt. Das Gewicht der Tiere wurde ebenfalls zu diesen Zeitpunkten ermittelt bzw. auch in Wochen 17 und 20 bei Schlachttieren. Von 10% der geschlachteten Tiere wurde das Gewicht der Teilstücke Brust, Ober- und Unterkeule bestimmt. Die täglichen Zunahmen wurden nur von Tieren die in der 25. Lebenswoche geschlachtet wurden berechnet. Die Futterverwertung wurde aus dem verabreichten Futter abzüglich Futterreste zum Wiegezeitpunkt ermittelt.

Ergebnisse und Diskussion

Die Hypothese, dass sich die drei untersuchten Linien ***Kelly Broad Breast Bronze***, ***Hockenhull Large Bronze*** und ***Hockenhull Black*** auf Grund unterschiedlicher Wachstumspotenziale hinsichtlich Prävalenz von Tierwohlindikatoren unterscheiden, konnte in dieser Studie nicht belegt werden.

Die Mortalitätsraten von Kelly BBB (7,2%), HoBr (8,8%) und HoBl (5,2%) waren statistisch nicht verschieden und sind im Vergleich zu anderen Quellen als moderat einzustufen. Kannibalismus als Todesursache wurde einmal in Kelly BBB und zweimal in HoBl festgestellt, wobei dies jeweils Tiere betraf, die über den Weidezaun in eine andere Gruppe gewechselt haben. Innerhalb der Gruppen konnte Kannibalismus nicht beobachtet werden.

Kelly BBB (Mittelwert m = 30,2%) zeigte signifikant mehr Verletzungen der Haut als HoBl (m = 22,2%), aber nicht als HoBr (m = 31,0%), wobei der Großteil der Verletzungen oberflächlich und klein war. Diese Verletzungen waren mit hoher Wahrscheinlichkeit auf agonistische Interaktionen zurückzuführen und liegen, unter Berücksichtigung einer eingeschränkten Vergleichbarkeit, in der Größenordnung von anderen Studien.

Gefiederschäden waren für alle Linien zu jedem Erhebungszeitpunkt überwiegend auf leichte Schäden einzelner Federn beschränkt. Signifikant weniger HoBr Puter (m = 7,1%) hatten im Vergleich zu Kelly BBB (m = 11,5%) ein komplett intaktes Gefieder; HoBl (m = 9,7%) zeigte keinen Unterschied. Obwohl nur ein geringer Anteil der Tiere ein völlig intaktes Gefieder zeigte, gab es keine Hinweise auf ein Problem durch Federpicken. Vielfach dürften die vergleichsweise kleinen Buchten zu einer mechanischen Beschädigung des Gefieders geführt haben, da die Puter häufig mit der Stalleinrichtung in Kontakt kamen. In deutlich größeren kommerziellen Herden steht den Tieren absolut betrachtet wesentlich mehr Platz zur Verfügung als unter den Versuchsbedingungen. Allerdings könnte die kleine Gruppengröße von nur 50 Putern, insbesondere während der Aufzuchtphase, dazu beigetragen haben, dass es zu keinem Problem durch Kannibalismus bzw. Federpicken gekommen ist.

Nennenswerte Einschränkungen im Gangbild konnten in der 25. Lebenswoche nur für HoBr registriert werden. Kelly BBB (m = 1,0%) war signifikant weniger davon betroffen als HoBr (m = 3,0%) aber nicht unterschiedlich von HoBl (m = 0,9%). Abweichungen in der Beinstellung waren im Gegensatz dazu signifikant häufiger bei Kelly BBB (m = 10,5%) zu beobachten als bei HoBl (m = 5,3%); zu HoBr (m = 8,4%) war kein Unterschied festzustellen. Am häufigsten wurden X-Beine beobachtet, wobei diese Veränderung teilweise schon ab der 7. Lebenswoche erkennbar war und sich bis zur 25. Lebenswoche verschlechterte. Grundsätzlich war die Beingesundheit in der Studie als gut zu beurteilen, was eine Konsequenz der züchterischen Bearbeitung dieses Merkmals in der jüngsten Vergangenheit sein kann. Entsprechend der Literatur ist im Winter die Beingesundheit bei Puten besser, was zusätzlich auf einen saisonalen Effekt hindeutet.

Veränderungen am Fußballen waren überwiegend mild und traten bei Kelly BBB (m = 24,3%) signifikant seltener auf als bei HoBl (m = 64,6%); kein Unterschied lag zu HoBr vor (m = 35,6%). Obwohl diese Werte im Vergleich zu anderen Studien als moderat eingestuft werden konnten, besteht bei diesem Tierwohlindikator sichtlich Verbesserungsbedarf.

Brustblasen waren niedrig prävalent und ohne signifikanten Unterschied zwischen den Linien (Kelly BBB m = 2,7%, HoBr m = 2,2%, HoBl m = 1,4%), wobei Brustknöpfchen signifikant häufiger bei Kelly BBB (m = 9,8%) auftraten als bei HoBr (m = 3,4%) und HoBl (m = 1,1%). Insgesamt war auch für diesen Indikator die Ausprägung überwiegend mild und selten anzutreffen und in der Größenordnung vergleichbarer Studien.

Sowohl Lebend- als auch Schlachtgewicht waren bei Kelly BBB (m = 21,4 kg bzw. 16,6 kg) signifikant höher als bei HoBr (19,5 kg bzw. 15,3 kg) und HoBl (16,6 kg bzw. 12,8 kg), die täglichen Zunahmen unterschieden sich jedoch nur zwischen Kelly BBB und HoBl. Für die Futterverwertung konnte kein statistisch belegbarer Unterschied festgestellt werden. In Anbetracht der Fütterung mit 100% Biofutter kann die Mastleistung als überdurchschnittlich gut beurteilt werden.

Schlussfolgerung

Trotz unterschiedlicher Wachstumsraten zeigten die Ergebnisse der Tierwohlbeurteilung zwischen den Linien Kelly Broad Breast Bronze, Hockenhull Large Bronze und Hockenhull Black überwiegend eine vernachlässigbare bis kleine Effektgröße. Somit konnte kein eindeutiger Vor- oder Nachteil einer bestimmten Linie festgestellt werden. Die Prävalenz von Tierwohlindikatoren war meistens niedriger als in vergleichbaren Studien und häufig durch nur geringfügige Veränderungen begründet. In diesem Zusammenhang muss aber auf die kleinen Gruppen in diesem Versuch hingewiesen werden, die einen erheblichen Unterschied zu kommerziellen Bedingungen darstellen. Der Effekt der Gruppengröße sollte weiter untersucht werden.

Schafe

Entwicklung von Zuchtwerten für die Anfälligkeit für Moderhinke bei Feinwollschafen – Eine Strategie zur Berücksichtigung des Krankheitsverlaufs zum Zeitpunkt der Beurteilung

Walkom S F, Bunter K L, Raadsma H W, Gurman P M, Brown D J, Gibson W, Ferguson M B, 2022.

Development of breeding values for susceptibility to virulent footrot in sheep: A strategy to accommodate variable disease progression at time of scoring. Animal, 16(5): 100514.

https://doi.org/10.1016/j.animal.2022.100514

Einleitung

Moderhinke beim Schaf ist eine unter Umständen exponentiell verlaufende Infektionskrankheit und wird durch die Invasion von epidermalem Gewebe einer Gruppe von Bakterien, wobei ***Dichelobacter nodosus*** eine entscheidende Rolle spielt, ausgelöst. Das Krankheitsbild zeigt zu Beginn eine Entzündung im Zwischenklauenspalt und kann über die Loslösung des Klauenhorns am Ballen und der Loslösung der Klauenwand bis hin zum vollständigen Ausschuhen führen, was drastische Einschränkungen im Tierwohl mit sich bringt. Der Verlauf in einer Herde ist insbesondere von drei Faktoren bestimmt: ***i) Virulenz von D. nodosus***, ***ii) Einfluss der Haltungsumgebung auf die Anfälligkeit des Wirtstieres und die Übertragung des Krankheitserregers*** und ***iii) die inhärente Anfälligkeit des Wirtstieres***, wobei ein kleiner bis moderater Anteil der Variation im Krankheitsverlauf auf gering bis moderat vererbbare genetische Faktoren zurückzuführen ist und somit züchterisch bearbeitet werden kann.

Die Anfälligkeit gegenüber Moderhinke wurde ursprünglich in kontrollierten klinischen Belastungstests studiert, wohingegen in der jüngeren Vergangenheit versucht wurde Daten aus unkontrollierten Feldstudien zu diesem Zweck heranzuziehen. Die Heterogenität der Versuchsbedingungen bei Belastungstests in kommerziellen Herden, aber auch Behandlungen aus Gründen des Tierschutzes, machen eine unvollständige Exponierung mit dem Krankheitserreger (d. h. ein nicht voll ausgeprägtes Krankheitsbild) wahrscheinlich. Dies kann zu einer Verzerrung der Zuchtwertschätzung nach unten führen und nebenbei werden Tiere aus Herden mit einer hohen Variabilität in der phänotypischen Ausprägung der Krankheitssymptome in der Zuchtwertschätzung überrepräsentiert, sofern nicht auf diesen Effekt korrigiert wird.

Diese Studie modellierte den Krankheitsverlauf von Moderhinke bei Feinwollschafen in Neuseeland unter Zuhilfenahme einer ***Übergangsmatrix*** *(ÜM)*, um die Heterogenität zwischen unkontrollierten Belastungstests (z. B. Herdendemographie, genetische Variation der Wirtstiere, Kontamination der Weide) für die Zuchtwertschätzung aber auch die Beurteilung des Zuchtfortschritts zu standardisieren. Damit sollte es unter Berücksichtigung des natürlichen Krankheitsverlaufs möglich sein, basierend auf dem klinischen Befund zu einem bestimmten Zeitpunkt eine Vorhersage über die weitere Entwicklung des Kranheitsbildes zu treffen. Dadurch kann die Dauer solcher Tests (frühzeitige Behandlung) und damit die Beeinträchtigung des Tierwohls minimiert werden.

Tiere, Material und Methoden

In einem zentralen Nachkommenschaftstest wurde die genetisch bedingte Anfälligkeit für Moderhinke bei kommerziellen Zuchtwiddern (n = 196) aus 59 Herden untersucht. Auswahlkriterien für die Widder waren ***i) mehr als 100 getestete Nachkommen***, ***ii) Widder, die in einem vorhergegangenen Belastungstest entweder als anfällig für oder resistent gegen Moderhinke beschrieben wurden***, ***iii) Widder aus australischen Herden die in der neuseeländischen Feinwollindustrie eingesetzt werden*** und ***iv) Widder aus ungetesteten Herden, deren Einsatz wahrscheinlich zur langfristigen Generierung von Zuchtwerten für ihre Herde führen würde***. Für die Anpaarung wurde 2013 eine Kohorte kommerzieller Mutterschafe im Alter von 2–6 Jahren mit unbekanntem Stammbaum aber frei von Moderhinke als Ursprungsherde angekauft und mit Nachkommen der Anpaarungen aus 2013–2015 remontiert. Künstliche Befruchtung der Mutterschafe wurde jeweils im Mai durchgeführt und die Herde wurde an einem Ort gehalten, der als frei von Moderhinke beschrieben ist.

Abhängig von den Witterungsbedingungen (warm und feucht) wurden die kastrierten männlichen Nachkommen jeweils im Frühjahr/Sommer (nach der Schur mit etwa 12–15 Monaten) zusammen als eine Herde dem Belastungstest unterzogen (in den Jahren 2014–2018). Dazu wurden die Tiere aus der Ursprungsherde an einen Ort gebracht, von dem bekannt war, dass dort Moderhinke auftritt und an dem die Witterungsbedingungen ein Auftreten begünstigen. Zusätzlich wurden bereits von Moderhinke betroffene Tiere in die Testherde eingebracht und die Weiden beregnet, wenn die Witterung zu trocken war. Im Testjahr 2017 wurden auch weibliche Nachkommen in den Belastungstest miteinbezogen.

Sobald vermutet wurde, dass sich Moderhinke unter den Testtieren ausbreitete, wurde wöchentlich eine Zufallsstichprobe (n = 50) untersucht, um den Krankheitsverlauf festzuhalten. Nachdem die Tiere durch ein Wasserbad gelaufen waren, wurden sie auf den Rücken gedreht und jedes Bein anhand einer **sechsstufigen Skala** ***(0: sauber, 1: Mazeration, 2: Entzündung des Zwischenklauenspalts, 3: beginnende Moderhinke, 4: fortgeschrittene Moderhinke 5: chronische Moderhinke)*** bewertet. Je Belastungstest wurden die Tiere von ausschließlich einer Person beurteilt (Beobachterübereinstimmung moderat bis hoch) und der Test beendet, sobald 20–30 % der wöchentlichen Stichprobe als Kategorie 3 – beginnende Moderhinke – beurteilt wurde. Mit Wert 5 beurteilte Tiere wurden aus dem Test genommen und entsprechend behandelt. Die Nachkommen aus 2013 wurden zwei separaten Belastungstests (Mai und September 2014) mit je einer einzigen Beurteilung unterzogen, für die Nachkommen aus 2014 bis 2017 wurde je ein Belastungstest mit zwei bis drei Beurteilungen im Abstand von fünf bis 20 Tagen durchgeführt. Am Ende der Belastungstests (Dauer zwischen sechs und 20 Tagen) wurden alle betroffenen Tiere behandelt, um eine möglichst rasche Abheilung zu gewährleisten.

Die ***Übergangsmatrix P*** wurde so gestaltet, dass damit die durchschnittliche Rate eines Kategoriewechsels beurteilter Tiere dargestellt wurde. So wurde die Entwicklung von der ersten zur nachfolgenden Beurteilung erfasst und damit die Wahrscheinlichkeit, dass die ursprüngliche Kategorisierung nach einer bestimmten Zeit t in eine andere Kategorie wechselte. Die resultierende ***6 × 6-Matrix*** *(aufgrund der sechsstufigen Skala)* zeigte damit in ihrer Diagonale die Wahrscheinlichkeit für eine gleichbleibende Kategorisierung und in der Off-Diagonale jene für eine unterschiedliche Kategorisierung zwischen zwei Beurteilungszeitpunkten. Die Beurteilungszeitpunkte lagen relativ nah beieinander und aus biologischer Sicht war es nicht wahrscheinlich, dass Abweichungen der ***Kategorien ≥ 3*** ohne Behandlung abheilten. Daher wurde die ÜM P^t *(t entspricht der Testdauer in Tagen)* so vereinfacht, dass die Kategorien 3, 4 und 5 nicht in eine niedrigere Kategorie wechseln konnten. Unter der Annahme, dass es sich bei der Entwicklung von Moderhinke um einen konstanten Verlauf handelt wurde für die Versuchsjahre 2014–2017 je eine ÜM $P^{(1/t)}$ berechnet, die die Wahrscheinlichkeit eines Kategoriewechsels pro Tag wiedergibt. Außerdem wurde eine gewichtete ÜM über alle Jahre hinweg berechnet, die auf die Gesamtzahl beurteilter Klauen im Bezugszeitraum korrigiert wurde.

Zu jedem Beurteilungszeitpunkt wurden je Tier vier unabhängige Werte – Beurteilung jeder Klaue – aufgezeichnet. Für die Schätzung des Zuchtwertes wurden **vier phänotypische Merkmalsausprägungen** definiert: ***i) beginnende Moderhinke*** *(Kategorie 3) an zumindest einem Bein (binäres Merkmal: ja/nein)*, ***ii) Anzahl der Beine je Tier beurteilt als Kategorie ≥ 3***, ***iii) Durchschnittlicher Moderhinke-Wert je Tier*** *(arithmetisches Mittel über die vier Beine)* und ***iv) gewichteter durchschnittlicher Moderhinke-Wert*** *(ein Tier das an keinem Bein die Beurteilung ≥ 3 erhielt konnte dadurch keine schlechtere phänotypische Gesamtbeurteilung erzielen, als ein Tier mit einem einzigen Bein beurteilt als ≥ 3)*.

Schafe im Regen (Foto: Schenkenfelder, BOKU).

Unter Anwendung der Übergangsmatrizen wurden die Ergebnisse der ersten Beurteilung (Versuchsjahre 2014–2017) auf Ebene der Kohorte und der Klauenbeurteilung in eine Prognose für die abschließende Beurteilung überführt (entsprechend der Anzahl an Tagen zwischen den beiden tatsächlichen Beobachtungen je Belastungstest).

Ergebnisse und Diskussion

Am Ende der jeweiligen Belastungstests der Jahre 2013–2017 konnte eine relativ hohe Variabilität hinsichtlich des Anteils an von Moderhinke betroffener Tiere (***Kategorien ≥ 3;*** *25 %, 80 %, 39 %, 26 % und 57 %)* festgestellt werden, obwohl in allen Testjahren derselbe Versuchsstandort sowie ein standardisiertes Versuchsprotokoll herangezogen wurden. Ein vergleichbares Bild zeigte sich für den Anteil an Tieren mit fortgeschrittener Moderhinke (***Kategorien ≥ 4;*** *13 % bis 77 %)*, wobei der Anteil betroffener Tiere mit der Testdauer anstieg. Diese hohe Variabilität verdeutlicht die Schwierigkeit Daten aus kommerziellen Herden für die Zuchtwertschätzung heranzuziehen, da der Zuchtwert individueller Tiere durch die Inzidenz in der Testherde gestört werden kann. Daneben besteht zusätzlich das Risiko, dass ein Belastungstest in einer kommerziellen Herde exzessiv oder, durch die Behandlung betroffener Tiere noch wahrscheinlicher, ungenügend intensiv verläuft. Der Versuch einer Standardisierung der Merkmalserfassung für Moderhinke ist demnach von großer Bedeutung, da gezeigt werden konnte, dass der

Übergangsmatrix P^t

$$P^t = \begin{array}{l} \text{sauber (0)} \\ \text{Mazeration (1)} \\ \text{Infektion (2)} \\ \text{beginnend (3)} \\ \text{fortgeschritten (4)} \\ \text{chronisch (5)} \end{array} \begin{bmatrix} p(0|0) & p(0|1) & p(0|2) & p(0|3) & p(0|4) & p(0|5) \\ p(1|0) & p(1|1) & p(1|2) & p(1|3) & p(1|4) & p(1|5) \\ p(2|0) & p(2|1) & p(2|2) & p(2|3) & p(2|4) & p(2|5) \\ 0 & 0 & 0 & p(3|3) & p(3|4) & p(3|5) \\ 0 & 0 & 0 & 0 & p(4|4) & p(4|5) \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & p(0|5) \end{bmatrix}$$

Beurteilungszeitpunkt einen starken Einfluss auf die Variabilität und damit die Verteilung der Kategorien hat.

Für die Verteilung der Kategorien (Anteil Tiere je Kategorie von 0–5) wurden unter Anwendung aller Übergangsmatrizen (Jahre 2014–2017 sowie gewichtete ÜM) Vorhersagen erstellt. Dazu wurde die zum ersten Beurteilungszeitpunkt festgestellte Inzidenz um die Anzahl an Tagen zwischen erster und letzter Beurteilung des jeweiligen Belastungstests nach vorne prognostiziert. Die dadurch errechneten Inzidenzen waren, bezogen auf die dem Testjahr entsprechende ÜM, beinahe identisch mit den tatsächlich beobachteten. Bei Verwendung einer nicht dem Testjahr entsprechenden ÜM bzw. der gewichteten ÜM gab es leichte Abweichungen zwischen den errechneten und beobachteten Inzidenzen, was auf Unterschiede im Feldversuch (Witterung, Virulenz der Bakterien, tatsächliches Infektionsgeschehen zum ersten Erhebungszeitpunkt) zurückzuführen ist. Grundsätzlich kann aber festgehalten werden, dass mit den ermittelten ÜM (insbesondere auch der gewichteten ÜM) der Krankheitsverlauf von einem Ausbruch virulenter Moderhinke gut abgebildet werden konnte. Unter Zuhilfenahme der gewichteten ÜM kann somit auf spezifische ÜM verzichtet werden, was einerseits die Anzahl an Belastungstests reduzieren kann und andererseits auch eine kürzere Testdauer ermöglicht und somit insgesamt die Belastung der Tiere verringert.

Mittelwert und Standardabweichung der definierten phänotypischen Merkmale zur Zuchtwertschätzung *(beginnende Moderhinke binär, Anzahl Beine* ***Kategorie≥3****, durchschnittlicher Moderhinke-Wert und gewichteter durchschnittlicher Moderhinke-Wert)* variierten in Abhängigkeit des Beurteilungszeitpunktes. Die entsprechenden prognostizierten Mittelwerte entsprachen aber weitestgehend jenen der jeweils letzten Beurteilung bzw. lieferten auch eine vergleichbare Standardabweichung. Die Korrelationen zwischen erster und letzter Beurteilung schwankten zwischen moderat bis hoch für die phänotypischen Merkmale zur Zuchtwertschätzung und konnten wie erwartet für die prognostizierten Werte im Mittel noch leicht gesteigert werden.

Die hier erzielten Ergebnisse zeigen, dass die Prognosetechnik mittels Übergangsmatrizen zur Standardisierung zwischen Kohorten, insbesondere hinsichtlich des Einflusses des Beurteilungszeitpunktes auf die Inzidenz von Moderhinke in Belastungstests, funktioniert.

Schlussfolgerung

Mit dieser Studie konnte der Grundstein dafür gelegt werden, kommerzielle Daten zu Inzidenz und Ausprägung von Moderhinke bei Feinwollschafen in der genetischen Beurteilung von Zuchttieren miteinzubeziehen. Mit der Anwendung von Übergangsmatrizen die den biologischen Krankheitsverlauf berücksichtigen kann eine Verzerrung der Zuchtwertschätzung nach unten auf Grund einer frühzeitigen Beurteilung der Testtiere verringert und damit die Stabilität der resultierenden Zuchtwerte erhöht werden. Damit wird auch der Einfluss unterschiedlicher Krankheitsinzidenzen in der Herde auf den Zuchtwert des Einzeltieres verringert. Die Eignung der in dieser Studie erstellten Übergangsmatrizen außerhalb der Studienpopulation bedarf allerdings weiterer Validierung.

Schafbock im Stall (Foto: BOKU).

Wertschätzung des Einzeltiers? Aufklären – Umdenken – Handeln

Diana Plange[1,], Christoph Maisack[2]*

[1]*Fachtierärztin für Tierschutz und Tierschutzethik; Qualzucht-Evidenz Netzwerk (QUEN) Projektleitung, Löhe 10, 21709 Himmelpforten, Deutschland*

[2]*1. Vorsitzender der Deutschen Juristischen Gesellschaft für Tierschutzrecht (DJGT), Littenstraße 108, 10179 Berlin, Deutschland*

Vorbemerkung

In diesem Beitrag soll die immer noch kontrovers geführte Diskussion innerhalb der Tierärzteschaft über das Thema der zuchtbedingten Defekte bei landwirtschaftlich genutzten Tieren, die negativen Auswirkungen auf das Wohlergehen der Betroffenen und die Anforderungen, die sich daraus an Tierärztinnen und Tierärzte ergeben, beleuchtet werden.

Staatsziel Tierschutz

Vom Festakt des **Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft** *(BMEL)* in Berlin am 21.6.2022 zu ***„20 Jahre Tierschutz im Grundgesetz"*** sind unter anderem aus der Keynote von Prof. Dr. Dr. h.c. Anne Peters folgende Sätze in Erinnerung geblieben und wir möchten diesen Bezug zum Staatsziel Tierschutz unserem Beitrag vorangestellt wissen:

„Das Staatszielgebot des Schutzes und der Förderung des Tierwohls belässt allen in die Pflicht genommenen Institutionen einen weiten Konkretisierungsspielraum" […] „Eine zeitgemäße Auslegung von *Art 20(a) GG* im Anthropozän, also dem Zeitalter der menschengemachten Veränderung des gesamten Planeten und aller seiner Bewohner, menschliche und andere Tiere, muss letztlich das juristische Untermaßverbot[1] beachten. Zu wenig Tierschutz kann verfassungswidrig sein." *(Peters, 2022)*

Dazu äußert sich das **BMEL** an anderer Stelle wie folgt:

„Die Staatszielbestimmung Tierschutz enthält – wie Staatszielbestimmungen allgemein – eine verfassungsrechtliche Wertentscheidung, die von der Politik bei der Gesetzgebung und von den Verwaltungsbehörden und Gerichten bei der Auslegung und Anwendung des geltenden Rechts zu beachten ist." (BMEL, 2019)

Auch in unseren Nachbarländern gibt es entsprechende Werteerklärungen, wie etwa in Österreich im § 2 des Bundesverfassungsgesetzes über die Nachhaltigkeit, den Tierschutz, den umfassenden Umweltschutz, die Sicherstellung der Wasser- und Lebensmittelversorgung und die Forschung: „Die Republik Österreich (Bund, Länder und Gemeinden) bekennt sich zum Tierschutz." (B-VG, 2019) In der Schweiz wurde im Jahr 1992 eine Bestimmung in die Verfassung aufgenommen, wonach auch der Würde der Kreatur Rechnung getragen werden soll. Dabei handelt es sich um ein allgemeines Verfassungsprinzip, welches für die gesamte **Rechtsordnung** *(Rechtssetzung, Rechtsanwendung, Rechtsprechung)* Geltung beansprucht. Das fand dann auch im Jahr 2008 seinen Niederschlag in der heute gültigen Fassung des **Tierschutzgesetzes** *(TSchG)* und der dazugehörigen **Tierschutzverordnung** *(TSchV)*. Das neue Gesetz bezweckt nach *Art. 1 TSchG* neben dem Schutz des Wohlergehens der Tiere explizit auch den Schutz ihrer Würde *(Michel, 2012)*.

Die Umsetzung dieser Werteentscheidung in die Praxis ist lange überfällig – und zwar hinunter bis zu den einzelnen Entscheidungen darüber, was wir jenseits der immer noch in manchen Köpfen kursierenden Idee der uneingeschränkten Verfügungsgewalt über alle anderen Geschöpfe glauben, mit Tieren tun zu dürfen.

Zuchtbedingte Defekte bei landwirtschaftlich genutzten Tieren

An einem aktuellen Beispiel – der Diskussion über die rechtliche Zuordnung von zuchtbedingten Defekten und daraus resultierenden Folgeerkrankungen von Tieren in landwirtschaftlicher Haltung, über die daraus folgenden möglichen und notwendigen Handlungsoptionen der Tierärzteschaft soll versucht werden, zur Situation aus tierschutzethischer und tierschutzrechtlicher Sicht Stellung zu nehmen, ohne daraus eine generelle Kritik an der überaus wichtigen Arbeit der unten vorgestellten Arbeitsgruppe abzuleiten oder die Ergebnisse des erarbeiteten Positionspapiers in Frage zu stellen. Pathognomonisch für die Orientierungslosigkeit in Teilen der Tierärzteschaft ist jedoch, wie diese Ergebnisse interpretiert werden und welche Handlungsoptionen daraus abgeleitet werden, die jeden Mut und Einsatz zur konsequenten, zeitnahen Änderung der nicht hinnehmbaren Situation in der Leistungszucht vermissen lassen.

Auf Beschluss des 27. Deutschen Tierärztetages im Jahr 2015 konstituierte sich im Januar 2019 die „Ad Hoc Arbeitsgruppe Qualzucht beim Nutztier", die später umbenannt wurde in „Tierschutz in der Nutztierzucht". Die AG initiierte eine Dissertation in diesem Bereich (Bauer, 2021).

Aufbauend darauf wurde von der o.g. AG ein **Positionspapier** ***„Leistungen der Milchkühe und deren Gesundheitsrisiken"*** erstellt und schließlich nach monatelanger kontroverser Diskussion auf der Homepage der Bundestierärztekammer veröffentlicht *(Bundestierärztekammer e.V., 2022)*. Die Debatte über das Positionspapier fand nicht nur mit den Zuchtverbänden statt, sondern sogar innerhalb der Tierärzteschaft, insbesondere zu der Frage, ob die einseitige Selektion auf Milchleistung bei Milchkühen tatsächlich ursächlich für das vermehrte Auftreten von so genannten Produktionskrankheiten dieser Tiere ist. Ein Teil der Tierärzteschaft interpretierte allerdings die Zeit des monatelangen Streits um die Frage, ob die Ergebnisse überhaupt veröffentlicht werden sollten, als mangelnden Mut, sich nicht nur mit, sondern ggf. auch gegenüber den Zuchtverbänden und Agrarinstitutionen auf Seiten der Tiere zu positionieren. In der Zwischenzeit hat sich die Projektgruppe des **Qualzucht-Evidenz Netzwerkes** *(QUEN)* mit dem bereits bekannt gewordenen Inhalt des Positionspapieres, sondern auch mit weiteren Veröffentlichungen, wie auch der sogenannten **PraeRi-Studie** *(Hoedemaker, 2020)*, intensiv auseinandergesetzt.

[1] Das Untermaßverbot verpflichtet den Staat, ausreichende Maßnahmen normativer und tatsächlicher Art für einen angemessenen und wirksamen Schutz der grundrechtlich geschützten Rechtsgüter zu ergreifen. Art, Nähe und Ausmaß möglicher Gefahren bestimmen die Notwendigkeit und den Inhalt rechtlicher Regelungen, wobei eben jenes bestimmte Maß nicht unterschritten werden darf.

Weiteren Ausführungen sei vorangestellt, dass die Autorin und der Autor dieses Beitrags sich nur schwer mit dem Wortgebrauch einer das individuelle Tier ignorierenden Nomenklatur anfreunden können, diese hier jedoch zur allgemeinen Verständlichkeit benutzen.

Tierschutzprobleme in der Zucht von Milchkühen

An dieser Stelle möchten wir auf die Zusammenfassung von *Bauer et al. (2021)* Tierschutzrelevante Zuchtprobleme beim Milchvieh – Interaktion zwischen dem Zuchtziel *„Milchleistung"* und dem vermehrten Auftreten von Produktionskrankheiten im Kapitel „Aus der Bibliothek" in dieser Ausgabe verweisen. Wie auch bei zuchtbedingten Problemen anderer Tierarten ist das Wissen – wenn auch auf viele Quellen verteilt – in der Tierärzteschaft vorhanden. Wir wissen also sehr genau wo unser Handeln ansetzen muss.

Nach sorgfältiger Recherche zu den Ursachen des immensen Vollzugsdefizits im Bereich der zuchtbedingten Defekte – eben nicht nur bei Heimtieren – hat sich als Ausgründung aus dem Tierschutzausschuss der Tierärztekammer Berlin die Projektgruppe **QUEN** gebildet, die sich mit dem Aufbau und dem Betrieb einer Informationsdatenbank *(www.qualzucht-datenbank.eu)* das Ziel gesetzt hat, diejenigen Kolleginnen und Kollegen zu unterstützen, denen es nicht am nötigen Mut mangelt, sondern eher an den personellen oder zeitlichen Ressourcen für eine in der Regel sehr zeitaufwendige Recherche. Die Erfahrung aus der erst kurzen Zeitperiode seit der Veröffentlichung der Website am 1. Oktober 2021 zeigt *(durch eine datenschutzrechtlich einwandfreie Zugriffsstatistik und eine Erfassung der Anfragen aus Veterinärämtern belegbar)*, dass es genau diese Unterstützung und klarstellende Rechtsgutachten sind, die Bewegung in die festgefahrene Situation gebracht haben. Inzwischen wird die Nutzung dieser Datenbank in mehreren Bundesländern von den zuständigen Behörden, der Bundestierärztekammer, den Tierschutzbeauftragten der Länder und auch durch das BMEL empfohlen.

Rechtsgutachten zur Milchviehzucht

Über die Frage, welche Verantwortlichkeiten und Handlungsoptionen sich aus dem im Positionspapier dargelegten Sachverhalt ergeben, war und ist in der Tierärzteschaft bisher kein Konsens zu erzielen. Das war schließlich auch Anlass, zur Klarstellung des rechtlichen Rahmens, in dem wir uns bewegen, ein Rechtsgutachten zur Milchviehzucht in Auftrag zu geben *(Cirsovius, 2022)* – wie bereits zuvor zur Frage der Berücksichtigung von Zwischengenerationen bei der Umsetzung von Zuchtprogrammen *(Cirsovius, 2021)*. Dies erscheint umso wichtiger, als berücksichtigt werden muss, dass ja nicht nur Rinder von zuchtbedingten Defekten betroffen sind, die in der Folge ihr Wohlbefinden erheblich beeinträchtigen und Leiden, Schmerzen oder Schäden verursachen. Eine stichpunktartige Aufzählung dazu findet sich im 2. Teil dieses Artikels, der auflistet, welche die betroffenen Tiere sind und welche Einschränkungen, Leiden, Schmerzen und Schäden Menschen unter Missachtung des Einzeltieres bewusst billigen, um wirtschaftliche Interessen verfolgen zu können.

Folgerichtig hat die **QUEN**-Projektgruppe im Anschluss an das Gutachten unter Beteiligung externer Experten ein ***Merkblatt zur Milchkuh*** veröffentlicht *(QUEN, 2022)* und werden neben Merkblättern zu Hunden, Katzen, Tauben, Fischen usw. auch weitere Merkblätter z.B. zu Puten, Hühnern, Pferden, Wachteln, Ziervögeln, Reptilien und weiteren Tierarten folgen.

Auf der Tierschutztagung in Hannover am 1. September 2022 ließen ein Beitrag *(Heesen, 2022)* zur Situation der Milchviehzucht und eine öffentliche Distanzierung von dem oben zitierten, von der Tierärztekammer Berlin beauftragten Gutachten zur Zucht der Rasse Holstein Friesian, zusammen mit der Aussage, diese Feststellungen würden *„aus tierärztlicher Sicht"* erfolgen, die Meinungsspaltung in der Tierärzteschaft erneut hervortreten. Mit der auf dieser Veranstaltung vertretenen Meinung zeigt sich ein immer größer werdender Teil der Tierärzteschaft nicht einverstanden. Vorwürfen aus der Tierärzteschaft, dass solche Gutachten die Tierärzteschaft, Tierhalter:innen und Tierzüchter:innen kriminalisieren würden, muss mit aller Deutlichkeit entgegengetreten werden. Vielmehr erfolgt die Beauftragung von Rechtsgutachten vor dem Hintergrund unterschiedlicher Gesetzgebung in den Nachbarländern (A, CH, NL, N, GB, F), mit denen **QUEN** im Bereich von zuchtbedingten Defekten mehr oder weniger eng zusammenarbeitet, ausschließlich zur Klarstellung des rechtlichen Rahmens, in welchem wir uns in Deutschland bewegen, und soll nicht als Aufforderung verstanden werden, die Umsetzung der aufgezeigten Möglichkeiten in jedem Falle einzufordern. Auch in anderen Ländern, wie z.B. in Österreich *(Binder et al., 2021)*, sind solche Gutachten, jeweils bezogen auf deren rechtliche Normen, erstellt worden.

Es wurde in dem auf der Fachtagung vorgestellten Beitrag u.a. postuliert, dass Tierschutzaspekte in der Tierzuchtgesetzgebung weder auf europäischer noch auf nationaler Ebene eine unmittelbare Rolle spielen; dass der Gesetzgeber das züchterische Ziel, aus landwirtschaftlichen Nutztieren Lebensmittel zu gewinnen, offenbar für höherrangig erachtet als den Tierschutz; dass der tierärztliche Berufsstand keinen Einfluss auf die grundsätzliche Ausrichtung der Zucht landwirtschaftlicher Nutztiere habe und die amtliche Kontrolle der Einhaltung rechtlicher Tierzuchtbestimmungen nicht Veterinär- sondern Landwirtschaftsbehörden obliege. Das daraus gezogene Fazit, dass in Anbetracht der geltenden Tierzuchtregelungen für landwirtschaftliche Nutztiere Tierärztinnen und Tierärzte nur diejenigen sein können, die gemeinsam mit den Tierhalter:innen mit den oben geschilderten Auswirkungen der Milchtierzucht umgehen müssen und über die tierärztliche Bestandsbetreuung in Milchviehbeständen mit geeigneten tierärztlichen Mitteln Erkrankungen gezielt verhindern bzw. behandeln sollen, befremdet. Vehementer Widerspruch regt sich schließlich zu folgenden Aussagen: *„Dabei bleibt es tierärztlich bei einer symptomatischen Vorgehensweise. Genetische Ursachen gesundheitlicher Probleme von Kühen unterliegen keinem unmittelbaren tierärztlichen Einfluss."* Oder: *„Bleibt die Frage, ob über das Tierschutzgesetz Möglichkeiten bestehen, tierschutzrelevanten Auswirkungen einer leistungsorientierten Zucht landwirtschaftlicher Nutztiere gezielt entgegenwirken zu können."* Weiter wurde ausgeführt, dass die geltenden Zielsetzungen des nationalen und europäischen Tierzuchtrechts Anordnungen auf der Grundlage des ***§ 3 Nr. 1*** des ***Tierschutzgesetzes*** entgegenstünden, und wird statuiert: *„Ob hier geltendes Tierschutzrecht unmittelbar höherrangig zu bewerten ist als europarechtlich und national verankertes Tierzuchtrecht, ist trotz Staatsziel* ***Tierschutz im Grundgesetz (Art. 20a GG)*** *zumindest aus tierärztlicher Sicht zunächst zu bezweifeln. Insofern dürfte die Anwendung des* ***§ 11b Tierschutzgesetz*** *zwar zur Reglementierung einer aus dem Ruder gelaufenen*

phänotypisch ausgerichteten Heimtierzucht geeignet sein, sicherlich aber nicht hilfreich auf dem Weg zu einer tierschutzkonformen Nutztierzucht." (Heesen, 2022)

Dieser Auffassung ist zu entgegnen, dass sich auch im Europäischen Recht durchaus Regelungen zur Zucht mit Bezug auf den zu gewährenden Tierschutz finden: Nach **Anh. Nr. 20 der EU- Nutztierhaltungsrichtlinie 98/58/EG** dürfen *„natürliche oder künstliche Zuchtmethoden, die den Tieren Leiden oder Schäden zufügen oder zufügen können"*, grundsätzlich nicht angewendet werden, es sei denn, sie führen zu nur geringen oder vorübergehenden Leiden oder Verletzungen *(Europäische Kommission, 1998)*. Hiergegen verstoßen jedenfalls Nutztierzuchten, die voraussehbar zu Schmerzen, zu anhaltenden Leiden oder zu dauerhaften Schäden führen. Weiter ist dort ausgeführt: *„Tiere dürfen nur zu landwirtschaftlichen Nutzzwecken gehalten werden, wenn aufgrund ihres Genotyps oder Phänotyps berechtigter maßen davon ausgegangen werden kann, dass die Haltung ihre Gesundheit und ihr Wohlergehen nicht beeinträchtigt."*

Derzeitige Milchviehzucht verstößt gegen Tierschutzrecht

Unserer Ansicht nach ist die heute vorwiegend betriebene Art der Milchviehzucht mit der Priorisierung der Milchleistung in mehrfacher Hinsicht rechtswidrig. Dass das Tierzuchtgesetz dieser Praxis nicht entgegensteht, ändert nichts an den im Gutachten von *Prof. Cirsovius (2022)* dargestellten Verstößen gegen das Tierschutzgesetz: *„Die unter Abschn. A beschriebene Milchviehzucht ist ordnungswidrig i. S. v.* **§§ 11b Abs. 1, 18 Abs. 1 Nr. 22 TierSchG.** *Gründe, die die Rechtswidrigkeit oder Verantwortlichkeit ausschließen könnten, sind nicht ersichtlich."* Wer ein Gesetz einhält, kann dennoch andere Gesetze missachten und setzt sich deshalb Ahndungsrisiken aus. Simpel ausgedrückt: Wer z. B. alle Vorschriften des TÜV einhält, verstößt trotzdem gegen die STVO, wenn sie:er zu schnell fährt oder falsch parkt. Zu betonen ist allerdings, dass die Exekutive nur in wenigen deutschen Bundesländern gerichtlich gezwungen werden kann, gegen die geschilderten Missstände vorzugehen, und dass die Staatsanwaltschaften überlastet sind. Zusätzlich ist diese Art der Tierzucht auch unter ethischen Gesichtspunkten nicht vertretbar und das umso mehr, weil es Alternativen gibt, die zusätzlich noch bessere wirtschaftliche Ergebnisse bieten – Stichwort **„beef on dairy"** *(Albers, 2022)*.

Besorgniserregend ist der Umgang mit solch eindeutigen Aussagen des o.g. Gutachtens. So wurde von einem Teil der Tierärztinnen und Tierärzte zunächst ein Gegengutachten gefordert und als sich herausstellte, dass das Gutachten wohl juristisch nicht angreifbar ist, entschloss man sich (*Blaha, 21.09.2022* mündliche Mitteilung), das Gutachten zu ignorieren, da es *„für die Praxis irrelevant"* sei. Es gebe so lang gewachsene Verflechtungen, die nicht auflösbar seien und nur zusammen mit den Zuchtverbänden könne man eine Verbesserung erreichen. Man sei da auf einem guten Weg.

In der Anfang 2022 veröffentlichten Schrift **„Die Verwirklichung des Staatsziels Tierschutz de lege lata"** und der darin veröffentlichten Einleitung von Renate Künast wird deutlich, welcher Handlungsbedarf besteht: *„Wie wichtig aber die Aufnahme des Tierschutzes in das Grundgesetz war, zeigte sich beim Urteil des Bundesverwaltungsgerichts zum Kükentöten: „Als Belang von Verfassungsrang ist der Tierschutz im Rahmen von Abwägungsentscheidungen zu berücksichtigen und kann geeignet sein, ein Zurücksetzen anderer Belange von verfassungsrechtlichem Gewicht – wie etwa die Einschränkung von Grundrechten – zu rechtfertigen […]"*. Wenngleich das Gericht hier auch wieder mit der Aufnahme einer Übergangszeit noch eine Zeitschleife drehte, so macht es doch klar: Wirtschaftliche Interessen stehen nicht per se über dem Tierschutz." *(Bülte et al., 2022)*

In dieser Schrift sind auch Lösungsvorschläge zum Umgang mit zuchtbedingten Defekten enthalten, mit denen wir uns als Tierärztinnen und Tierärzte fachlich und unbeeinflusst von wirtschaftlichen Überlegungen, aber vielleicht auch einmal vor dem Hintergrund unseres Ethik-Kodexes auseinandersetzen sollten und müssen.

„Mit einer überarbeiteten Vorschrift für das sogenannte Qualzuchtverbot werden strenge Anforderungen an die Zucht von defektbelasteten Tieren gestellt. Unter anderem wird der Wortlaut des aktuellen **§ 11b TierSchG** *(im TierSchG-E zu finden unter § 76 TierSchG-E)* verändert, um klarer zu machen, dass Züchtungen, Verpaarungen, Vermehrungen und bio- oder gentechnische Veränderungen von Wirbeltieren bereits dann verboten sind, wenn es nach den objektiven Verhältnissen ernsthaft möglich erscheint, dass bei den veränderten Tieren selbst oder deren Nachkommen oder einem Teil der Nachkommen oder bei Nachkommen oder einem Teil der Nachkommen der folgenden Generationen erblich bedingt Körperteile oder Organe für den artgemäßen Gebrauch fehlen oder untauglich oder umgestaltet sind und hierdurch Schmerzen, Leiden oder Schäden auftreten. Das soll auch für Schmerzen, Leiden und Schäden gelten, die sich erst in höherem Lebensalter einstellen.

Mit dieser Formulierung soll klargestellt werden, dass die ex-ante-Sicht eines objektiven Beobachters maßgebend ist, der mit dem aktuellen Stand der wissenschaftlichen Erkenntnisse vertraut ist – was von einem Tierhalter, der Tiere im Sinne der Vorschrift züchtet, erwartet werden kann.

Mit der expliziten Darstellung einiger konkreter Merkmale *([…] Merkmale, die die physiologische Kompensationsfähigkeit des Stoffwechsels des Tieres überfordern wie z. B. überproportionale Bemuskelung einzelner Körperpartien, Schnellwüchsigkeit, übermäßiges Körpergewicht, übergroße Euter, übermäßige Milch- und Eierlegeleistung, übermäßige Anzahl von Zitzen sowie Störungen und Veränderungen, die Integument-Schäden oder Technopathien begünstigen)* wird bereits im Gesetz klargestellt, was unter **‚Störungen'** oder **‚Veränderungen'** im Sinne der Vorschrift fällt." *(Bülte et al., 2022)*

Ethik-Kodex der Tierärztinnen und Tierärzte Deutschlands

Der **Ethik-Kodex** *„legt in Achtung der Würde der Tiere und in Verantwortung gegenüber der Gesellschaft die Selbstverpflichtungen der Tierärztinnen und Tierärzte zum ethisch richtigen Handeln dar." (Bundestierärztekammer e. V. s. a.)* Darin verpflichten Tierärzte sich u. a.,

- mit unseren fachlichen Kenntnissen und Fähigkeiten in besonderer Weise zum Schutz und zur Sicherung der Gesundheit und des Wohlbefindens der Tiere beizutragen,
- die Interessen der Tiere gegenüber der Gesellschaft, Politik, Wirtschaft und Wissenschaft zu vertreten, Missstände aufzuzeigen und sie beseitigen zu helfen,
- unser tierärztliches Wissen dafür einzusetzen, Tiere vor Schmerzen, Schäden, Leiden und Angstzuständen zu bewahren und deren Gesundheit und Wohlbefinden zu fördern,
- alle Maßnahmen abzulehnen, durch die Tiere Leistungen erbringen sollen, die ihre physische oder psychische Anpassungsfähigkeit überfordern oder negative Konsequenzen für ihre Gesundheit und/oder ihr Wohlbefinden haben,
- jede Form von Tierzucht zu verurteilen, die zu Schmerzen, Leiden und Qualen führt oder beiträgt, und uns für die präventive Aufklärung sowie für das Erkennen und Vermeiden solcher Entwicklungen einzusetzen.

Das Deutsche Tierschutzgesetz schützt das individuelle Einzeltier, nicht Rassen oder Populationen.

Insbesondere ist es nicht möglich, an die Züchtung von Tieren, die der landwirtschaftlichen Produktion dienen, einen weniger strengen Maßstab anzulegen als in der Heimtierzucht. *(Herzog, 1997)* Für Verstöße gegen **§ 11b Abs. 1 Nr. 1** *und* **Nr. 2 lit. a bis c** gibt es keine Rechtfertigung durch einen vernünftigen Grund. Soweit einer dieser Tatbestände erfüllt ist, kann auch ein hohes menschliches oder wirtschaftliches Interesse die Züchtung bzw. die biotechnische Maßnahme nicht rechtfertigen *(vgl. Lorz/Metzger § 11b Rn. 5; zu den unterschiedlichen Normgruppen im* **TierSchG § 1 Rn. 36, 37***)*. Die einzigen Ausnahmen sind **Abs. 3** sowie die Fälle des rechtfertigenden Notstands *(§ 34 StGB, §§ 228, 904 BGB)*.

Erwartbarkeit erblich bedingter Schäden

Auch von Züchter:innen ungewollte negative Veränderungen an Organen oder Körperteilen fallen, soweit sie mit Zuchtmerkmalen im Zusammenhang stehen und mit Schmerzen, Leiden oder Schäden einhergehen, unter **§ 11b**; *(Qualzuchtgutachten S. 7; Herzog in DVG, Tierschutz und Tierzucht, S. 245)*. **Abs. 1 des § 11b** ist trotz der zahlreichen unbestimmten Rechtsbegriffe ausreichend bestimmt *(vgl. VGH Kassel RdL 2003, 277, 278)*. Das VG Berlin z. B. stellt auf eine hinreichende Wahrscheinlichkeit ab, d. h. *„dass das Auftreten eines Schadens nicht nachgewiesen werden muss, sondern dass es ausreicht, wenn ein erblich bedingter Schaden bei der Nachzucht nach züchterischen Erkenntnissen zu erwarten ist" (vgl.* **Urt. v. 23. 9. 2015, 24 K 202.14, juris Rn. 43***)*.

Der Begriff **„hinreichende Wahrscheinlichkeit"** bedeutet normalerweise dasselbe wie **„konkrete Gefahr"** *(vgl. in anderem Zusammenhang OVG Lüneburg,* **Urt. v. 17. 5. 2017, 11 KN 105/16, juris Rn. 32***: „Eine konkrete Gefahr liegt vor, wenn in dem zu beurteilenden konkreten Einzelfall in überschaubarer Zukunft mit dem Schadenseintritt hinreichend wahrscheinlich gerechnet werden kann")*.

„Vereinzelte, entgegenstehende Meinungen und Auffassungen bestimmter Züchter, Vereine oder Gutachter stehen züchterischen Erkenntnissen nicht entgegen, soweit sich aus ihnen nicht gewichtige Aspekte aufgrund neuerer Forschungen ergeben. Für die Qualifizierung einer tierschutzrechtlichen Qualzucht kommt es lediglich auf entsprechende Erfahrungen und Erkenntnisse, nicht aber auf nachgewiesene Tatsachen an." Abzustellen ist dabei auf diejenigen Tatsachen, die Züchter:innen zum Zeitpunkt der Züchtung kennen oder kennen müssen, sowie auf solche wissenschaftlichen Erkenntnisse, die zwar nicht notwendig unumstritten, aber wissenschaftlich fundiert sein müssen und die ihnen bei durchschnittlicher Sachkunde bekannt sein müssen. Ergibt sich daraus eine genetisch bedingte körperliche oder organische Veränderung, die zu Schmerzen, Leiden oder Schäden führt, als ernsthafte, naheliegende Möglichkeit *(bzw. unter Zugrundelegung von VG Berlin a. a. O. eine hinreichende Wahrscheinlichkeit)*, dann ist der Tatbestand mit der Züchtung vollendet, selbst wenn die Folgen später ausbleiben.

Das Verbot greift aber nicht nur ein, wenn mit Tieren gezüchtet wird, die selbst qualzuchtrelevante Merkmale aufweisen *(Merkmalsträger)*, sondern auch dann, wenn bekannt ist oder bekannt sein muss, dass ein zur Zucht verwendetes Tier Merkmale vererben kann, die bei den Nachkommen zu einer der nachteiligen Veränderungen führen können *(Anlageträger; insbesondere Tiere, die bereits geschädigte Nachkommen hervorgebracht haben; vgl. Binder* **§ 5 ÖTSchG** *zu Z 1)*. – Das Verbot gilt unabhängig von der subjektiven Tatseite, also unabhängig davon, ob der:die Züchter:in selbst die Möglichkeit der schädigenden Folgen erkannt hat oder hätte erkennen müssen *(Lorz/Metzger* **§ 11b***. (Hirt et al., 2016)*

Betroffene Tierarten

Welche Tiere sind betroffen und welche ihrer Einschränkungen, Leiden, Schmerzen und Schäden glauben Menschen – unter Missachtung des Einzeltieres – bewusst billigend in Kauf nehmen zu dürfen?

Vorbemerkung: Die vorliegenden wissenschaftlichen Erkenntnisse und die Forschungsschwerpunkte stehen bei den landwirtschaftlich genutzten Tieren bisher überwiegend unter fleischhygienischen Aspekten. Das bedeutet, dass maßgebliche Befunde der z. T. erheblichen Veränderungen und Schäden an Skelett, Muskeln, Bindegewebe, Hautanhangsgebilden *(Federn)* und Organen überwiegend postmortal erhoben werden. Für den Rückschluss von den am Tierkörper sichtbaren Schäden auf die Einschränkungen des Wohlbefindens, Schmerzen und Leiden, worunter auch die Einschränkung oder Verunmöglichung des Auslebens arteigener Verhaltensweisen zu subsummieren ist, braucht es jedoch auch Befunderhebungen in der vom Menschen vorgegebenen Umgebung und Beobachtungen am lebenden Tier, die wiederum nicht nur spezielle Kenntnisse bei den befunderhebenden Personen voraussetzen, sondern auch den Willen das einzelne Tier nicht als Produkt, sondern als leidensfähiges Lebewesen wahrzunehmen.

Im Vorfeld der Erstellung des vorliegenden Beitrages haben wir zu einigen ausgewählten Tierarten ausgewiesene Expertinnen und Experten aus universitären Einrichtungen und NGOs, die sich schwerpunktmäßig mit zuchtbedingten Gesundheitsproblemen in der Haltung von landwirtschaftlich genutzten Tieren befassen, befragt und gebeten, die aus ihrer Sicht betroffenen Tierarten und deren gravierendsten Probleme zu benennen.

Die für diesen Teil berücksichtigten, in Fachkreisen ohnehin bekannten Quellen sind auf Nachfrage bei der korrespondierenden Autorin des Beitrags zu erhalten.

Rinder

Genetische Korrelationen zwischen der Milchleistung und Mastitis, Ketose, Fruchtbarkeitsstörungen, frühen oder späten Embryoverlusten, kürzerer Lebensdauer, Lahmheiten sowie dem Risiko der **Negativen Energiebilanz** *(NEB)*

Puten- und Hühner-Masttiere

Myelopathien, zu großer Muskelansatz, ungleichmäßiges Wachstum von Muskel- und Bindegewebe *(Gewebeveränderungen, die sowohl zu Tierleid als auch zu schlechter Fleischqualität führen, wie z. B. White Striping, Wooden Breast, Green Muscle Disease)*, Veränderung der Anatomie mit Verlagerung des Körperschwerpunktes durch Überbetonung der Brustmuskulatur, Brusthautveränderungen, gravierende Erkrankungen des Bewegungsapparats, des Herz-Kreislauf-Systems und Verhaltensstörungen. An **tibialer Dyschondroplasie** *(TD)* leiden ab der 12.–16. Lebenswoche nahezu 100% der Tiere der schweren Puten-Linien. Masttiere werden bereits in sehr jungem Alter geschlachtet. Wird auf die frühe Schlachtung verzichtet und die Mast über die übliche Zeit hinaus verlängert, so steigen die Mortalitätsraten der kommerziell genutzten Linien steil an.

Legehennen

Hohe Legeleistung, leistungsbedingte Erkrankungen der Legeorgane, Osteoporose, Verhaltensstörungen wie Federpicken und Kannibalismus, kurze Nutzungsdauer, hohe Mortalitätsrate. Verschärfung der Probleme durch geplante Verlängerung der Legeperiode von z. B. 300 auf 500 Tage.

Puten- und Hühner-Elterntiere

Elterntiere werden entgegen ihrem genetisch definierten Wachstumspotential sehr restriktiv gefüttert, weil sie anderenfalls in kurzer Zeit verfetten und infolge Übergewichts versterben würden *(Vergleichsuntersuchungen zeigen, dass Elterntiere bei Fütterung ad libitum wegen der raschen Gewichtszunahme im Lebensalter von 40–49 Wochen eine Mortalitätsrate von 40% aufweisen)*. Die Folgen restriktiver Fütterung sind chronisches Hungergefühl, starkes Konkurrenzverhalten zu den Fütterungszeiten, verbunden mit gegenseitigen Aggressionen und Verletzungen, Verhaltensweisen, die starke Frustration anzeigen, u. a. vermehrtes Trinken, vermehrtes Picken an nicht fressbaren Objekten, zielloses Umherlaufen, Stereotypien sowie Feder- und Leerlaufpicken. *„Inakzeptable Wohlbefindensprobleme" (EFSA, 2004)*

Schweine

Themen beim Schwein sind die übergroßen Würfe *(die Anzahl der Zitzen oft übersteigende Wurfzahlen)* und die Arthrosen aufgrund des schnellen, übermäßigen Wachstums; Herz-Kreislauf-Probleme und Beinschäden, insbesondere Gelenkerkrankungen; kurze Nutzungsdauer (1,5–2,5 Jahre). ***Vgl. auch OVG Magdeburg B. v. 16. 4. 2015, 3 M 517/14, juris Rn. 15: Verstoß gg. § 11b*** für denkbar gehalten, wenn systematisch Schweinerassen gezüchtet werden, die weitaus mehr Ferkel je Wurf produzieren als die jeweilige Anzahl der Zitzen.

Kaninchen (Zucht und Mast)

Obwohl Kaninchen zahlenmäßig global die Spezies sind, die in der dritthöchsten Individuenzahl zur Fleischproduktion gezüchtet werden, befassen sich die meisten Studien nur mit der *„Leistung"* der Tiere, ohne die damit ggf. verbundenen Einschränkungen des Wohlbefindens der Tiere zu berücksichtigen. Mit hoher Wurf- u. Milchleistung der Zuchttiere sind ähnliche Energiedefizitprobleme verbunden wie beim Rind.

Fische

In der Betrachtung häufig vergessen werden die Fische. Nach Einschätzung von **Fair Fish** *(pers. Mitteilung von Billo Heinzpeter Studer vom 02.09.2022)* stellt bei zunehmender Zahl der Zuchtgenerationen einer Fischart die Selektion nach erwünschten Eigenschaften ein Problem dar. Bei verschiedenen Fischarten in Aquakultur sind Deformationen durch Zucht und Zuchtbedingungen ein Problem. Missbildungen, die – im Gegensatz zu Krankheiten – in der Regel irreversibel sind, betreffen die Wirbelsäulen, das Maul, den Kopf, die Kiemendeckel, die Schwimmblasen, das Seitenlinienorgan oder die Flossen, wie sie u. a. unter dem Kriterium 9 ***„Malformations"*** in den Kurzprofilen der **FishEthoBase** von **Fair Fish** zu finden sind. Hier ein Beispiel:

- **Wolfsbarsch**: *https://fishethobase.net/db/14/farm/shortprofile*

Fazit

Nicht nur, aber ganz besonders auch vor dem Hintergrund einer verfassungsrechtlichen Werteentscheidung, wie sie die Staatszielbestimmung Tierschutz vorgibt und die sich nicht nur an eine anonyme Gruppe Anderer, sondern letztlich auch an die für die Umsetzung tierschutzrechtlicher Bestimmungen verantwortlichen Vollzugsbehörden richtet, erscheinen die heutigen genetisch fixierten Zuchtziele für viele Tierarten weder unter ethischen noch unter rechtlichen Gesichtspunkten vertretbar.

Wenn nicht wir Tierärztinnen und Tierärzte uns konkret und konsequent mit allen uns zur Verfügung stehenden Mitteln und in allen Positionen, in welchen wir die Gelegenheit dazu haben, gegen solche Zuchtpraktiken wenden, verlassen wir das ehemals in unserer Berufsordnung verankerte „in dubio pro animale" und die damit bisher noch in der Öffentlichkeit verknüpfte Rolle der Tierärzteschaft als Schützerin der Tiere.

Literaturverzeichnis

Albers D, 2022. Änderung der TierschutztransportVO – Welche Probleme ergeben sich daraus für Milchviehhalter, Kälberhandel und Mastbetriebe? Vortrag bei der 42. Fachtagung *„Aktuelle Probleme des Tierschutzes"*, Hannover, 1. September 2022

Bauer A, 2021. Tierschutzrelevante Zuchtprobleme beim Milchvieh – Interaktion zwischen dem Zuchtziel *„Milchleistung"* und dem vermehrten Auftreten von Produktionskrankheiten, ein systematischer Review. Dissertation. *http://dx.doi.org/10.17169/refubium-31361*.

Bauer A, Martens H, Thöne-Reineke C, 2021. Tierschutzrelevante Zuchtprobleme beim Milchvieh – Interaktion zwischen dem Zuchtziel „Milchleistung" und dem vermehrten Auftreten von Produktionskrankheiten. *Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift* 134: 1–9. *https://doi.org/10.2376/1439-0299-2021-5*.

Binder R, Winkelmayer R, Chvala-Mannsberger S, 2021. Das Verbot der Qualzucht aus tierschutzrechtlicher, kynologisch-veterinärmedizinischer und ethischer Perspektive. In: *Tier- und Artenschutz in Recht und Praxis* Jg. 2021 (5): 155–210. *https://doi.org/10.35011/tirup/2021-13*.

BMEL (Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft), 2019. Stellung des Tierschutzes im Grundgesetz. *https://www.bmel.de/DE/themen/tiere/tierschutz/staatsziel-tierschutz.html* abgerufen am 11.9.2022

Bülte J, Felde B, Maisack C, 2022. Reform des Tierschutzrechts – Die Verwirklichung des Staatsziels Tierschutz de lege lata. Nomos-Verlag, Baden-Baden, ISBN 978-3-7489-2847-8

Bundestierärztekammer e. V., 2022. Leistungen der Milchkühe und deren Gesundheitsrisiken. *www.bundestieraerztekammer.de/tieraerzte/stellungnahmen/2022/03/Leistungen_Milchkuhe_2022.pdf* abgerufen am 11.9.2022

Bundestierärztekammer e. V., s. a.: Ethik-Kodex der Tierärztinnen und Tierärzte Deutschlands. *https://www.bundestieraerztekammer.de/btk/ethik/* abgerufen am 11.9.2022

B-VG (Bundesverfassungsgesetz), 2019. Bundesverfassungsgesetz über die Nachhaltigkeit, den Tierschutz, den umfassenden Umweltschutz, die Sicherstellung der Wasser- und Lebensmittelversorgung und die Forschung. *https://www.ris.bka.gv.at/GeltendeFassung.wxe?Abfrage=Bundesnormen&Gesetzesnummer=20008504* abgerufen am 11.9.2022

Cirsovius T, 2021. Sind tierschutzwidrige Maßnahmen i. S. v. § 11b Abs. 1 TierSchG legal, wenn bezweckt ist, nach mehreren Zuchtgenerationen ungeschädigte, schmerz- und leidensfrei lebensfähige Nachkommen zu erzielen? *Rechtsgutachten, erstellt im Auftrag der Tierärztekammer Berlin. https://www.tieraerztekammer-berlin.de/images/qualzucht/Gutachten_zu__11b_TierSchG_Cirsovius.pdf* abgerufen am 11.9.2022

Cirsovius T, 2022. Tierschutzrechtliche Vorgaben im Zusammenhang mit der Milchviehzucht. Rechtsgutachten, erstellt im Auftrag der Tierärztekammer Berlin, Stand: 07.04.2022 *https://djgt.de/wp-content/uploads/2022/06/22_04_07_Cirsovius_Gutachten-Milchviehzucht.pdf*

EFSA, 2004. Opinion of the Scientific Panel on Animal Health and Welfare (AHAW) on a request from the Commission related to welfare aspects of the main systems of stunning and killing the main commercial species of animals. *The EFSA Journal* 2 (7): 1–29, *https://doi.org/10.2903/j.efsa.2004.45*

Europäische Kommission, 1998. Richtlinie 98/58/EG des Rates vom 20. Juli 1998 über den Schutz landwirtschaftlicher Nutztiere. *https://eur-lex.europa.eu/legal-content/DE/TXT/PDF/?uri=CELEX:31998L0058&from=EN* abgerufen am 11.9.2022

Heesen S, 2022. Qualzucht beim Nutztier – Aktuelles aus der Ad-hoc-AG Tierschutz in der Nutztierzucht der BTK. *Vortrag bei der 42. Fachtagung „Aktuelle Probleme des Tierschutzes"*, Hannover, 1. Sept. 2022

Hellwig E G, 2022. Wenn Leistung zur Last wird, das Dilemma der Milchkuh, ein Plädoyer für Milchkühe. Buchbesprechung zu: *Martens, H., 2022:* Das Dilemma der Milchkuh – wenn die Leistung zur Last wird – ein Plädoyer für eine nachhaltige Milchviehhaltung. *https://www.guetsel.de/content/35187/6878227.html*

Herzog A, 1997. Abschließende Betrachtung zum Thema Tierschutz und Tierzucht. In: *DVG, Tierschutz und Tierzucht*, Nürtingen 1997, S. 245.

Hirt A, Maisack C, Moritz J, 2016. *Tierschutzgesetz*, Kommentar. 3. Aufl. Verlag Franz Vahlen, München.

Hoedemaker M, 2020. Abschlussbericht: Tiergesundheit, Hygiene und Biosicherheit in deutschen Milchkuhbetrieben – eine Prävalenzstudie (PraeRi). *https://www.vetmed.fu-berlin.de/news/_ressourcen/Abschlussbericht_PraeRi.pdf* abgerufen am 11.9.2022

Lortz A, Metzger E, 2019. *Tierschutzgesetz*, Kommentar C.H.BECK. ISBN 978-3-406-67997-1

Martens H, 2022. Das Dilemma der Milchkuh – wenn die Leistung zur Last wird – ein Plädoyer für eine nachhaltige Milchviehhaltung. Berlin, Hrsg.: *Agrar- und Veterinär-Akademie (AVA)*, Steinfurt

Michel M, 2012. Tierschutzgesetzgebung im Rechtsvergleich: Konzepte und Entwicklungstendenzen. In: *Michel, M. et al.: Animal Law – Tier und Recht: Developments and perspectives in the 21st century – Entwicklungen und Perspektiven im 21. Jahrhundert.* Zürich/Berlin: Dike/BWV, 594–624.

Peters A, 2022. Staatsziel Tierschutz – Rechtsauftrag und Verantwortung Deutschlands in der Europäischen Union. Keynote von Prof. Dr. Dr. h.c. Anne Peters, LL.M. (Harvard) in: *20 Jahre Staatsziel Tierschutz – Festakt des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft* in Berlin am 21.6.2022, *https://papers.ssrn.com/sol3/papers.cfm?abstract_id=4147271*

QUEN (Qualzucht-Evidenz Netzwerk), 2022. Merkblatt Rind Rasse Holstein Friesian (HF). *https://qualzucht-datenbank.eu/2022/07/09/merkblatt-rind-rasse-holstein-friesian/* abgerufen am 11.9.2022

Editieren für mehr Tierwohl? Ethische Überlegungen zu Genomeditierung

Christian Dürnberger[1,], Herwig Grimm[1]*

[1]*Messerli Forschungsinstitut, Ethik der Mensch-Tier-Beziehung, Veterinärmedizinische Universität Wien, Österreich*

**Korrespondierender Autor: christian.duernberger@vetmeduni.ac.at*

Highlights

- Eine Online-Studie befragte Forscher:innen nach ihrer Beurteilung von **Genomeditierung** in der Veterinärmedizin
- Die neuen Techniken sind aus Sicht der Befragten schneller, präziser und effizienter
- Mögliche **Best-Case-Szenarien** fokussieren auf ein Ausmerzen von Erbkrankheiten, verbesserte Krankheitsresistenzen, neue Therapien und tierfreundlichere Alternativen zu invasiven Eingriffen
- Mögliche **Worst-Case-Szenarien** fokussieren auf eine weitere Produktivitätssteigerung ohne Berücksichtigung der Bedürfnisse der Tiere

Eine Revolution?

So genannte ***Genomeditierung-Verfahren*** *(GEV)* wie ***CRISPR/Cas*** sind dabei, bestimmte Teilbereiche der Veterinärmedizin zu revolutionieren – so das Versprechen der Befürworter:innen bzw. die Befürchtung der Kritiker:innen. GEV ermöglichen es, DNA gezielt zu durchschneiden und sie genau an dieser Stelle zu verändern. Derart werden einzelne DNA-Bausteine umgeschrieben oder „editiert". Was aber bedeutet dies für die Veterinärmedizin und für die Zucht? Und wie sind diese neuen Verfahren ethisch zu beurteilen? Zu diesen Fragen gab die ***„Eidgenössischen Ethikkommission für die Biotechnologie im Ausserhumanbereich"*** *(EKAH)* im Sommer 2019 ein Gutachten in Auftrag. Selektive Ergebnisse zu Fragen der Nutztierzucht dieses Gutachtens, das unter dem Titel „Genome Editing und Gentherapie in der Veterinärmedizin" erschien und auf der Website der EKAH zum Download bereitsteht, werden im Folgenden vorgestellt *(vgl. Grimm und Dürnberger, 2021).*

Der Einsatz von GEV bei Tieren ist ein extrem junges Forschungsfeld. Entsprechend fehlt es nicht nur an eingehender ethischer Literatur, sondern auch weitgehend an einer gesellschaftlichen Debatte. Vor diesem Hintergrund führten die Autoren des Gutachtens eine Online-Studie durch, die Forscher:innen adressierte, die sich mit GEV im Bereich der Mensch-Tier-Beziehung beschäftigen: Wo sehen die beteiligten Wissenschaftler:innen Potenziale und Risiken? Welche Szenarien halten sie für moralisch wünschenswert? Welche lehnen sie ab? Die Studie hatte dabei explizit einen qualitativen, explorativen Charakter. Ziel war es also nicht, repräsentative Aussagen darüber zu gewinnen, wie die Forscher:innen über die neuen Verfahren denken; Ziel war es auch nicht, eine ethische Beurteilung der neuen Techniken auf Basis ihrer Einschätzung zu generieren; vielmehr ging es darum, das Themenfeld grundsätzlich auszuleuchten. In einem ersten Schritt wurden dreißig Forscher:innen im deutschsprachigen Raum zur Teilnahme an der Online-Umfrage mit Fokus auf offene Fragestellungen eingeladen, dreizehn kamen dieser Einladung nach. Alle Teilnehmenden waren zum Zeitpunkt der Erhebung an veterinärmedizinischen Universitäten tätig.

Insofern Veterinärmedizin in unterschiedlichen Kontexten mit divergierender moralischer Infrastruktur stattfindet, unterschied das Gutachten spezifische Anwendungen in fünf Bereichen, nämlich: in der Klinik, in der Nutztierhaltung, im Labor, bei Wildtieren wie auch bei Tieren als Krankheitsüberträger (sog. Vektoren). In all diesen Kontexten können GEV zukünftig verstärkt einen Einsatz finden. Der vorliegende Artikel fokussiert auf den Bereich der Nutztierzucht.

Die Teilnehmenden der Online-Studie wurden u. a. gefragt, welche Szenarien rund um GEV sie in dem Kontext der Nutztierhaltung als moralisch wünschenswert beurteilen – und welche nicht. Was sind also ihrer Einschätzung nach ***„Best-Case-Szenarien"***? Und wodurch zeichnen sich ***„Worst-Case-Szenarien"*** aus? Die Antworten werden im Folgenden zu idealtypischen Szenarien verdichtet. Aufgelistet werden alle Szenarien, die in der Erhebung angesprochen wurden. Dies bedeutet, dass nicht jede:r Teilnehmer:in einem Szenario als ***„Best-Case"*** notwendigerweise zustimmen würde. Alle Zitate sind im Folgenden als Zitate eines Teilnehmers oder einer Teilnehmerin zu verstehen.[1]

Mögliche Best-Case-Szenarien

Best-Case-Szenario A: Die neuen Verfahren ermöglichen ein Ausmerzen von Erbkrankheiten und Gendefekten bei Nutztieren. Moralisch wünschenswert ist beispielsweise die *„Korrektur von Erbfehlern"* durch den Einsatz von GEV. Die nahe liegende und praktikabelste Anwendung für Genomeditierung bei Nutztieren, so ein Experte, *„ist die Entfernung von konkreten Gendefekten und insbesondere Letalallelen bei hochwertigen Zuchttieren."*

Best-Case-Szenario B: Die neuen Verfahren ermöglichen verbesserte Krankheitsresistenzen bei Nutztieren. Dies würde zu einer Reduktion des Medikamenteneinsatzes sowie der Zoonosengefahr führen. Wünschenswert ist es, so eine Expertin, *„schneller verbesserte Leistungsparameter wie Infektions-Resistenz (Antibiotika-Alternativen)"* zu realisieren. Die *„Verbesserung der Widerstandsfähigkeit gegen wirtschaftlich bedeutsame Infektionskrankheiten könnte mit Hilfe von Genomeditierung wesentlich schneller erreicht werden als durch herkömmliche Züchtungsverfahren."* Als Beispiel werden ***„PRSSV*** *(Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome Virus) resistente Schweine"* genannt. Ein Teilnehmer skizziert ein Best-Case-Szenario in diesem Kontext mit den Worten: Ziel ist die *„Erzeugung eines transgenen Nutztiers das gegen eine endemische (insbesondere virale) Infektionserkrankung resistent ist. Es gibt z. B. Fälle, wo Resistenzen in nah verwandten Wildtierarten vorhanden sind, die in Nutztierarten fehlen. Hier könnte eine Übertragung des Resistenzgens nach intensiver Prüfung auf* ***‹genetische Kollateralschäden›*** *im Zielorganismus eine Lösung darstellen…"* Ein Erfolg in dieser grundsätzlichen Zielsetzung verringert potenziell den Einsatz von Medikamenten, insbesondere von Antibiotika: *„Bei erfolgreicher Anwendung würden Tier- und Leistungsausfälle verhindert und der Einsatz von Medikamenten reduziert. Im Fokus stehen dabei spezielle Eigenschaften der Tiere, um den Einsatz von Antibiotika in der Produktion tierischer Produkte drastisch zu reduzieren."* Bei der weiteren Nennung eines konkreten Anwendungsfeldes wird von einer Expertin ebenso darauf verwiesen, dass derartige Resistenzen auch zu einer Reduktion des Zoonoserisikos führen: Ein Best-Case-Szenario wären demnach *„Hühner, die resistent gegen eine Influenzainfektion sind. Dies hätte gewaltige Auswirkungen auf die Geflügelproduktion und würde gleichzeitig die Zoonosegefahr massiv senken."*

Best-Case-Szenario C: Die neuen Verfahren ermöglichen neue Therapien von Nutztieren. Eine beispielhafte Antwort lautet: *„Die neuen Verfahren bieten viele Chancen, neue Therapien für bisher unheilbare Krankheiten von Nutztieren zu entwickeln."*

Best-Case-Szenario D: Die neuen Verfahren fördern eine nachhaltigere Nahrungsmittelproduktion. GEV, so ein Teilnehmer, können zu einer *„Steigerung der Ressourceneffizienz"* in der Nahrungsmittelproduktion beitragen, beispielsweise bei der *„Futterverwertung, Emissionen, sofern das keine nachteiligen Folgen für die Tiere hat."* Diese *„Steigerung der Ressourceneffizienz"* kann sowohl ökonomisch wie auch ökologisch interpretiert werden.

Best-Case-Szenario E: GEV fördern den Output der Nahrungsmittelproduktion, so schrieb eine Expertin beispielhaft, dass die neuen Verfahren zu einer *„Erhöhung der Wirtschaftlichkeit bei der Tierproduktion durch leistungsfähigere Tiere"* beitragen können. Diese Zielsetzung wird jedoch durchaus auch kritisch gesehen, wie die Worst-Case-Szenarien zeigen werden.

Best-Case-Szenario F: Die neuen Verfahren ermöglichen tierfreundlichere Alternativen zu invasiven Eingriffen bei Nutztieren. Die neuen Techniken können beispielsweise dazu beitragen, hornlose Rinder zu züchten, wodurch der invasive Eingriff der Enthornung nicht mehr notwendig ist.

Best-Case-Szenario G: Die neuen Verfahren ermöglichen Xenotransplantat-Herstellung für den Menschen. Schließlich findet sich unter den Antworten ein Best-Case-Szenario, das dem Begriff *„Nutztier"* eine andere Dimension gibt und welches man auch im Kontext der *„Versuchstiere"* subsumieren könnte: Manche Teilnehmenden sehen in der *„Verwendung von Tieren (…) für Xenotransplantat-Herstellung für den Menschen"* ein Best-Case-Szenario. Wünschenswert wäre demnach die *„Humanisierung von Tieren, um Organe und anderes biologisches Material für die Humanmedizin bereitzustellen (Xenotransplantation)."*

Mögliche Worst-Case-Szenarien

Worst-Case-Szenario A: Die neuen Verfahren fördern einen (noch stärkeren) Fokus auf Wirtschaftlichkeit und Leistung in der Zucht bei gleichzeitiger Ausblendung anderer Aspekte wie Tiergesundheit und Tierwohl. Ein Experte schrieb hierzu: *„Klassische Zuchtverfahren haben Nutztiere mit extremen Leistungen hervorgebracht, die jedoch oftmals durch eine reduzierte Fitness der Tiere begleitet werden. Der einseitige Einsatz von Genome Editing zu weiteren Leistungssteigerung könnte das physiologische Gleichgewicht der betroffenen Organismen weiter negativ beeinflussen, was dann wiederum durch kurative Maßnahmen aufgefangen werden muss. Ein solcher Einsatz der neuen Techniken muss sehr kritisch betrachtet werden."* Moralisch zu verurteilen, so eine Teilnehmerin, ist der Einsatz der neuen Verfahren für eine *„Generierung von Extremvarianten, die unter dem Primat ökonomischer Optimierung Belastungen oder Leiden von Nutztieren erhöhen."* Weitere ähnliche Antworten lauteten: *„Es sind viele ‹bad case› Szenarien denkbar: Gene Editing mit dem Ziel, aus rein ökonomischer Sicht relevante Merkmale (z. B. höhere Leistungen), die dazu beitragen, die Tiere weiter aus ihrem physiologischen oder anatomischen Gleichgewicht zu bringen."* Kritisiert wurde die *„Veränderung von Nutztieren in Richtung Wachstums- und Produktivitätsverbesserung, ohne Berücksichtigung der Bedürfnisse der Tiere in Haltung, etc. … (Welfare)."* Eine Expertin argumentierte: *„Genome Editing zur Leistungssteigerung zu verwenden, um die Produktivität bei Nutztieren über das Maß der genetischen Selektion hinaus zu steigern, würde ich ablehnen. Bereits durch Selektion im Lauf der letzten Jahrzehnte ist die Leistung vieler Nutztiere auf ein Niveau gestiegen, das in vielen Bereichen zu Tierschutzproblemen führt. Hier können viele Beispiele genannt werden, wie Frohwüchsigkeit, die zu Beinproblemen führt, Anzahl Ferkel pro Wurf, die zur Nutzung von Ammensauen führt, Milchleistung bei Kühen, etc. Diese Leistungen durch Genome Editing Verfahren weiter zu steigern, ist aus ethischen Gründen abzulehnen."* Ein Teilnehmer machte hierbei einen Punkt explizit, der für ihn von entscheidender Bedeutung ist: Er lehnt die Anpassung der Tiere an die Produktionsbedingungen ab, jedoch nur und insofern dieser Prozess eine Belastung für die Tiere darstellt. Implizit taucht hier der Gedanke von ***„diminished animals"*** auf. Abzulehnen sind seines Erachtens demnach *„Genome Editing Modifikationen, welche Nutztiere noch besser an die Produktionsbedingungen anpassen, wenn das gleichzeitig mit einer Belastung für die Tiere verbunden ist. (Ich finde es akzeptabel, Tiere zu erzeugen, die besser an die Produktion angepasst sind und gleichzeitig weniger leiden als ihre nicht genomeditierten Artgenossen. Ich fände es z. B. moralisch akzeptabel, weniger intelligente und weniger schmerzempfindliche Schweine für die Fleischproduktion zu erzeugen.)"*

Worst-Case-Szenario B: Die neuen Verfahren werden in der Nahrungsmittelproduktion eingesetzt, ohne die Auswirkungen auf Nahrung und Umwelt umfassend untersucht zu haben. Der Einsatz der neuen Verfahren, so eine Antwort, *„für die Nutztierproduktion/Nahrungsmittelproduktion [ist] diskussionswürdig, solange deren Einfluss auf die Nahrung und Umwelt nicht umfassend untersucht und als unbedenklich beurteilt wurde."*

[1] Die Zitate sind anonymisiert. Diese Anonymisierung nimmt auch Einfluss auf die Sprache, so wird im Folgenden manchmal von *„Expertin"* und *„Teilnehmerin"*, manchmal von „Experte" und „Teilnehmer" gesprochen, und zwar unabhängig vom angegebenen Geschlecht der Teilnehmenden. Diese Lösung soll den Lesefluss vereinfachen, die Anonymität gewährleisten und zugleich einer gendersensibilisierten Sprache gerecht werden.

Es geht nicht um die Technik

Die teilnehmenden Forscher:innen beurteilten die zur Diskussion stehenden Verfahren grundsätzlich positiv *(wiederholend: Dies soll nicht als eine repräsentative Aussage missverstanden werden. Auch ist dieses Ergebnis wenig überraschend: Die Befragten würden wohl kaum mit GEV arbeiten, wenn sie davon ausgingen, dass es sich um eine moralisch verwerfliche Praxis handelte.)* In der Begründung ihrer positiven Beurteilung (die sich nicht allein auf den Kontext der Nutztierhaltung zu beziehen hatte) beschrieben sie die neuen Techniken vor allem als schneller, präziser und effizienter als die bisherigen Verfahren. In einer Antwort hieß es exemplarisch: *„Die genetischen Veränderungen selbst waren schon früher herzustellen, jedoch mit erheblich größerem Aufwand…"*. Auch haben die neuen Techniken *„großes Potenzial für neue Therapiemethoden, die stärker auf die Behandlung von Krankheitsursachen statt der Symptome fokussiert sind."* Wenn *„diese neuen Technologien gezielt und richtig eingesetzt werden, können sie sicher dazu beitragen, dass das Verständnis von Krankheiten und Neoplasien[2] deutlich verbessert wird und somit auch neue Therapien ermöglichen."* So machen die neuen Verfahren beispielsweise ***„transiente[3] Therapiemaßnahmen möglich"*** oder können ***„besonders im Bereich der Nutztiere eine gute Alternative zum Einsatz antimikrobieller Wirkstoffe sein."***

In ethischer Perspektive impliziert der wiederkehrende Vergleich mit bisherigen Verfahren, dass es aus Sicht der Teilnehmenden nicht um eine Beurteilung der Techniken an sich gehen sollte, sondern um eine Bewertung konkreter Anwendungen und deren Konsequenzen. Moralisch relevant sind demnach aus Sicht der Expertinnen und Experten vor allem Antworten auf die Fragen ***„Welches Ziel wird angestrebt?"*** und ***„Wie wirkt sich das Verfahren im Besonderen auf die involvierten Tiere aus?"***, und nicht, welche Technik zum Einsatz kommt.

Die ethische Beurteilung aus Sicht der Befragten könnte demnach als grundsätzlich positiv zusammengefasst werden, denn: GEV bringen aus ihrer Perspektive das Potenzial mit sich, Tieren Leid und Krankheiten zu ersparen. Lehnt man GEV nicht grundsätzlich ab, dann spricht vieles dafür, sie für therapeutische Zwecke an Tieren einzusetzen, um auf diesem Wege zum tierlichen Wohlergehen und der Gesundheit von Tieren beizutragen. (Die Frage, inwieweit ein solcher Einsatz im Kontext der Nutztierhaltung praktikabel und dabei vor allem finanzierbar ist, wurde in verschiedenen Antworten thematisiert, kann hier jedoch nur erwähnt werden).

Zugleich zeigen sich in den Antworten gerade mit Blick auf die Rolle des Tierwohls in der Zucht durchaus Ambivalenzen des Technikeinsatzes, wie sie vor allem bei den Antworten rund um Worst-Case-Szenario A explizit wurden. Im Besonderen stellt sich die Frage, inwieweit die neuen Verfahren zur Stabilisierung einer Dynamik beitragen, die man salopp als zunehmende Instrumentalisierung beschreiben könnte. Es geht bei der Frage nach dem Einsatz dieser neuen Techniken demnach nicht nur um das konkrete Tier im Stall, sondern – gerade mit Blick auf die Zucht – auch um die grundsätzliche Frage, welche Arten von Mensch-Tier-Beziehung wir für legitim und verantwortbar halten. Zugespitzt: Es lassen sich potenziell Tiere züchten, bei denen spezifische, produktionsbedingte Krankheiten nicht mehr vorkommen würden; damit aber wäre das zugrundeliegende Problem einer potenziell überfordernden Anpassung der Tiere an die Produktionsbedingungen nicht notwendigerweise aus der Welt geschafft. In anderen Worten: ***Sind GEV „bloß" so etwas wie ein „technological fix" rund um Tierwohl-Probleme, die sich jedoch genau aus einer Tendenz entwickelt haben, die mit den neuen Techniken grundsätzlich sogar noch forciert wird? Oder ist es vermessen, hier von „bloß" zu sprechen?*** Immerhin macht es für die betroffenen Tiere und ihr subjektives Erleben einen relevanten Unterschied, inwieweit sie Leid und Schmerz empfinden. ***Ist demnach ein „technological fix" alles, was wir realistisch erreichen können? Oder gälte es an einer grundsätzlichen Neugestaltung der Mensch-Tier-Beziehung zu arbeiten?***

Neues Licht auf bestehende Dynamiken

Mit Blick auf Probleme und Risiken stellt sich der zusammenfassende Eindruck ein: Die neuen Verfahren bringen – alltagssprachlich formuliert – aus Sicht der Teilnehmenden nicht unbedingt *„viel Neues"* in die schon stattfindenden Debatten ein, sehr wohl aber fungieren sie als Katalysator. Entwicklungen, die bereits jetzt schon kritisiert werden, könnten durch die Möglichkeiten der neuen Techniken an Rasanz zulegen. Wie so oft gilt: Innovationen werfen neues Licht auf bestehende Dynamiken.

Wie eingangs erwähnt, fehlt es bislang an einer gesellschaftlichen Debatte, die den Zielvorstellungen einer partizipativen Technikentwicklung gerecht wird: Wünschenswert wäre gerade in diesem frühen Stadium, dass möglichst viele Stakeholder und Perspektiven Gehör finden. Hierfür erscheint es möglich wie empfehlenswert, die Antworten der Teilnehmenden zu den Best- und Worst-Case-Szenarien zu verdichteten Fallbeispielen weiterzuentwickeln. Derartige Fallbeispiele könnten das bislang noch weitgehend abstrakte Thema für *„Laien"* greifbarer machen und ein idealer Ausgangspunkt für partizipative Modelle sein, also für Instrumente und Verfahren, die nicht nur Experten und Expertinnen, sondern auch die Öffentlichkeit an der Diskussion über Technik und ihre gesellschaftliche Integration explizit einbinden.

Interessierte finden das gesamte Gutachten als kostenlosen Download auf der Website der ***EKAH*** *(www.ekah.admin.ch)* unter der Rubrik *„Externe Gutachten/Beiträge zur Ethik und Biotechnologie"*.

Literaturverzeichnis

Grimm H, Dürnberger C, 2021. Genome Editing und Gentherapie in der Veterinärmedizin. Ein ethisches Gutachten. *Eidgenössische Ethikkommission für die Biotechnologie im Ausserhumanbereich*. Herausgegeben von der EKAH und Ariane Willemsen, Bern, Schweiz. ***Online abrufbar auf der Website:*** www.ekah.admin.ch.

[2] Unter einer Neoplasie versteht man eine (gut- oder bösartige) Neubildung von Körpergewebe.
[3] vorübergehend, kurzdauernd

Vorstellung eines IGN-Mitglieds

Dr. Barbara Felde,
Vorstandsmitglied der IGN,
Richterin am Verwaltungsgericht

Stellvertretende Vorsitzende der Deutschen Juristischen Gesellschaft für Tierschutzrecht e. V., Littenstraße 108, 10179 Berlin

b.felde@djgt.de

Womit beschäftigen Sie sich derzeit am meisten?

Aktuell beschäftige ich mich mit den umstrittenen Tiertransporten in Staaten außerhalb der Europäischen Union, die es seit vielen Jahrzehnten gibt und die aufgrund der extrem langen Transportwege und der Behandlungsmethoden der Tiere in diesen Ländern unter Juristinnen und Juristen bzw. Tierärzten und Tierärztinnen sehr umstritten sind.

Was brachte Sie zu Ihrem Tätigkeitsgebiet?

Zum Tierschutz brachten mich die Bilder von Manfred Karremann von Tiertransporten im Jahr 1992, die in der Pferdezeitschrift WENDY mit einem Bericht über Tiertransporte in Drittstaaten veröffentlicht wurden. Außerdem hatte ich als Kind das örtliche Tierheim quasi vor der Türe – 10 Fahrradminuten. Da ich als Kind immer einen Hund haben wollte, dies aber in unserer Mietwohnung nicht möglich war, ging ich mit Tierheimhunden Tag für Tag spazieren und kam auch so mit der Tierschutzarbeit in Berührung. Und zu guter Letzt kam dann auch noch ein Rundbrief des örtlichen Tierschutzvereins in meinen Briefkasten geflattert, in dem postuliert wurde: Wir brauchen mehr Juristinnen und Juristen, die sich für die Tiere einsetzen. Dieser Brief führte dazu, dass ich mich für ein Jurastudium eingeschrieben habe.

Wer war Ihr:Ihre wichtigste:r Mentor:in und warum?

Mein wichtigster Mentor war und ist bis heute Christoph Maisack, der Erste Vorsitzende der Deutschen Juristischen Gesellschaft für Tierschutzrecht und Mitherausgeber des juristischen Kommentars zum Tierschutzgesetz. Er weiß nicht nur allumfassend zum Tierschutzrecht Bescheid, sondern kann juristische Wertungen und Bewertungen sehr klar und einleuchtend herleiten und darstellen.

Welches war Ihr bisher prägendstes Erlebnis für Ihre Arbeit?

Mein bislang prägendstes Erlebnis im Tierschutzrecht war die Sichtung von Undercover-Videoaufnahmen, die in einem Kaninchenzuchtbetrieb in Süddeutschland aufgenommen worden waren. Die Videoaufnahmen zeigten, dass dort arbeitende Personen kranke Kaninchen auf eine verbotene Art und Weise töteten – nämlich indem sie sie an den Hinterbeinen auf den Boden schleuderten, oft noch nachtraten oder die Kaninchen, die nicht tot waren, zappelnd liegen und verenden ließen. Außerdem zeigten die Aufnahmen die im Jahr 2022 immer noch durch die Tierschutz-Nutztierhaltungsverordnung legitimierte Art und Weise der Kaninchenhaltung: Kleine Käfige mit Drahtgitterböden, in denen die Kaninchen ängstlich und verletzt übereinander in der Ecke hocken. Dass die deutschen Gesetze und Verordnungen, die alle den Namen „Tierschutz" tragen, dies erlauben, zeigte mir sehr prägend, wie schlecht die deutsche Tierschutz-Rechtsetzung ist, wenn das rein wirtschaftliche Interesse, Tiere auszubeuten, dadurch eingeschränkt werden könnte.

Welchen Rat würden Sie einem:einer jungen Kollegen:Kollegin geben?

Gib niemals auf! Gerade im Tierschutzrecht wird man oft gebremst und es wird versucht, mit vermeintlich nachvollziehbaren Argumenten das zu rechtfertigen, was man selbst ändern will. Bei näherer Betrachtung dieser Argumente kann man aber sehr schnell erkennen, dass die Argumente – meist der Wirtschaft – vorgeschoben und nicht tragfähig sind.

Woraus beziehen Sie die Motivation für Ihre Arbeit?

Ich versuche ein wenig wieder gut zu machen, was andere Menschen Tieren antun. Das kann ich natürlich nur zu einem so kleinen Teil, dass es quasi ein Nichts ist. Aber ich habe das Gefühl, es werden immer mehr Menschen, die ein „weiter so" – gerade in der Haltung und Behandlung sogenannter Nutztiere – nicht mehr unterstützen wollen und können. Das hilft mir. Des Weiteren versuche ich, einzelnen Tieren ein gutes Leben zu ermöglichen. Natürlich kann ich nicht alle Tiere retten oder gar die ganze Welt – aber ich rette die ganze Welt für dieses eine Tier. Und das gibt mir Kraft, weiterzumachen.

Was war Ihr bisher wichtigster Beitrag in Ihrem Tätigkeitsgebiet (oder Ihr wichtigstes Paper)?

Mein wichtigster Beitrag war wohl das Gutachten, welches ich im Jahr 2021 zusammen mit zwei Kollegen für Renate Künast bzw. die Bundestagsfraktion Bündnis 90/Die Grünen geschrieben habe. Es umfasst einen Vorschlag für ein Tierschutzgesetz mit 149 Paragrafen, mit deren Anwendung ein wirksamer Tierschutz möglich wäre. Das aktuell geltende Tierschutzrecht ist veraltet, lückenhaft und enthält zu viele Ausnahmen, die nichts mit Tierschutz zu tun haben, sondern die die wirtschaftliche (Aus)-Nutzung von Tieren fördern und eine tierquälerische Haltung vieler Tiere weiterhin erlauben. In unserem Gutachten haben wir uns u. a. Forderungen des Tierschutzes der letzten 20 Jahre angesehen und viele Verbesserungs- und Ergänzungsvorschläge zusammengesammelt, die es z. T. schon lange gibt, und diese in unserem Vorschlag für ein neues Tierschutzgesetz verarbeitet.

Welches ist aus Ihrer Sicht die derzeit wichtigste Frage in Ihrem Tätigkeitsgebiet?

Wie kann man das Tierschutzrecht durchsetzen und jahrzehntelange Rechtsbrüche wirksam beenden?

Welche gegenwärtigen Entwicklungen finden Sie gut/schlecht?

Die gegenwärtigen Bestrebungen des Handels (z. B. ALDI) zur Haltungsänderung der Tiere finde ich gut. Die relativ weitreichenden Vorgaben der ALDI-Haltungskennzeichnung sind ein Schritt in die richtige Richtung. Damit zeigt der Handel, dass er auf die Wünsche der Gesellschaft eingeht, tierische Produkte nicht mehr aus tierquälerischer Haltung einkaufen zu wollen. Ein Schritt, den die Politik bis heute nicht in der Lage war, zu gehen und hinter dem auch die aktuellen Bestrebungen des Bundeslandwirtschaftsministers Cem Özdemir weit hinterherhinken.

Was fällt Ihnen zur IGN ein?

Eine Mitgliedschaft in der IGN war immer ein erstrebenswerter Meilenstein für mich. Die wissenschaftliche Befassung damit, wie es sogenannten Nutztieren besser gehen kann, ist eine wichtige Tätigkeit, in die ich mich immer einbringen wollte. Da man nicht einfach einen Mitgliedsantrag ausfüllen kann, sondern nur auf Vorschlag eines Mitglieds in den Verein aufgenommen wird, musste ich warten, bis ich vorgeschlagen wurde und mich offiziell bewerben durfte. Ich bin sehr froh, Teil dieses Kreises sein zu dürfen und mich als Juristin einbringen zu können.

Im Tierschutzrecht finden oft interpretationsbedürftige Termini (z. B. verhaltensgerecht, artgemäß, vermeidbare Leiden oder Schäden) Anwendung. Sind diese Begriffe aus Ihrer Sicht ausreichend (definiert) oder gibt es hier noch Forschungs- bzw. Handlungsbedarf, um den Schutz landwirtschaftlicher Nutztiere durch Gesetze zu konkretisieren?

Juristinnen und Juristen mögen es, wenn alles so genau wie möglich definiert und beschrieben ist. Was definitiv im Tierschutzgesetz fehlt, ist der Begriff der Angst. Angst können auch Tiere – und natürlich auch sogenannte Nutztiere – empfinden. Bislang wird die Angst unter den Begriff „Leiden" gefasst. Aus Klarstellungsgründen müsste auch der Begriff „Angst" ausdrücklich im Tierschutzgesetz festgeschrieben werden, als vierter Begriff neben „Schmerzen, Leiden und Schäden". Das Problem ist meines Erachtens aber nicht etwa eine fehlende ausdrückliche Konkretisierung dieser Begriffe, sondern der Drang der Juristen und Juristinnen, einen „Beweis" zu brauchen dafür, dass ein Tier Schmerzen hat oder leidet. Denn dass Tiere Schmerzen empfinden und leiden können, ist mittlerweile auch schon bis zu den Juristinnen und Juristen vorgedrungen. Dass Tiere aber nicht vor Gericht auftreten und vortragen können, dass ihnen etwas wehgetan hat oder sie gelitten haben, hindert viele Juristen und Juristinnen noch daran, das Ergebnis festzuhalten: Dieses Tier hat Schmerzen gehabt und gelitten. Wollte man aber darauf warten, so können Tiere niemals durch das Tierschutzgesetz ausreichend geschützt werden, weil spätestens der:die Richter:in keinen „Beweis" dafür hat, dass das Tier Schmerzen gehabt hat. Weil das Tier nicht sprechen kann. Und noch schwerer wird es für Juristinnen und Juristen, wenn sie:er den Straftatbestand des § 17 TierSchG subsumieren, also auf den Einzelfall anwenden muss. Dieser verlangt in Nummer 2 b) nämlich, dass einem Wirbeltier „länger anhaltende" oder „sich wiederholende", „erhebliche" Schmerzen oder Leiden zugefügt werden. Spätestens hier verlässt viele Richter:innen der Mut, zu sagen, dass dieses Tier erhebliche Schmerzen erlitten hat. Denn wenn diese:r noch nicht einmal einen „Beweis" dafür findet, dass ein Tier Schmerzen hatte, wie soll der:die Richter:in dann begründen, dass diese Schmerzen auch erheblich waren? Es drängt sich der Verdacht auf, dass es vielfach einfacher ist, zu sagen, dass es ja im Nachhinein keiner wissen kann, ob das Tier wirklich Schmerzen hatte. Dann folgt oft ein Freispruch für den:die Täter:in, gegen den jedenfalls das gequälte Tier nichts tun kann.

Was würden Sie im Tierschutzgesetz bzw. dessen Implementierung bezüglich der Zucht landwirtschaftlicher Nutztiere ergänzen wollen?

Ein explizites Verbot der Zucht auf „wirtschaftliche" Merkmale, die bei den Tieren erhebliches Leid hervorrufen, wie z. B. extreme Gewichtszunahme, (noch) höhere Milchleistung oder bestimmte Merkmale wie z. B. extrem große Brustmuskel bei Mastgeflügel. Dem folgend müssten natürlich auch ein Erwerbsverbot solcher qualgezüchteter Tiere aus dem Ausland und ein Haltungsverbot normiert werden.

Wir möchten uns herzlich bei Dr. Barbara Felde für das Interview bedanken.

NOTIZEN

INTERNATIONALE GESELLSCHAFT FÜR NUTZTIERHALTUNG

Impressum

Informationsbroschüre der IGN e.V. über aktuelle Ergebnisse aus der Forschung zum Wohlbefinden der Tiere.

Redaktion

Dr. Josef Schenkenfelder
E-mail: josef.schenkenfelder@boku.ac.at

Herausgeber

Internationale Gesellschaft für Nutztierhaltung (IGN)

Geschäftsstelle

Veterinärwissenschaftliches Department
Lehrstuhl für Tierschutz, Verhaltenskunde,
Tierhygiene und Tierhaltung
Tierärztliche Fakultät
Ludwig-Maximilians-Universität München
Veterinärstr. 13/Gebäude R
D-80539 München

Telefon +49 (0) 89 2180 78300
Telefax +49 (0) 89 2180 78333

© Internationale Gesellschaft für Nutztierhaltung (IGN),
München, Deutschland
Alle Rechte vorbehalten
Nachdruck – auch auszugsweise – nur mit Genehmigung
des Herausgebers

Internetadresse: www.ign-nutztierhaltung.ch

ISBN 978-3-9525478-3-0

9 783952 547830 >

Fotos Titelseite: © 1 Schenkenfelder, BOKU; 2 Kottik, BOKU; 3 BOKU