

## **Züchterische Möglichkeiten zur Reduktion von Methanemissionen beim Rind**

SVEN KÖNIG<sup>1</sup>, LENA FEHMER<sup>1</sup> und KATHARINA MAY<sup>1</sup>

### **Zusammenfassung**

Obwohl der Nutztierhaltung ein nur untergeordneter Beitrag zu den globalen Treibhausgasemissionen zugesprochen werden kann, sollten auch hier Optimierungsansätze unter Berücksichtigung züchterischer Mittel evaluiert werden. Der vorliegende Beitrag fokussiert in diesem Kontext auf die Reduktion von Methanemissionen bei Rindern. Naheliegende und vernünftigste Strategie um die Methanemissionen je kg Milch zu mindern ist eine leistungsorientierte Zucht verbunden mit guter Fruchtbarkeit und Langlebigkeit der dafür geeigneten Hochleistungsrassen, mit dem Ziel der Verkürzung von unproduktiven Phasen, in denen auch Methan emittiert wird. Messungen individueller Methanemissionen von Wiederkäuern unter Praxisbedingungen sind mittels Laser-Methan-Detektoren oder mittels in Melkrobotern installierter Sniffer-Technologie möglich. Heritabilitäten für engmaschig erfasste Sniffer-Methan-Emissionen lagen im Bereich von 0,10 bis 0,30 und erlauben in Kombination mit täglichen Kuhgewichten und energiekorrigierter Milchmenge eine sehr genaue Schätzung von Bullenzuchtwerten für Futteraufnahme. Spektraldatenanalysen der Milch können in den Prozess der routinemäßigen Milchleistungsprüfung integriert werden. Daraus abgeleitete Fettsäureprofile sind wertvolle Indikatoren zur Optimierung der Futtereffizienz mit weniger Energieverlusten durch Methanproduktion und geben zeitnahe Hinweise auf etwaige Umweltstressoren wie klimatische Belastungen. Im vorliegenden Beitrag wird aber auch deutlich, dass züchterische Strategien zur Beeinflussung der Methanproduktion genetische und genomische Analysen des Pansenmikrobioms implizieren, und dass diesbezügliche Studien zu Wirt-Mikrobiom-Interaktionen notwendig sind. Ein finaler Aspekt adressiert Weiterentwicklungen zu Genotyp-Umwelt-Interaktionen unter Berücksichtigung einer detaillierten Beschreibung der Schadgasemissionen im Stall. Es konnte gezeigt werden, dass robuste Bullen stabile hohe genomische Zuchtwerte für Gesundheitsmerkmale, unbeeinflusst von den NH<sub>3</sub>, CH<sub>4</sub>, CO<sub>2</sub> oder N<sub>2</sub>O Konzentrationen in der Stallluft, aufwiesen. An derartige Ansätze sollten zukünftige innovative Selektionsstrategien anknüpfen.

**Schlüsselwörter:** Treibhausgasemissionen, Milchrinder, Zucht

### **Summary**

#### **Breeding possibilities for reduced methane emissions**

Animal production has a minor effect on global greenhouse gas emissions. Nevertheless, it is imperative to evaluate all possibilities in this regard, including breeding aspects. This

---

<sup>1</sup> Institut für Tierzucht und Haustiergenetik, Justus-Liebig-Universität Gießen;  
E-Mail: sven.koenig@agrar.uni-giessen.de

manuscript focusses on breeding strategies and methane emissions in cattle. A logical and most efficient strategy to reduce methane emissions per kg milk addresses production efficiency in high yielding breeds, including shorter unproductive periods due to increased longevity and improved female fertility. Individual methane emissions in ruminants under field conditions can be recorded using laser methane detectors or via sniffer technology installed in automatic milking systems. Heritabilities for methane emissions based on dense longitudinal sniffer data ranged from 0.10 to 0.30. The combination of sniffer methane data with daily body weights and energy corrected milk enabled very accurate sire breeding values for feed intake. Milk spectral data analyses can be incorporated in the logistics of routine milk recording schemes. Derived fatty acid profiles are valuable indicators for the optimisation of feed efficiency through lower methane energy losses, and are early predictors for environmental stressors including climatic challenges. Most efficient and sustainable breeding strategies on methane emissions imply consideration of genetic and genomic characterisations of the rumen microbiome and ongoing host  $\times$  microbiome interaction analyses. A final aspect addresses enhanced studies on genotype by environment interactions, considering environmental gas emissions recorded inside the cow barn. In such context, we identified robust bulls, displaying favourable and stable genomic breeding values for health traits along the continuous environmental scale for  $\text{NH}_3$ ,  $\text{CH}_4$ ,  $\text{CO}_2$  or  $\text{N}_2\text{O}$  gas concentrations. Hence, improved breeding on robustness can be achieved based on conventional trait recording, but studying trait responses in dependency of environmental alterations.

**Keywords:** Greenhouse gas emissions, dairy cattle, breeding

## 1 Einleitung

Zuchtziele in der Milchrinderzucht haben sich in den vergangenen 20 Jahren massiv geändert. Während bis ca. 2010 bei der Zuchtzieldefinition die Betriebsökonomie im Fokus stand, so sind es heutzutage zunehmend auch gesellschaftliche Wünsche und politische Vorgaben, die die Zuchtrichtung determinieren (BOICHARD und BROCHARD, 2012). Somit wird zunehmend auch die Reduktion von Emissionen in der Nutztierhaltung mittels züchterischer Strategien thematisiert. Zweifelsohne hat auch die Landwirtschaft inklusive der Nutztierhaltung ihren Beitrag an den Treibhausgasemissionen, wobei aber der Anteil mit 7% an den gesamten deutschen Treibhausgasemissionen von 907 Mio. t  $\text{CO}_2$  - Äquivalenten eher gering ausfällt im Gegensatz zu den Beiträgen aus Industrie, Verkehr oder privaten Haushalten. Bezogen einzig auf Methanemissionen wird der Anteil der Landwirtschaft mit 60% deutlicher. Davon entfallen etwa 77% auf die Verdauungsprozesse der Rinder und 19% auf die Lagerung und Zersetzung von Wirtschaftsdüngern gemäß den Statistiken des Umweltbundesamtes, wie sie in Berichten des DEUTSCHEN BAUERNVERBANDES (2020) dargestellt sind. Bei Wiederkäuern entsteht Methan im Pansen im Zuge des Abbaus von Kohlenhydraten (Zellulose, Stärke) durch die Aktivität von Mikroorganismen. Als Methanbildner oder Methanogene werden Mikroorganismen bezeichnet, bei deren Energiestoffwechsel Methan gebildet wird. Nach heutigem Kenntnisstand gehören alle Methanbildner zu den Archaeen. Neben den schädlichen Umweltwirkungen ist der Verlust an aufgenommener Futterenergie von bis zu 12% durch Methanproduktion im Pansen ein unerwünschter Nebeneffekt der Methanogenese (BRADE und WIMMERS, 2016). Ansätze zur Reduktion der Methanemissionen adressieren insbesondere die Fütterung, indirekte Wirkungen über den Wirt (Milchkuh) wie eine Verkürzung unproduktiver Lebensabschnitte, sowie indirekte und direkte züchterische Möglichkeiten. Die indirekten züchterischen Möglichkeiten adressieren hierbei den Wirt

mit der Messung des CH<sub>4</sub>-Ruktus und der CH<sub>4</sub>-Respiration, während direkte Zuchtstrategien auf die Beeinflussung des Mikrobioms inklusive der für die Methanproduktion im Pansen verantwortlichen Methanogene (Archaeen) fokussieren.

Weiter tragen die individuellen Methanemissionen zur Schadgasakkumulation im Kuhstall bei, mit möglichen Auswirkungen auf insbesondere funktionale Merkmale der Tiergesundheit oder des Tierwohlbefindens. Klassische Ansätze zu Genotyp-Umwelt-Interaktionen berücksichtigen meist diskrete Umwelten wie Regionen oder Produktionssystemklassifizierungen (u.a. KÖNIG et al., 2005). Weiterführende Ansätze mittels Random Regression oder Reaktionsnormmodellen adressierten kontinuierliche klassische Umweltfaktoren wie Temperatur und Luftfeuchte von offiziellen Wetterstationen (BRÜGEMANN et al., 2011). Die zukünftige methodische Vorgehensweise zum Studium etwaiger Genotyp-Umwelt-Interaktionen sollte aber sein, genetische Mechanismen in Abhängigkeit von spezifischen Stallcharakteristika zu evaluieren. Dazu gehört auch die Analyse zu möglichen Genotyp-Stallemissions-Interaktionen, da Emissionen von Schadgasen im Stall nun mit modernster Messtechnik in verschiedenen Stallbereichen engmaschig erfasst werden können. Auswirkungen hierzu auf rein phänotypischer Ebene zu Zellzahldifferenzierungen in der Milch in Abhängigkeit von Stallumwelten konnten kürzlich WAGNER et al. (2022) nachweisen.

Ziel des vorliegenden Beitrags ist die Evaluierung der gegenwärtigen Möglichkeiten zur Reduktion von Methanemissionen bei Milchrindern aus züchterischer Perspektive. In diesem Kontext werden die Herausforderungen der Datenerfassung, genetische und genomische Analysen sowie zuchtplanerische Ansätze adressiert. In einem zweiten Abschnitt werden aktuelle Studien zu etwaigen Genotyp-Schadgasemissions-Interaktionen vorgestellt inklusive genomweiter Assoziationsstudien mit zusätzlicher Modellierung von SNP-Interaktionseffekten.

## 2 Konventionelle Zuchtmerkmale in Bezug zur Methanreduktion

Auch wenn es die Gesellschaft heutzutage teilweise anders sieht: Tierproduktion ist dazu da, um hochwertige Lebensmittel in ausreichender Menge zu produzieren. Es gibt genügend Beispiele weltweit, wo diese Selbstverständlichkeit der sichergestellten Versorgung mit Grundnahrungsmitteln nicht gegeben ist und überzogene Forderungen zu mehr Tierwohl und Aspekte der Umweltverträglichkeit kaum eine Rolle spielen. Deshalb müssen züchterische Strategien zur Reduktion von Emissionen immer im Kontext einer notwendigen oder gegebenen Produktionsmenge gesehen werden. Somit ist es falsch, Methanemissionen auf das Einzeltier zu beziehen, sondern es muss der Bezug zur jeweiligen Produkteinheit hergestellt werden (z.B. je kg Milch). In einem Vergleich der Emissionen je kg Produkt (Ammoniak, Methan, Lachgas oder auch CO<sub>2</sub>) über Spezies hinweg sind somit produktive und leistungsstarke Nutztiere wie Milchrinder, Legehennen oder Mastschweine deutlich besser rangiert als extensiv gehaltene Fleischrinder, Schafe oder Ziegen (JONES, 2009). Vor diesem Hintergrund der geringen Produktivität, insbesondere im Bezug zur Umweltwirkung plus einer nicht konkurrenzfähigen Produktqualität sowohl bei Rindern (SCHULZ et al., 2021) als auch bei Schweinen (BIERMANN et al., 2015), sollten auch die Fördermaßnahmen von lokalen Rassen kritisch gesehen werden und der Leistungs- und Qualitätsgedanke bei züchterischen Aktivitäten stärker anerkannt oder auch honoriert werden. Es ist daher eine naheliegende Strategie zur Reduktion von CH<sub>4</sub> je kg Milch, leistungsstarke Milchkühe zu züchten, so wie von FLACHOWSKY und BRADE (2007) gezeigt wurde. Entsprechend konnten WALL et al. (2010) in einem langfristig angelegten Selektionsexperiment nachweisen, dass die Selektionslinie für Milchmenge deutlich geringere CH<sub>4</sub> - Emissionen je kg Milch aufwies als die Kontrollgruppe und wei-

tere positive Effekte durch eine kraftfutterbetonte Fütterung realisiert wurden. In diesem Kontext der leistungsorientierten Betrachtungsweise gehört natürlich auch die nachhaltige Verbesserung von insbesondere funktionalen Merkmalen der Langlebigkeit und der weiblichen Fruchtbarkeit, um die Phasen der aktiven Milchproduktion zu verlängern und unproduktive Phasen wie späte Erstkalbealter oder lange Trockenstehzeiten zu verkürzen (KÖNIG et al., 2013). Allerdings ist davon auszugehen, dass es auch bei gleichbleibender Milchmenge genetische Unterschiede für Methanemissionen zwischen den Tieren gibt. Auch für auf Milchmenge korrigierte Methanemissionen lagen die genetischen Korrelationen mit Testtagsergebnissen für Produktionsmerkmale durchweg über 0,80 (YIN et al., 2015), was die Vorteile einer leistungsorientierten Zucht unter Berücksichtigung insbesondere der Fruchtbarkeit und Nutzungsdauer unterstreicht.

### 3 Merkmalerfassung und genetische Parameter für Methanemissionen des Wirtes

Die meisten züchterischen Ansätze zur Reduktion von Methanemissionen basieren auf Datenerfassungen zu Methanemissionen der Kuh. Jedoch ist dies auch eine indirekte züchterische Strategie, da das Mikrobiom des Pansens, insbesondere die genomische Architektur der Methanogene (Archaeen), die  $\text{CH}_4$  Produktion determiniert. Dennoch kann man hier auch wieder argumentieren, dass die Genetik der Kuh auf die Diversität des Pansenmikrobioms einwirkt und somit entsprechende Wirt-Mikrobiom-Interaktionen zu erwarten sind (MARTÍNEZ-ÁLVARO et al., 2020). Allerdings implizieren funktionierende tierzüchterische Maßnahmen immer die Merkmalerfassung an einer hinreichend großen Stichprobe, was für die Charakterisierung des Pansenmikrobioms sowohl aus logistischen als auch finanziellen Gründen überaus schwierig ist.

Die beste Datenqualität zur Erfassung von individuellen Methanemissionen versprechen Messungen in Respirationsskammern. Allerdings gilt auch hier, dass der logistische Aufwand immens ist und daher nur wenige Tiere geprüft werden können und für sichere Zuchtwertschätzverfahren die Anzahl der Vergleichstiere zu gering ist. Weiter ist zu bedenken, dass die Respirationsskammer eine für die Kuh abnormale Umwelt ist und Veränderungen des Tierverhaltens zu Veränderungen im Fressverhalten und somit Änderungen in den Methanemissionen führen (JAEGER et al., 2019). Auch SWALVE (2021) hat kürzlich davon berichtet, dass die Methanmessergebnisse in den Respirationsskammern extrem verzerrt sein können, wenn Futterumstellungen Veränderungen in der Futteraufnahme und im Fressverhalten implizieren. Ähnlich argumentieren GARNSWORTHY et al. (2019) im Rahmen ihrer Evaluierung zu den verschiedenen, sich im Einsatz befindlichen Methanmesstechniken.

In Forschungsarbeiten wurden in den letzten Jahren unter Praxisbedingungen individuelle Methanemissionen mittels Laser-Methan-Detektoren (LMD) erfasst. CHAGUNDA et al. (2009) und SORG et al. (2017) konnten sehr hohe Korrelationen von über 0,93 zwischen LMD- $\text{CH}_4$  und  $\text{CH}_4$  Messungen in der Respirationsskammer nachweisen. Allerdings erfordern auch die Methanmessungen mittels LMD eine standardisierte Vorgehensweise bzgl. der Messintervalle, der räumlichen Distanz zwischen LMD und Kuh, der Tageszeit der Messung oder auch Korrekturen auf weitere Umwelteffekte im Stall wie Temperatur oder Windgeschwindigkeit (FEHMER et al., 2021). Die nächste Herausforderung betrifft die Datenaufbereitung. Der LMD liefert engmaschige Longitudinaldaten mit zwei Messwerten pro Sekunde und somit bei einer Messdauer von 3 Minuten gut 360 Methanwerte je Kuh und Messung. Im nächsten Schritt gilt es, unter Berücksichtigung von u.a. physiologischen Zusammenhängen, Ausreißerelementierung und Differentialrechnung umweltbedingte  $\text{CH}_4$  - Konzentrationen von den individuellen  $\text{CH}_4$  - Emissionen zu trennen und

die individuellen  $\text{CH}_4$  – Emissionen dem Ruktus oder der Respiration zuzuordnen. Entsprechende Protokolle hierzu finden sich bei RICCI et al. (2014) und bei REINTKE et al. (2020). Eine Illustration mit Erklärungen zur  $\text{CH}_4$  – Datenstruktur und den kreierten  $\text{CH}_4$  – Merkmalen nach Eliminierung der umweltbedingten  $\text{CH}_4$  – Konzentrationen für eine Kuh eines eigenen aktuellen Forschungsvorhabens (FEHMER et al., 2021) zeigt Abbildung 1.

Somit ergeben sich für die weiteren genetischen Analysen die folgenden  $\text{CH}_4$  – Merkmale:  $\text{CH}_4$  der Respiration als Summe der Messung (RESPSUM) und als Durchschnittswert der Messung (RESPMEAN),  $\text{CH}_4$  des Ruktus als Summe der Messung (RUCSUM) und als Durchschnittswert der Messung (RUCMEAN) sowie Methan generell ohne weitere Differenzierung als Summe (CH4SUM) und Durchschnittswert (CH4MEAN). Die im Wiederholbarkeitsmodell (Effekte: Kuh, Betrieb, Messzeitpunkt, Stallklima, Laktationsnummer, Laktationsstadium) auf Basis von 7286 Messungen von 2103 verschiedenen HF und DSN Kühen geschätzten Erblichkeiten lagen im niedrigen Bereich in der Spannbreite von 0,021 für CH4MEAN bis 0,054 für RUCSUM. MÜHLBACH et al. (2018) schätzten deutlich höhere Heritabilitäten für LMD Messungen auf der Basis von Durchschnittswerten (gemittelte Werte für die wiederholten LMD Messungen innerhalb Kuh). Auch wenn dadurch die Problematik hoher Autokorrelationen bei wiederholten Messungen vermindert sind, impliziert diese Vorgehensweise eine schwierigere Korrektur auf spezifisch wirkende Umwelteffekte. Die genetischen Korrelationen zwischen den einzelnen  $\text{CH}_4$  –

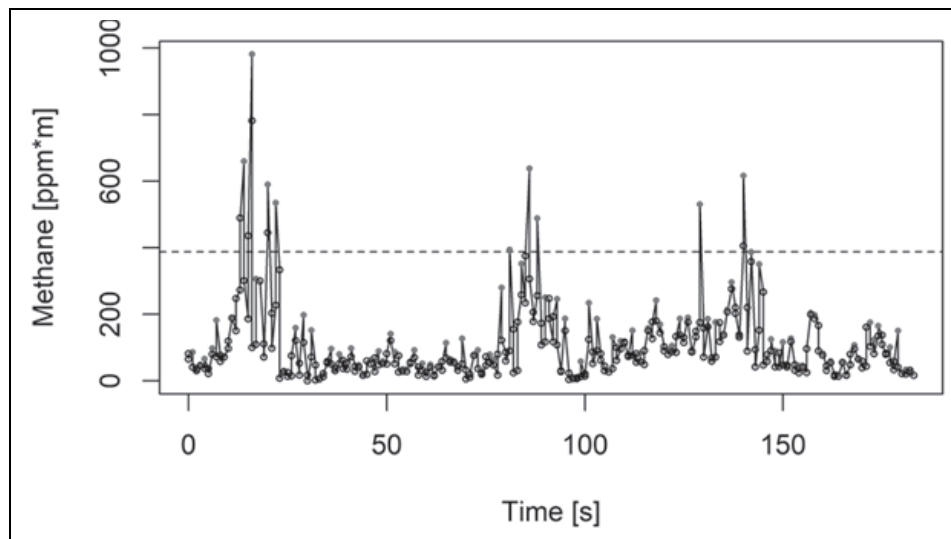


Abb. 1. Illustration der Methandatenstruktur auf Basis der Erfassung eines mobilen Laser Methan Detektors für eine Kuh über den Zeitraum von drei Minuten: Lokale Maxima oberhalb der gestrichelten Linie sind Methanemission des Ruktus, lokale Maxima unterhalb der gestrichelten Linie sind Methanemissionen der Respiration.

*Illustration of the data structure for methane emissions recorded via mobile laser methane detector for one cow during a period of three minutes: Local maxima above the dotted line indicate methane emissions from the eructation, local maxima below the dotted line indicate methane emissions from the respiration.*

Merkmale lagen durchweg über 0,80, aber trotz der recht vielen Messungen noch mit beträchtlichen Standardfehlern über 0,15. Offene Fragen betreffen insbesondere die genetischen Korrelationen zwischen Methanmerkmalen und Merkmalen der Tiergesundheit, der Fruchtbarkeit und des Exterieurs. Hierzu gibt es in der Literatur recht heterogene Ergebnisse. In den eigenen Untersuchungen (FEHMER et al., 2021) lagen die genetischen Korrelationen zwischen Methanmerkmalen und Indikatoren der Tiergesundheit wie der somatischen Zellzahl nahe Null. Was auffiel waren moderat positive genetische Korrelationen zwischen der Höhe der Methanemissionen und Intervallmerkmalen der weiblichen Fruchtbarkeit wie Rastzeit oder Zwischenkalbezeit im Bereich von 0,17 bis 0,27. Somit scheint eine genetisch fundierte belastende Stoffwechsellage mit hoher Methanproduktion unerwünschte Auswirkungen auf die Zyklusaktivität nach der Kalbung zu haben.

Die eigens geschätzten recht niedrigen Heritabilitäten für LMD Methanmessungen reflektieren die Schätzwerte im Übersichtsartikel von LASSEN and DIFFORD (2020) im Bereich von 0,01 bis 0,15 bei Rindern oder bei REINTKE et al. (2020) von  $< 0,02$  bei Schafen. Ursache hierfür könnten auch durch unterschiedliche Messpersonen verursachte Varianzen sein. Sicherlich können diesbezüglich die genetisch-statistischen Modellierungen weiter optimiert werden. Es scheint wohl so zu sein, dass standardisierte Umweltbedingungen wie Methanmessungen in der Respirationskammer zu höheren Erblichkeiten bis nahezu 0,30 beitragen (u.a. DONOGHUE et al., 2016). Eine Zwischenstellung bezüglich der Datenqualität scheinen engmaschige Methanmessungen auf Basis sogenannter Sniffer-Technologie zu sein. Sniffer können in automatischen Melksystemen installiert werden und somit wird bei jeder Melkung gleichzeitig der Methanausstoß während des gesamten Melkvorgangs erfasst. Heritabilitäten für longitudinale  $\text{CH}_4$  Messungen mittels Sniffer lagen meist im Bereich um 0,20 (u.a. LASSEN and LOVENDAHL, 2016).

#### 4 Genetische und genomische Studien zum Pansenmikrobiom

Das Zusammenspiel zwischen Wirt und Pansenmikrobiom ist komplex und neben der Fütterung durch genetische Faktoren sowohl des Wirtes als auch des Mikrobioms determiniert. Wirtsindividuelle Unterschiede im pH-Wert, der Bikarbonat-Sekretion und der Größe des Pansens nehmen Einfluss auf die Zusammensetzung des Mikrobioms. So konnten GOOPY et al. (2014) zeigen, dass Schafe mit kleineren Pansen eine kürzere ruminale Passagerate und damit niedrigere Methanemissionen hatten. Bereits SMUTS et al. (1995) postulierten, dass sowohl die Pansengröße als auch die Passagerate eine erbliche Komponente beim Wiederkäuer haben. Eigene Untersuchungen konnten keinen signifikanten Zusammenhang zwischen Exterieurmerkmalen wie Größe und Körpertiefe mit dem mittels LMD gemessenen Methanausstoß bei Holsteinrindern nachweisen, auch wenn eine Tendenz zu höheren Methanemissionen in Kühen mit größerer Körpertiefe und damit potentiell größeren Pansen zu sehen war. Neueste wissenschaftliche Erkenntnisse deuten zudem darauf hin, dass bestimmte Hormonlevel des Wirtes (z.B. Cortisol), für welche beim Rind moderate Erblichkeiten beschrieben sind, ebenfalls Einfluss auf die Mikrobiom-Zusammensetzung nehmen. Interaktionen zwischen der Genetik des Wirtes und der des Pansenmikrobioms wurden ausführlich von DIFFORD et al. (2018) adressiert. ROÈNE et al. (2016) konnten einen direkten additiv-genetischen Effekt des Wirtes auf die Zusammensetzung des Pansenmikrobioms nachweisen. Die Autoren beobachteten eine hohe Variation im Archaea:Bacteria-Verhältnis in Nachkommen verschiedener Vätern der Rasse Aberdeen Angus, welche zudem mit der Methanausscheidung in der Respirationskammer korrelierte. Demgegenüber schätzten LI et al. (2019) eine niedrige Heritabilität von 0,04 für das Archaea:Bacteria-Verhältnis im Pansen von 700 genotypisierten

Fleischrindern. Die Heritabilitäten für einzelne Diversitäts-Indizes (z.B. Shannon Index), welche die genetische Zusammensetzung der Mikrobiomspezies beschreiben, lagen für die Archaeen zwischen 0,04 und 0,05, und zwischen 0,19 und 0,23 für die restlichen Bakterienspezies. In weiterführenden genomweiten Assoziationsstudien wurden SNPs und Kandidatengene für die Zusammensetzung des Pansenmikrobioms identifiziert, welche möglicherweise an Wirt-Mikrobiom-Interaktionen beteiligt sind. SASSON et al. (2017) und WALLACE et al. (2019) konnten 22 bzw. 39 operative taxonomische Einheiten mit Heritabilitäten zwischen 0,2 und 0,7 bei Holstein-Rindern nachweisen. Die operative taxonomische Einheit beschreibt eine Gruppenbildung der Pansenmikroben basierend auf ähnlichen genomischen Sequenzen. Beide Studien zeigten, dass die hoch erblichen Pansenmikroben phylogenetisch eng miteinander verwandt sind. Unter den identifizierten hoch erblichen Pansenmikroben fanden sich zahlreiche Methanbildner wie beispielsweise die Familie der Succinovibrionaceae mit einer Heritabilität von  $\sim 0,3$ . Es ist bekannt, dass Succinovibrionaceae die Methanemissionen beim Rind stark beeinflussen. SASSON et al. (2017) gaben zudem eine phänotypische Korrelation von 0,69 zwischen der Menge der hoch erblichen Pansenmikroben mit der Methanemission an.

Auch wenn eine erbliche Komponente des Pansenmikrobioms sowie einzelner Methanogene und deren positive Korrelation mit der Methanemission in zahlreichen Studien nachgewiesen ist, ist die Analyse der mikrobiellen Zusammensetzung für eine derzeitige züchterische Nutzung noch zu aufwendig und wenig kosteneffizient. ROEHE et al. (2016) schlugen daher die Nutzung von Microarrays als zukünftiges Selektionskriterium vor, d.h. eine detaillierte Charakterisierung ausgewählter Gene des Pansenmikrobioms, welche mit der Methanausscheidung, Futtereffizienz, Gesundheit und Leistung im Wirt assoziiert sind. WALLACE et al. (2019) nutzten Machine-Learning Ansätze, um eine Vorhersage der Methanemissionen und weiterer Merkmale wie Futtereffizienz auf Basis der Pansenmikrobiom-Zusammensetzung abzuleiten. Dabei konnte eine moderate Übereinstimmungsrate zwischen den gemessenen und über die Mikrobiom-Zusammensetzung vorhergesagten Methanemissionen erzielt werden. Interessanterweise ergab sich dabei eine deutlich verbesserte Vorhersage der Methanemission unter alleiniger Verwendung der Pansenmikrobiom-Zusammensetzung im Vergleich zu den Vorhersagen unter alleiniger Einbeziehung des Wirtsgenotyps. Dies zeigt, dass die Pansenmikrobiom-Zusammensetzung für eine sichere Vorhersage der Methanemissionen unerlässlich ist. Für die Zukunft bleibt noch fraglich, inwieweit direkte Charakterisierungen des Pansenmikrobioms (z.B. über Metagenom-Microarrays) in der Rinderzucht genutzt werden können.

## **5 Zucht- und Managementstrategien unter Berücksichtigung von Methanemissionen**

Letztendlich ist eine hinreichende Anzahl an phänotypisierten Tieren die Grundvoraussetzung für effiziente und erfolgreiche züchterische Strategien. Das gilt sowohl für die Anzahl an Töchtern in einem konventionellen Nachkommenprüfprogramm als auch für den Aufbau einer Lernstichprobe zur Ableitung von SNP-Effekten. Deshalb muss genau überlegt werden, ob die Selektionswürdigkeit für neue Merkmale wie Methan einzig und allein aus Perspektive des Umweltschutzes gegeben ist. Die weltweit größten Rinderbestände machen die Fleischrindpopulationen in den USA oder Brasilien oder die extensive Milchrinderhaltung in China und Indien aus. Wenn züchterische Infrastruktur für ein Methanmerkmal mit weniger als 10% Erblichkeit lediglich für die großen HF Populationen in Deutschland, Skandinavien, Holland oder Nordamerika aufgebaut wird, dann sind positive Effekte auf die Klima- und Ökobilanzen von untergeordneter Bedeutung. Deshalb muss die Erfassung von Methan mit weiteren sinnvollen züchterischen Strate-

gien zur Verbesserung der Futtereffizienz einhergehen. Generelles Problem bei der Zucht auf Futtereffizienz ist die limitierende Datengrundlage zur Grundfutteraufnahme. Die Installation von Wiegetrögen ist mit hohem Aufwand und hohen Kosten verbunden und meist nur in Forschungseinrichtungen zu realisieren. Deshalb sind diesbezüglich geeignete Indikatormerkmale von großer Bedeutung. Die Sniffer-Technologie erlaubt neben der Erfassung von Methan bei jeder Melkung die Aufzeichnung von CO<sub>2</sub> – Emissionen. Zusätzlich sind moderne automatische Melksysteme mit einer Wiegeeinrichtung ausgestattet. DIFFORD et al. (2020) konnten in ihrer Studie in einer dänischen HF Populationen nachweisen, dass mit 100 Töchterleistungen für Sniffer-Methan, 100 Töchterleistungen für Sniffer-CO<sub>2</sub>, 100 Töchterleistungen für Körpergewicht und 100 Töchterleistungen für energiekorrigierte Milch die Genauigkeit des Bullenzuchtwertes für Futteraufnahme 0,97 und für Restfutteraufnahme 0,92 war. Die Hinzunahme der direkten Futteraufnahme in den Index erhöhte die Zuchtwertgenauigkeiten nur um jeweils 0,01. Ähnliche zuchtplanerische Resultate, allerdings generell mit niedrigeren Genauigkeiten, ergaben sich für die HF Population aus den Niederlanden.

Generell sind aber Aufwand und Kosten für Methanerfassungen sehr hoch, was somit auch die routinemäßige Erfassung, sei es mit Sniffer oder mittels LMD, in Frage stellt. Es müssten somit Indikatormerkmale für Methan identifiziert werden, die im Rahmen der routinemäßigen Leistungsprüfung erfasst werden können und hohe Schätzgenauigkeiten für die individuelle Methanemission liefern. In diesem Kontext scheinen die Spektraldaten der Milch und die daraus abgeleiteten Fettsäuremuster bestens prädestiniert zu sein. Hohe Anteile an kurz- und mittelkettigen Fettsäuren in der Milch sind Anzeichen für eine raufutterbetonte Ration mit verstärkter Methanproduktion („CH<sub>4</sub> increasing pathway“). Ein hoher Anteil an langkettigen Fettsäuren als Endprodukt der Umsetzung von Stärke bzw. Propionat aufgrund einer mit Kraftfutter intensivierten Fütterung beschreibt den „CH<sub>4</sub> decreasing pathway“. Die Tätigkeit der Landeskontrollverbände, deren Bedeutung aufgrund der innerbetrieblichen technischen Möglichkeiten zur Erfassung von Leistungs- und Qualitätsdaten immer stärker in den Hintergrund tritt, sollten daher auf Spektraldatenanalysen fokussieren, um somit auch Empfehlungen für effiziente Fütterungsstrategien ableiten zu können. Auf den unerwünschten Energieverlust infolge der Methanproduktion wurde eingangs bereits hingewiesen. Diesbezüglich sehr genaue Schätzgleichungen wurden in der Arbeitsgruppe in Dummerstorf entwickelt (ENGELKE et al., 2018). Weiter sind Fettsäuren hervorragende Indikatoren für Umweltsensitivitäten wie zur Vorhersage von unerwünschten Hitzestresseffekten (BOHLOULI et al., 2022) und deren Nutzung zur Optimierung von Managementstrategien. Es ist den Landeskontrollverbänden somit dringend angeraten, Spektraldatenanalysen der Milch in ihren Labors zu intensivieren.

## 6 Studien zu Genotyp-Emissions-Interaktionen

Bisher wurden im vorliegenden Beitrag genetische und genomische Mechanismen der Methanproduktion betrachtet, um etwaige Umweltwirkungen züchterisch beeinflussen zu können. Neuartig ist dagegen die entgegengesetzte Betrachtungsweise, nämlich der Einfluss der Umwelt (Schadgaskonzentrationen im Stall) auf Produktionsmerkmale und funktionale Merkmale der Milchkuh. In der Arbeitsgruppe Tierzüchtung der Justus-Liebig-Universität Gießen vorhandene mobile Sensorsmesstechnologie ermöglicht die Erfassung von Ammoniak (NH<sub>3</sub>) (Messbereich von 0–500 ppm, Auflösung 1 ppm), Kohlenstoffdioxid (CO<sub>2</sub>) (Messbereich 0 – 2 Vol.%, Auflösung 0,02%), CH<sub>4</sub> (Messbereich 0 – 5000 ppm, Auflösung in 2%-igen Intervallen des Messbereichs) und Distickstoffmonoxid (Lachgas, N<sub>2</sub>O) (Messbereich 0 – 3000 ppm, Auflösung in 2%-igen Intervallen des



Messbereichs) sehr engmaschig mit 10 Messungen pro Sekunde in verschiedenen Stallabteilen. Hierzu wurden bereits über einen Zeitraum von 2 Jahren Messungen in 12 partizipierenden Betrieben (6 konventionelle Betriebe mit Liegeboxenlaufstall, 6 Kompostierungsbetriebe) durchgeführt, so dass Merkmale von 2160 Kühen den gemessenen Gaskonzentrationen zugeordnet wurden. In Random Regression Vaternmodellen wurde der Betriebseffekt innerhalb von fixen Effekten von Schadgaskonzentrationen genestet, so dass Bullenzuchtwerte in Abhängigkeit von  $\text{NH}_3$ ,  $\text{CO}_2$ ,  $\text{CH}_4$  und  $\text{N}_2\text{O}$  Werten im Stall geschätzt werden konnten. Insbesondere für das Merkmal klinische Mastitis zeigten sich deutlich Unterschiede im Verlauf der Bullenzuchtwerte in Abhängigkeit der Methankonzentration in der Stallluft. Es konnten aber auch robuste Bullen identifiziert werden, die stabil hohe gewünschte Zuchtwerte für klinische Mastitis aufwiesen unabhängig von der Gasbelastung in der Stallumwelt.

Weiter wurden alle Kühe mit dem 50 K Illumina Chip genotypisiert um genomweite Assoziationsstudien (GWAS) unter Berücksichtigung von  $\text{SNP} \times \text{Emissions}$ -Interaktionen durchzuführen. Dafür wurde ein eigenes Programm GWASinter.R (HALLI et al., 2021) geschrieben, das neben der Schätzung von SNP-Haupteffekten auch Lösungen mit Signifikanzen für SNP-Interaktionseffekte generiert. GWASinter.R wurde nun auch verwendet, um für diskrete Stallumwelten entsprechend der  $\text{CH}_4$  Konzentrationen in der Stallluft (Umwelt A:  $< 150$  ppm; Umwelt B:  $> 150$  ppm) SNP-Interaktionseffekte nachzuweisen. Interessanterweise konnten sämtliche Kompostierungsbetriebe der Stallumwelt A zugeordnet werden. Den Manhattan-Plot für die SNP-Interaktionseffekte für klinische Mastitis zeigt Abbildung 2. Der SNP ARS-BFGL-NGS-16330 auf Chromosom 22 war signifikant für Mastitiserkrankungen in konventionellen Liegeboxenlaufställen mit höheren

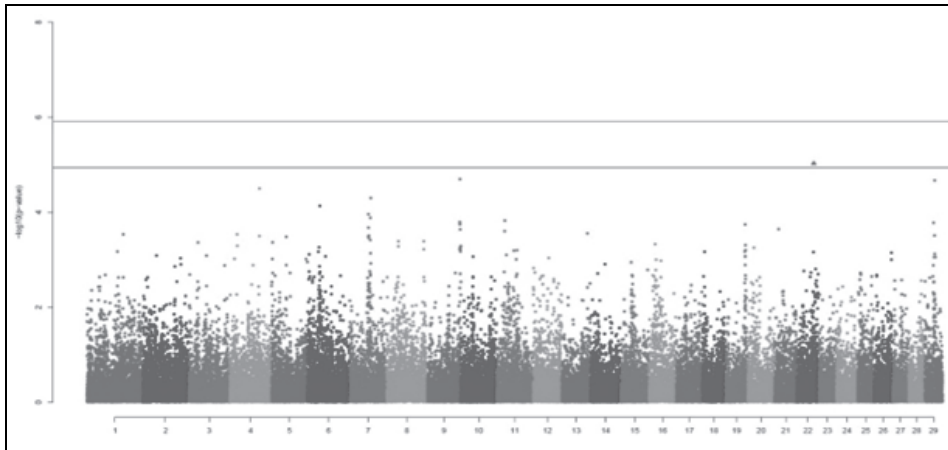


Abb. 2. Manhattan-Plot für  $\text{SNP} \times \text{Stall-CH}_4$ -Emissions Interaktionen für das Merkmal klinische Mastitis. Die horizontale obere Linie ist die Signifikanzschwelle nach Bonferroni-Korrektur, die horizontale untere Linie die suggestive Signifikanzschwelle mit  $P_{\text{sug}} = 0.05/(\text{Anzahl der unabhängigen SNP})$ .

*Manhattan plot for  $\text{SNP} \times \text{barn-CH}_4$ -emission interactions for clinical mastitis. The horizontal line indicates the Bonferroni corrected threshold, and the second horizontal line below indicates the suggestive significance threshold calculated as  $P_{\text{sug}} = 0.05/(\text{number of independent SNP})$ .*

Methankonzentrationen in der Stallluft, aber nicht in den Kompostierungsbetrieben. In anschließenden Genannotationen wurde das potenzielle Kandidatengen *HEMK1* detektiert, das entsprechend der Beschreibung zu physiologischen Mechanismen eine Rolle im Immunsystem spielt, aber diesbezügliche Umweltabhängigkeiten postuliert wurden (LIONGUE et al., 2012).

## Fazit

Genetische Parameter für Methanemissionen zeigen je nach Messmethodik eine recht große Bandbreite. In diesem Kontext sollte auf Erfassungstechnik fokussiert werden, welche unter Praxisbedingungen engmaschige longitudinale Datenstrukturen generiert. Erfolgsversprechend ist hierbei sogenannte in Melkroboter installierte Sniffer-Technologie, die über den gesamten Melkvorgang hinweg den individuellen Methanausstoß erfasst. Im automatischen Melksystem erfasste Methanemissionen und zusätzliche Gewichtsdaten ermöglichen als Indikatormerkmale in Kombination mit energiekorrigierter Milchmenge recht genaue Schätzungen von Bullenzuchtwerten für Futteraufnahme und Restfutteraufnahme. Auf alle Fälle sollten auch Merkmale aus den Laboren der Landeskontrollverbände stärker in der Zucht berücksichtigt werden. Spektraldatenanalysen der Milch ermöglichen die Bestimmung von Fettsäuremustern, die Hinweise auf Fütterungsineffizienzen mit viel Methanproduktion geben, aber auch als Frühwarnsysteme für Stressoren wie Hitzestress geeignet sind. Zukünftige Forschung zur Detailcharakterisierung der genomischen Mechanismen sollte auf die genetische Charakterisierung des Pansenmikrobioms und deren Interaktionen mit dem Wirt abzielen, was aber mit doch recht hohem Aufwand und Kosten verbunden ist. Um robuste Genetik zu identifizieren sind nicht unbedingt immer weitere neue und aufwändige Merkmalerfassungen notwendig. Stattdessen sollte die Betriebsumwelt genauer beschrieben werden, um beispielsweise robuste Bullen mit hohen Gesundheitszuchtwerten unabhängig von den Schadgaskonzentrationen in der Stallluft zu identifizieren.

## Danksagung

Diese Studie wurde durchgeführt im Rahmen des EU-Forschungsvorhabens Climate Care Cattle Farming Systems (CCCfarming), Förderkennzeichen 2819ERA09A.

## Literatur

- BIERMANN, A.D.M., T. YIN, K. RÜBESAM, B. KUHN and S. KÖNIG (2015): From phenotyping towards breeding strategies: Using in vivo indicator traits and genetic markers to improve meat quality in an endangered pig breed. *Animal* **9**, 919–927.
- BOHLOULI, M., K. HALLI, T. YIN, N. GENGLER and S. KÖNIG (2022): Genome-wide associations for heat stress response suggest potential candidate genes underlying milk fatty acid composition in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* **105**, <https://doi.org/10.3168/jds.2021-21152>.
- BOICHARD, D. and M. BROCHARD (2012): New phenotypes for new breeding goals in dairy cattle. *Animal* **6**, 544–550.
- BRADÉ, W. und K. WIMMERS (2016): Methan-Minderungspotenziale bei Wiederkäuern. In: *Berichte über Landwirtschaft, Zeitschrift für Agrarpolitik und Landwirtschaft* **94** (1), Hrsg. Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft, ISSN 2196–5099.

- BRÜGEMANN, K., E. GERNAND, U.U. VON BORSTEL and S. KÖNIG (2011): Genetic analyses of protein yield in dairy cows applying random regression models with time-dependent and temperature  $\times$  humidity-dependent covariates. *J. Dairy Sci.* **94**, 4129–4139.
- CHAGUNDA, M.G.G., D. ROSS and D.J. ROBERTS (2009): On the use of a laser methane detector in dairy cows. *Comp. a. Electr. in Agric.* **68**, 157–160.
- DEUTSCHER BAUERNVERBAND e.V. (2020): Faktencheck: Methanemissionen in der Rinderhaltung. <https://www.bauernverband.de/faktencheck/methanemissionen-in-der-rinderhaltung>.
- DIFFORD, G.F., D.R. PLICHTA, P. LØVENDAHL, J. LASSEN, S.J. NOEL, O. HØJBERG, A.G. WRIGHT, Z. ZHU, L. KRISTENSEN, H.B. NIELSEN, B. GULDBRANDTSEN and G. SAHANA (2018): Host genetics and the rumen microbiome jointly associate with methane emissions in dairy cows. *PLoS Genet.* **14**, e1007580.
- DIFFORD, G.F., P. LØVENDAHL, R.F. VEERKAMP, H. BOVENHUIS, M.H.P.W. VISKER, J. LASSEN and Y. DE HAAS (2020): Can greenhouse gases in breath be used to genetically improve feed efficiency of dairy cows? *J. Dairy Sci.* **103**, 2442–2459.
- DONOGHUE, K.A., T. BIRD-GARDINER, P.F. ARTHUR, R.M. HERD and R.F. HEGARTY (2016): Genetic and phenotypic variance and covariance components for methane emission and postweaning traits in Angus cattle. *J. Anim. Sci.* **94**, 1438–45.
- ENGELKE, S.W., G. DAŞ, M. DERO, A. TUCHSCHERER, W. BERG, B. KUHLA and C.C. METGES (2018): Milk fatty acids estimated by mid-infrared spectroscopy and milk yield can predict methane emissions in dairy cows. *Agronomy for Sustainable Development* **38**, 27.
- FEHMER, L., J. HEROLD, P. ENGEL and S. KÖNIG (2021): Individual cow methane emissions in freewalk farming systems and associations with breeding traits. Annual Meeting of the European Association for Animal Production, 30. - 03. September, Davos, Switzerland.
- FLACHOWSKY, G. und W. BRADE (2007): Potenziale zur Reduzierung der Methan-Emissionen bei Wiederkäuern. *Züchtungskunde* **79**, 417–465.
- GARNSWORTHY, P.C., G.F. DIFFORD, M.J. BELL, A.R. BAYAT, P. HUHTANEN, B. KUHLA, J. LASSEN, N. PEIREN, M. PSZCZOLA, D. SORG, M.H.P.W. VISKER and T. YAN (2019): Comparison of methods to measure methane for use in genetic evaluation of dairy cattle. *Animals* **10**, 837, doi: 10.3390/ani9100837.
- GOOPY, J.P., A. DONALDSON, R. HEGARTY, P.E. VERCOE, F. HAYNES and M. BARNETT et al. (2014): Low-methane yield sheep have smaller rumens and shorter rumen retention time. *Brit. J. Nutr.* **111**, 578–585.
- HALLI, K., S.F. VANVANHOSSOU, M. BOHLOULI, S. KÖNIG and T. YIN (2021): Identification of candidate genes on the basis of SNP by time-lagged heat stress interactions for milk production traits in German Holstein cattle. *PlosOne* **16**, e0258216.
- JAEGER, M., K. BRÜGEMANN, H. BRANDT and S. KÖNIG (2019): Associations between precision sensor data with productivity, health and welfare indicator traits in native black and white dual-purpose cattle under grazing conditions. *Appl. Anim. Behav. Sci.* **212**, 9–18.
- JONES, H. (2009): The effect of genetic improvement on emissions from dairy and other livestock systems. World Dairy Summit, Berlin, 20. – 24. September.
- KÖNIG, S., G. DIETL, I. RAEDER and H.H. SWALVE (2005): Genetic relationships between dairy performance under large-scale farm and family farm conditions. *J. Dairy Sci.* **88**, 4087–4096.
- KÖNIG, S., K. BRÜGEMANN und E.C.G. PIMENTEL (2013): Züchterische Strategien für Tier- und Klimaschutz: Was ist möglich und was brauchen wir? *Züchtungskunde* **85**, 22–33.
- LASSEN, J. and P. LOVENDAHL (2016): Heritability estimates for enteric methane emissions from Holstein cattle measured using noninvasive methods. *J. Dairy Sci.* **99**, 1959–1967.

- LASSEN, J. and G.F. DIFFORD (2020): Review: Genetic and genomic selection as a methane mitigation strategy in dairy cattle. *Animal* **14**, 473–483.
- LI, F., C. LI, Y. CHEN, J. LIU, C. ZHANG, B. IRVING, C. FITZSIMMONS, G. PLASTOW and L.L. GUAN (2019): Host genetic influence the rumen microbiota and heritable microbial features associate with feed efficiency in cattle. *Microbiome* **7**, 92.
- LIONGUE, C., L.A. O'SULLIVAN, M.C. TRENGOVE and A.C. WARD (2012): Evolution of JAK-STAT pathway components: mechanisms and role in immune system development. *PLoS One* **7**, e32777.
- MARTÍNEZ-ÁLVARO, M., M.D. AUFFRET, R.D. STEWART, R.J. DEWHURST, C.A. DUTHIE, J.A. ROOKE, R.J. WALLACE, B. SHIH, T.C. FREEMAN, M. WATSON and R. ROEHE (2020): Identification of complex rumen microbiome interaction within diverse functional niches as mechanisms affecting the variation of methane emissions in bovine. *Front. Microbiol.*, <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.00659>.
- MÜHLBACH, S., D. SORG, F. ROSNER, J. KECMAN and H.H. SWALVE (2018): Genetic analyses for CH<sub>4</sub> concentrations in the breath of dairy cows measured on-farm with the laser methane detector. Proceedings of the World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Auckland, New Zealand. <http://www.wcgalp.org/proceedings/2018/genetic-analyses-ch%E2%82%84-concentrations-breath-dairy-cows-measured-farm-laser-methane>.
- REINTKE, J., K. BRÜGEMANN, T. YIN, P. ENGEL, H. WAGNER, A. WEHREND and S. KÖNIG (2020): Assessment of methane emission traits in ewes using a laser methane detector: genetic parameters and impact on lamb weaning performance. *Arch. Anim. Breed.* **63**, 113–123.
- RICCI, P., M.G.G. CHAGUNDA, J. ROOKE, J.G.M. HOUDIJK, C.A. DUTHIE, J. HYSLOP, R. ROEHE and A. WATERHOUSE (2014): Evaluation of the laser methane detector to estimate methane emissions from ewes and steers. *J. Anim. Sci.* **92**, 5239–5250.
- ROEHE, R., R.J. DEWHURST, C.-A. DUTHIE, J.A. ROOKE, N. MCKAIN, D.W. ROSS, J.J., HYSLOP, A. WATERHOUSE, T.C. FREEMAN, M. WATSON and R.J. WALLACE (2016): Bovine host genetic variation influences rumen microbial methane production with best selection criterion for low methane emitting and efficiently feed converting hosts based on meta-genomic gene abundance. *PLoS Genetics* **12**, e10058846.
- SASSON, G., S.K. BEN-SHABAT, E. SEROUSSI, A. DORON-FAIGENBOIM, N. SHTERZER, S. YAACOBY, M.E. BERG MILLER, B.A. WHITE, E. HALPERIN and I. MIZRAHI (2017): Heritable bovine rumen bacteria are phylogenetically related and correlated with the cow's capacity to harvest energy from its feed. *mBio* **8**, e00703–17.
- SMUTS, M., H.H. MEISSNER and P.B. CRONJÉ (1995): Retention time of digesta in the rumen: Its repeatability and relationship with wool production of Merino rams. *J. Anim. Sci.* **73**, 206–210.
- SCHULZ, S., K. HALLI, S. KÖNIG and A. SUNDRUM, A. (2021): Potentials of quality beef production in association with the German endangered cattle breed population Rotes Höhenvieh (RHV). *Züchtungskunde* **5**, 362–373.
- SORG, D., S. MÜHLBACH, F. ROSNER, B. KUHLA, M. DERNÖ, S. MEESE, A. SCHWARM, M. KREUZER and H.H. SWALVE (2017): The agreement between two next-generation laser methane detectors and respiration chamber facilities in recording methane concentrations in the spent air produced by dairy cows. *Comp. Electron. Agric.* **143**, 262–272.
- SWALVE, H.H. (2021): The role of genetics for methane emission in cattle. 75<sup>th</sup> Meeting of the Society of Nutrition Physiology, Video Conference, March 18.
- WAGNER, P., K. BRÜGEMANN, T. YIN, P. ENGEL, C. WEIMANN, K. SCHLEZ and S. KÖNIG (2022): Microscopic differential cell count and specific mastitis pathogens in cow milk from compost-bedded pack barns and cubicle barns. *J. Dairy Res.* **88**, 413–419.

- WALL, E.G. SIMM and D. MORAN (2010): Developing breeding schemes to assist mitigation of greenhouse gas emissions. *Animal* **4**, 366–376.
- WALLACE, R.J., G. SASSON, P.C. GARNSWORTHY, I. TAPIO, E. GREGSON and P. BANI et al. (2019): A heritable subset of the core rumen microbiome dictates cow productivity and emissions. *Sci. Adv.* **5**, eaav8391.
- YIN, T., T. PINENT, K. BRÜGEMANN, H. SIMIANER and S. KÖNIG (2015): Simulation, prediction and genetic analyses of daily methane emissions in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* **98**, 5748–5762.