

3. MATERIAL UND METHODEN

3.1 GEWINNUNG DER DATEN

3.1.1 BETRIEBSBESCHREIBUNG

Die Daten stammen aus zwei typischen Brandenburger Milchviehgroßbetrieben. Der Betrieb A hatte 480 und der Betrieb B 800 Rinder. In den Betrieben wurden verschiedene Rassen mit unterschiedlicher Herkunft gemolken. Deshalb wurden die Kühe vier Genotypengruppen zugeordnet. Der Genotyp Schwarzbuntes Milchrind (SMR) ist ein Zuchtprodukt der DDR und wurde in beiden Betrieben hauptsächlich genutzt. In dem Betrieb A kam zusätzlich der Genotyp Holstein Friesian (HF) zum Einsatz. Die Kühe stammten aus dem Westen Deutschlands. Betrieb B kaufte Rinder aus der Tschechischen Republik an. Es wurden Kühe des Genotyps Tschechisches Fleckvieh (TFV) und des Genotyps Tschechische Schwarzbunte (TSB) geprüft. Auf rund 600-700 ha landwirtschaftlicher Nutzfläche pro Betrieb wurde das benötigte Grundfutter selbst produziert, Spezialfuttermittel wurden zugekauft. In einem Betrieb erhielten die Rinder in den Sommermonaten Weidegang. In der Haltung unterschieden sich die Betriebe insofern, dass der eine Spaltenboden und mit Gummimatten ausgelegte Hochboxen hatte, der andere seine Rinder auf Stroh hielt. In beiden Betrieben erfolgte eine asaisonale Abkalbung. Die Kühe wurden in beiden Betrieben abrupt und unter antibiotischem Schutz mit Cloxacillin trockengestellt (Tab. 19).

Tab. 19: Betriebsorganisation der Untersuchungsbetriebe

	Betrieb A	Betrieb B
Herdengröße	250 melkende Kühe 230 weibliche Jungrinder eigene Reproduktion	380 melkende Kühe 410 weibliche Jungrinder, Zukauf und eigene Reproduktion
Genotypen*	HF, SMR	SMR, TFV, TSB
Grundfutter	aus Eigenproduktion	aus Eigenproduktion
Soja/Mineralstoffmischung	Zukauf	Zukauf
Futtergruppen	2 nach Leistung und Trächtigkeitsstadium	3 nach Leistung und Trächtigkeitsstadium
Weidegang	Ja	Nein
Haltung	Laufstall, Stroh eingestreut	Laufstall, Spaltenboden
Verhältnis Tiere-Liegeplätze	1:1	1:1,8
Gruppengröße	30-35	30-40
Sondergruppe Euterkrankte	Ja	zuerst, später aufgelöst
Sondergruppe für Lahme	Nein	Ja
Trockenstellen	abrupt, unter antibiotischem Schutz	abrupt, unter antibiotischem Schutz
Abkalbungen	asaisonal Abkalbebereich mit Anbindung Verbringung mind. 14 Tage vor der Geburt	asaisonal Abkalbebereich mit Laufboxen auf Stroh, Verbringung bei Geburtsanzeichen

HF = Holstein Friesian

TFV = Tschechisches Fleckvieh

SMR = Schwarzbuntes Milchrind

TSB = Tschechische Schwarzbunte

Melktechnik und -management

In dem Betrieb A wurde ein Fischgrätenmelkstand mit zwei mal acht Plätzen aus dem Baujahr 1988 genutzt. Vor Beginn des Versuches wurde die Vakuumpumpe durch eine modernere ersetzt. Die Melkanlage war mit einer zeitgesteuerten Anrüstautomatik sowie mit einer maschinellen Nachmelkvorrichtung ausgestattet. Außerdem verfügte die Anlage über eine milchflussgesteuerte Abnahmeautomatik. Die Melkzeuge waren mit Kunststoffmelkbechern ausgestattet.

In dem Betrieb B wurde in einem Fischgrätenmelkstand mit zwei mal zehn Plätzen und einer Melktechnik aus dem Baujahr 1990 gearbeitet. Bestandteil der Melkanlage war eine vollautomatische elektronische Melkzeugabnahme, welche milchflussgesteuert war. Zum Gebrauch kamen Melkzeuge, die mit Edelstahlmelkbechern ausgestattet waren. Über Vorrichtungen zum automatischen Anrüsten und maschinellen Nachmelken verfügte dieses Melksystem nicht.

In beiden Betrieben wurde zweimal täglich gemolken. Der Ablauf der Reinigungs- und Desinfektionsschritte war nahezu identisch. Aus Tabelle 20 ergibt sich eine schematisierte Beschreibung des Melkvorganges und -managements. Als Desinfektionsmittel für die Melkzeuge sowie zur Zitzendesinfektion kam Peressigsäure (Wofasteril[®]) zum Einsatz. Zusätzlich wurden die Zitzen nach dem Melken in eine Aldehydlösung (Calgonit[®]) zur Desinfektion gedippt.

Tab. 20: Melkvorgang und -management

Arbeitsschritt	Betrieb A	Betrieb B
Zitzendesinfektion v.d. Melken	Wofasteril [®]	Wofasteril [®]
Euterreinigung	nass, mehrmals verwendete Lappen; trocken, Papiertücher	trocken, Papiertücher
Anrüsten	Automatisch	Manuell
Milchentzug	Automatisch	Automatisch
Nachmelken	Automatisch	manuell bei Bedarf
Melkzeugabnahme	Automatisch	Automatisch
Zitzendesinfektion n.d.Melken	Calgonit [®]	Calgonit [®]
Melkzeugdesinfektion	Wofasteril [®]	Wofasteril [®]

In dem Betrieb A wurde eine Sondergruppe für euterkrankte Kühe von der restlichen Herde getrennt gehalten und am Ende der Melkzeit gemolken. Das Milchleitungssystem wurde danach gereinigt und desinfiziert.

In dem Betrieb B wurde zunächst wie im Betrieb A verfahren, im Laufe des Versuches wurde jedoch die Trennung der euterkranken Kühe aus organisatorischen Gründen aufgehoben. Die

erkrankten Kühe verblieben dann in ihren ursprünglichen Gruppen und wurden mit einem Fesselband gekennzeichnet. Die Milch von diesen Kühen wurde in gesonderte Behälter gemolken, so dass es nicht zu einer Vermischung im Tank kam. Anschließend wurden die Melkzeuge mit Wofasteril®-Spray desinfiziert.

3.1.2 TEILSTUDIE I

In der Teilstudie I standen sämtliche Daten der oben beschriebenen Betriebe zur Verfügung, die im Rahmen der routinemäßigen monatlichen Milchleistungsprüfung des Landeskontrollverbandes (LKV) Brandenburg, Waldsiedersdorf im Zeitraum Juni 1992 bis Dezember 1995 erhoben wurden. Dabei wurden alle Kühe in die Studie aufgenommen, die im Milchbericht ab Juni 1992 als frisch gekalbt - unabhängig von ihrer Laktationsnummer - erschienen. Insgesamt wurden 1570 Kühe geprüft, die sich in der ersten bis siebten Laktation befanden. In dem Betrieb A wurden die Daten von 584 Kühen und in dem Betrieb B die Daten von 986 Kühen ausgewertet.

Innerhalb des Prüfzeitraumes lagen von den Kühen eine oder mehrere Laktationen vor. Mit nur einer Laktation, unabhängig von ihrer Laktationsnummer, wurden 62,7% der Kühe geprüft. Es hatten 37,3% der Kühe zwei bis vier Laktationen im Versuchszeitraum. In dem Betrieb A wurden 63,7% der Kühe des Genotyps Holstein Friesian und 36,3% der Kühe des Genotyps Schwarzbuntes Milchrind geprüft (Tab. 21). In Betrieb B hatte das Schwarzbunte Milchrind mit 84,5% den größten Anteil. Das Tschechische Fleckvieh bzw. die Tschechischen Schwarzbunten gingen mit Anteilen von 13,0% bzw. 2,5% in die Auswertung ein.

Tab. 21: Genotypenverteilung in den Betrieben in der Teilstudie I

Betrieb	Genotyp	Anzahl Kühe	Anteil (%) – Betrieb	Anteil (%) - gesamt
A	HF	212	36,3	13,5
	SMR	372	63,7	23,7
B	SMR	833	84,5	53,1
	TFV	128	13,0	8,1
	TSB	25	2,5	1,6
Summe		1570		100

HF = Holstein Friesian

TFV = Tschechisches Fleckvieh

SMR = Schwarzbuntes Milchrind

TSB = Tschechische Schwarzbunte

Es handelt sich um eine Verlaufsuntersuchung, es gingen daher nicht alle Tiere mit ihrer ersten Laktation in die Untersuchung mit ein. Um die Altersstruktur der Herde zu erkennen, ist die Verteilung der Kühe in den Laktationsnummern dargestellt (Tab. 22).

In beiden Betrieben wurden 916 Kühe in einer ersten Laktation und 415 Kühe in einer zweiten Laktation geprüft. Die Anzahl der Tiere in den Laktationsnummern drei bis fünf lag in einer

Größenordnung von 207 bis 279 Kühen. Die Besetzung der Laktationsnummern sechs und sieben waren dagegen mit 125 bzw. 31 Kühen schwach. Der hohe Anteil, rund 60%, an Kühen in den ersten beiden Laktationen lässt erkennen, dass es sich um äußerst junge Herden handelte.

Tab.22: Verteilung der Laktationen nach Laktationsnummern und Genotypen in den Betrieben

Laktations- nummer	Betrieb A		Betrieb B			Summe Σ	Anteil (%)
	HF	SMR	SMR	TFV	TSB		
1	184	97	486	125	24	916	41,2
2	104	54	229	19	9	415	18,7
3	88	33	129			250	11,3
4	85	48	146			279	12,5
5	44	37	126			207	9,3
6	21	36	68			125	5,6
7	3	5	23			31	1,4
Σ Laktationen	529	310	1207	144	33	2223	100,0

In der monatlichen Milchleistungsprüfung des Landeskontrollverbandes Waldsiedersdorf werden zu zwei aufeinanderfolgenden Melkzeiten Proben entnommen. Aus dem Gesamtgemelk wurden für jede Kuh die Milchmenge (kg) sowie die Milchinhaltsstoffe Fett (%), Eiweiß (%) und Laktose (%) und die somatische Zellzahl erhoben und daraus ein Tagesmittel gebildet. Die Probe der Milchinhaltsstoffe sowie der somatischen Zellzahl wurden aus einem Aliquot des Gesamtgemelks entnommen.

3.1.3 TEILSTUDIE II

Die Daten des Studienteils II wurden in dem Zeitraum Juli 1994 bis Dezember 1995 durch Besuche der zwei Brandenburger Betriebe im wöchentlichen Abstand erhoben. Geprüft wurden die erstlaktierenden Kühe, die ab diesem Zeitpunkt im Milchbericht des Landeskontrollverbandes als Frischabgekalbte erschienen. Die Kühe gingen also auch in die Teilstudie I ein. Ziel war es, Viertelgemelksproben als Vergleichsproben zu den Gesamtgemelksproben vom LKV zu gewinnen. Dabei wurden zu Beginn des Melkvorganges Viertelgemelksproben genommen, um eventuelle Differenzen bei verschiedenen Erfassungsmethoden herauszufinden. Zu diesem Zweck gingen nur Kühe in die Auswertung, die auf allen Vierteln gemolken werden konnten. Der Prüfungszeitraum in der Laktation erstreckte sich vom fünften Tag post partum bis zum 240. Melktag.

Aus dem Betrieb A sind 90 Tiere und aus dem Betrieb B sind 216 Tiere in die Teilstudie II eingegangen (Tab. 23). Es standen die Genotypen Holstein Friesian, Schwarzbuntes Milchrind, Tschechisches Fleckvieh und Tschechische Schwarzbunte zur Verfügung. Die größten Gruppen bildeten mit 119 Tieren das Schwarzbunte Milchrind und das Tschechische Fleckvieh mit 112 Tieren.

Tab.23: Genotypenverteilung in den Betrieben in der Teilstudie II

Betrieb	Genotyp	Anzahl Kühe	Anteil (%) – Betrieb	Anteil (%) - gesamt
A	HF	55	61,1	18,0
	SMR	35	38,9	11,4
B	SMR	84	38,9	27,5
	TFV	112	51,9	36,6
	TSB	20	9,2	6,5
Summe		306		100,0

HF = Holstein Friesian

TFV = Tschechisches Fleckvieh

SMR = Schwarzbuntes Milchrind

TSB = Tschechische Schwarzbunte

Die Untersuchungen erfolgten im wöchentlichen Abstand zur Abendmelkzeit (Tab. 24). Nach der gesetzlich vorgeschriebenen Vorgemelksprobe folgte die Entnahme der Viertelgemelksproben, aus denen die somatische Zellzahl sowie die Milchinhaltsstoffe in Prozent ermittelt wurden.

Aus Kostengründen konnten die Viertelgemelksproben nur in den ersten 90 Laktationstagen im wöchentlichen Abstand ausgewertet werden. Ab dem 91. bis zum 240. Tag der Laktation wurden Viertelgemelksproben in einem zweiwöchigen Abstand entnommen. Ferner erfolgte in einem sechswöchigen Abstand eine Probenahme für eine bakteriologische Untersuchung an allen Vierteln.

Tab.24: An Viertelgemelksproben erhobene Daten in der Teilstudie II

Wöchentlich (5.-90. Tag)	Sechswöchentlich (5.-240. Tag)
Zweiwöchentlich (91.-240. Tag)	
Vormelkprobe	
	Bakteriologische Untersuchung
Somatische Zellzahl	
Fett (%)	
Eiweiß (%)	
Laktose (%)	

3.1.4 PROBENGEWINNUNG UND LABORUNTERSUCHUNG

Sämtliche Milchproben, außer denen zur bakteriologischen Untersuchung, wurden im Labor des Landeskontrollverbandes Brandenburg, Waldsiedersdorf, untersucht. Es wurden die somatische Zellzahl und die Milchinhaltstoffe bestimmt (Tab. 25). Die Ermittlung der Milchmenge in kg pro Kuh erfolgte vor Ort. Dazu setzte der LKV Brandenburg ein TRU-Testgerät der Firma *TRU-Test-Distributors-LTD*, Auckland NZ ein. Es handelte sich dabei um ein vom Internationalen Komitee für Leistungsprüfungen bei Tieren (ICAR) zugelassenes Milchmengenmessgerät, bei welchem die Ablesung nach Gewicht (kg) erfolgte.

Tab. 25: Datenerfassung

Merkmal	Methode
Somatische Zellzahl	Fossomatic 5500 Fossomatic-Combifoss Durchflusszytometrie
Milchmenge (kg)	TRU-Testgerät
Fett %	Milkoscan 4000
Eiweiß %	Milkosan-Combifoss
Laktose %	Infrarotabsorption

Bakteriologische Untersuchung

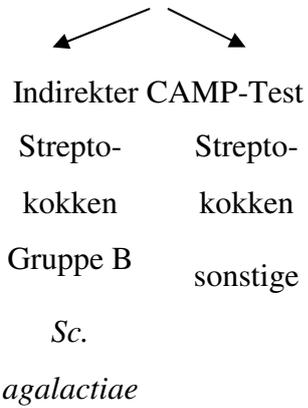
Die Probenentnahme erfolgte zu den Abendmelkzeiten vor dem Melken. Dazu wurden die Zitzenkuppen trocken gereinigt und mit Äthylalkohol (70%) desinfiziert. Die Hände des Probengewinners wurden ebenfalls desinfiziert. Nach Verwerfung der Zisternenmilch wurden die nachfolgenden 20 ml Anfangsgemelk in ein mit Borsäure als Konservierungsmittel versehenes Röhrchen gemolken, welches im Anschluß verschlossen wurde.

Die zur bakteriologischen Untersuchung entnommenen Viertelgemelksproben wurden in das Staatliche Veterinär- und Lebensmitteluntersuchungsamt Potsdam gebracht und dort nach standardisierten Verfahren untersucht (Abb. 2). Es wurden routinemäßig alle Proben auf einen Blutagar (6%ig) und einen Aesculin-Toxin-Blutagar (6%ig) ausgestrichen und 36-48 Stunden bzw. 18-24 Stunden inkubiert.

Die Erreger wurden nach Streptokokken, Staphylokokken, koliformen Keimen, Hefen und *Arcanobacterium pyogenes* differenziert. Die Streptokokken wurden mit Hilfe des CAMP-Testes auf der Aesculin-Toxin-Blutagarplatte weiter differenziert. *Streptococcus agalactiae*, der der Serogruppe B angehört, wurde mit einem positiven CAMP-Test nachgewiesen. Streptokokken mit einem negativen CAMP-Test wurden in dieser Untersuchung nicht weiter differenziert und als „sonstige Streptokokken“ angegeben. Die Staphylokokken wurden zum Zeitpunkt der Untersuchung nicht routinemäßig weiter differenziert.

Probe

Aesculin-Toxin-Blutagar
(6%) Inkubation 18-24 h



Blutagar (6%) Inkubation 36-48 h

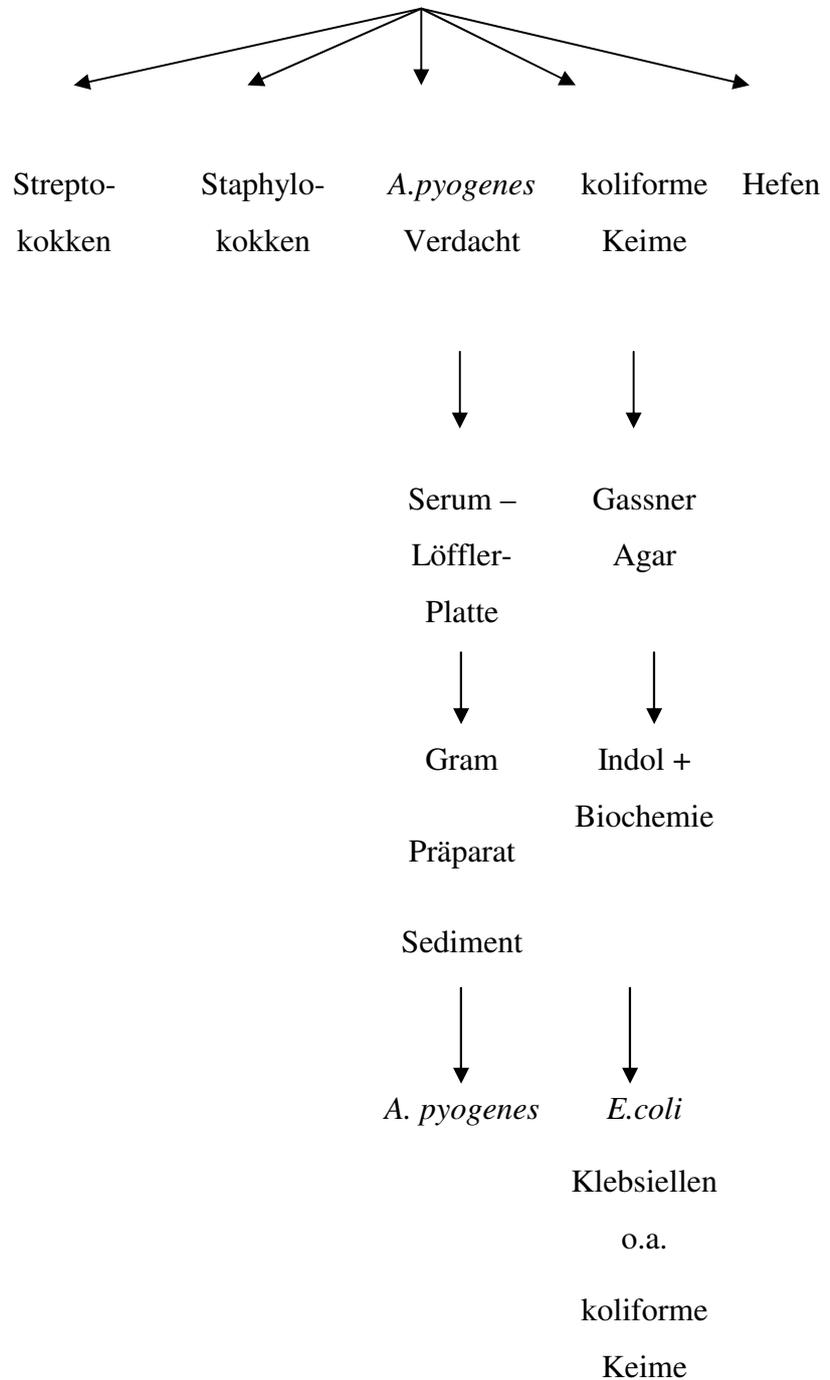


Abb. 2: Bakteriologischer Untersuchungsgang nach Baumgärtner (1994) - persönliche Mitteilung

3.2 STRUKTUR DER DATEN

In die Teilstudie I gingen nur Kühe ein, die mindestens 250 Tage in der Laktation waren. Die wenigen Tiere, die eine Laktation von 305 Tagen nicht erreicht hatten, wurden in ihrer Milchmengenleistung auf 305 Tage geschätzt. Dazu wurde folgende Formel verwendet:

$$x = \text{GMM}/\text{MT} * 305$$

x = geschätzte 305-Tageleistung für die Milchmenge

GMM = ermolkenes Gesamtmilchmenge

MT = tatsächliche Melktage

Der Median der Melktage lag in beiden Betrieben um 300 Tage.

Tab. 26: Melktage der Betriebe A und B

Betrieb	Minimum	Medium	Maximum
A	250	303	325
B	250	300	343

Im Juli werden vom Landeskontrollverband Brandenburg, Waldsiedersdorf, keine Milchleistungsprüfungen vorgenommen, so dass es keine Messwerte für diesen Monat gab. Deshalb wurden Überbrückungswerte anhand der Monate Juni und August geschätzt. Zur Schätzung der Milchmenge wurde das arithmetische Mittel herangezogen. Die Überbrückungswerte für die Milch Inhaltsstoffe ergaben sich aus dem gewogenen Mittel der Werte für Juni und August. Aufgrund der hohen Variabilität der Werte der somatischen Zellzahl wurde für diese auf Überbrückungswerte verzichtet. Wenn der Juli der erste Laktationsmonat war, ging dieses Tier erst mit seinem zweiten Laktationsmonat in die Auswertung.

Je nach Auswertungsziel wurde das gesamte Datenmaterial oder nur ein Teil des Datenmaterials genutzt. Die genauen Tierzahlen sind bei den einzelnen Prüfungen angegeben.

Nach der Definition der International Dairy Federation (IDF) 1999 wurde die Laktation in eine Frühaktation (Kalbung bis zum 100.Tag: Laktationsabschnitt I), Mittellaktation (101.-200.Tag: Laktationsabschnitt II) und Spätaktation (201.-305. Tag: Laktationsabschnitt III) eingeteilt.

3.2.1 KLASSENEINTEILUNG DER SYSTEMATISCHEN EFFEKTE

Systematische Effekte waren Laktationsnummer, Saison/Jahr, Genotyp/Betrieb, Laktationsstadium und Zellzahlgruppe. Die Klasseneinteilung der systematischen Effekte ist aus Tabelle 27 zu entnehmen.

Tab. 27: Klasseneinteilung der systematischen Effekte

Systematischer Effekt	Anzahl Klassen	Einteilung Klasse
Genotyp/Betrieb	5	Genotyp und Betrieb
Saison/Jahr	14	Dreimonatsgruppen, fortlaufend
Laktationsnummer	5	1-5
Laktationsstadium	22	2 Wochen, fortlaufend
Zellzahlgruppe	5	<50.000 50.000-100.000 100.000-150.000 150.000-200.000 >200.000

In Teilstudie I wurden die Kühe in sieben Laktationsnummern geprüft. Da die höheren Laktationen geringe Tierzahlen aufwiesen, wurden die Laktationsnummern fünf bis sieben als fünfte Klasse zusammengefasst. Die Effekte Genotyp und Betrieb wurden als gemeinsamer fixer Effekt behandelt, da in beiden Betrieben unterschiedliche Genotypen vorhanden waren und der Betriebseinfluss sich nicht vom Einfluss des Genotyps trennen ließ.

3.2.2 ZUSAMMENHANG ZWISCHEN DER ZELLZAHL IN DER ERSTEN UND ZWEITEN LAKTATION

Es wurden 315 Tiere, die eine abgeschlossene erste und zweite Laktation hatten, in drei Zellzahlklassen eingeteilt. Die Klasseneinteilung erfolgte anhand des geometrischen Mittels der letzten zwei Zellzahlprüfungen in der ersten Laktation vor dem Trockenstellen. Die erste Klasse bilden Tiere mit einer Zellzahl <100.000 Zellen/ml Milch, diese Tiere werden der Zellzahl nach als gesund eingeteilt (DVG 2002). Um den subklinischen Bereich einer Eutergesundheitsstörung genauer untersuchen zu können, wurden die Klassen gering erhöhte Zellzahl mit einem Zellzahlbereich zwischen 100.000 –200.000 Zellen/ml Milch und stärker erhöhte Zellzahl mit einer Zellzahl > 200.000 Zellen/ml Milch gebildet (Tab.28). Klinisch erkrankte Kühe gingen nicht in die Auswertung ein. Ziel hierbei war es, mögliche carry-over-Effekte der Zellzahl in die Folgelaktation zu untersuchen.

Tab. 28: Klasseneinteilung der Zellzahl für die Untersuchung des carry-over Effektes

Klasse: Zellzahl	Zellzahl/ml Milch
Gesund	<100.000
gering erhöht	100.000-200.000
stärker erhöht	>200.000

3.2.3 VERGLEICH DER ZELLZÄHLERFASSUNG DES GESAMT- UND VIERTEL- GEMELKS

Es wurde ein Vergleich der Genauigkeit der Zellzahlerfassung vom Gesamt- und Viertelgemelk aufgestellt. Dazu kamen Daten aus den Teilstudien I und II zur Anwendung. Es wurde von den Viertelgemelkzellzahlen eines Euters das arithmetische Mittel errechnet. Im folgenden Schritt wurde die phänotypische Korrelation zwischen dem Zellzahlindex des Gesamtgemelks und dem Mittelwert der Viertelgemelke geschätzt.

Der Datensatz für diesen Vergleich wurde so gebildet, dass die Gesamtgemelksprüfung und die Viertelgemelksprüfung aus derselben Woche stammen, höchstmöglicher Abstand waren drei Tage. In diesen Vergleich ging eine Stichprobe von 1112 Viertelgemelken ein. Geprüft wurde die Häufigkeit der Überschreitung des Grenzwertes 100.000 Zellen/ml Milch (DVG 2002). Die Klasseneinteilung für das Gesamtgemelk erfolgte in zwei Stufen. Die Klasseneinteilung für das Viertelgemelk erfolgte in fünf Stufen, die nach der Anzahl der Viertel mit einer Grenzwertüberschreitung eingeteilt wurde (Tab.29).

Tab. 29: Klasseneinteilung der Zellzahl (ZZ) für die Untersuchung der Beziehungen zwischen Viertel- und Gesamtgemelkszellzahlen

Klasse			
0	kein Viertel mit ZZ	≥	100.000/ml
1	ein Viertel mit ZZ	≥	100.000/ml
2	zwei Viertel mit ZZ	≥	100.000/ml
3	drei Viertel mit ZZ	≥	100.000/ml
4	vier Viertel mit ZZ	≥	100.000/ml
G	Gesamtgemelk mit ZZ	<	100.000/ml
K	Gesamtgemelk mit ZZ	≥	100.000/ml

Weiterhin wurden die Spezifität und Sensitivität der Erfassung der Gesamtgemelkprobe geschätzt. Die Schätzung erfolgte nach Martin et al. (1987). Danach beschreibt die Sensitivität den Anteil der als krank erkannten von allen Kranken. Die Spezifität beschreibt den Anteil der als gesund erkannten von allen Gesunden. Dabei ging man davon aus, dass die

Viertelgemelkproben die wirkliche Situation beschreiben und die Gesamtgemelke als Testgröße fungierten.

3.3 STATISTISCHE ANALYSE

Zur statistischen Auswertung wurden mehrere Datensätze gebildet.

Die statistische Analyse wurde mit dem Programmpaket SAS Version 6.12 durchgeführt.

Da die somatische Zellzahl nicht normal verteilt ist, wurde eine logarithmische Transformation notwendig. Die Transformation erfolgte nach folgender Formel (SHOOK und SCHUTZ 1993):

$$\begin{aligned} \text{SCS} &= \log_2 (\text{ZZ}/100.000) + 3 \\ \text{SCS} &= \text{Zellzahlinde} \text{x (Somatic Cell Score)} \\ \text{ZZ} &= \text{absolute Zellzahl} \end{aligned}$$

Zur Orientierung ist in der Tabelle 30 dem Zellzahlinde (SCS) die absolute Zellzahl gegenübergestellt.

Tab. 30: Gegenüberstellung Zellzahlinde (SCS) und absolute Zellzahl (ZZ)

SCS	ZZ
0	12.500
1	25.000
2	50.000
3	100.000
4	200.000
5	400.000
6	800.000

Für sämtliche Signifikanzprüfungen wurde eine Irrtumswahrscheinlichkeit von $P < 0,05$ festgelegt.

3.3.1 LINEARE MODELLE

Zur Untersuchung der systematischen Effekte wurden zwei Modelle erstellt, da anzunehmen war, dass das Merkmal somatische Zellzahl einen großen Effekt auf das Merkmal Milchmenge und die Merkmale der Milchinhaltsstoffe hat. In dem Modell, mit dem die systematischen Effekte auf das Merkmal somatische Zellzahl untersucht wurden, ist die somatische Zellzahl als Effekt ausgenommen.

Modell 1:

Folgendes lineare Modell der systematischen Effekte für die transformierte Zellzahl (SCS) wurde der LSQ-Analyse unterstellt:

$$Y_{ijkl} = Ln_i + GTB_j + SAIY_k + Ls_l + bKA + e_{ijkl}$$

Y_{ijkl} = Beobachtungswert

Ln_i = fixer Effekt der Laktationsnummer

GTB_j = fixer Effekt von Genotyp/Betrieb

$SAIY_k$ = fixer Effekt der Saison/Jahrklasse

Ls_l = fixer Effekt des Laktationsstadiums

bKA = Regressionskoeffizient bzw. Kovariable Kalbealter

e_{ijkl} = zufällige Restabweichung

Modell 2:

Folgendes lineare Modell der systematischen Effekte für die Milchmenge, den Fettgehalt, den Eiweißgehalt und den Laktosegehalt wurde der LSQ-Analyse unterstellt:

$$Y_{ijklmn} = Ln_i + GTB_j + SAIY_k + Ls_l + ZZG_m + GT*ZZG_n + bKA + e_{ijklmn}$$

Y_{ijklmn} = Beobachtungswert

Ln_i = fixer Effekt der Laktationsnummer

GTB_j = fixer Effekt Genotyp/Betrieb

$SAIY_k$ = fixer Effekt der Saison/Jahrklasse

Ls_l = fixer Effekt des Laktationsstadiums

ZZG_m = fixer Effekt der Zellzahlgruppe

$GTZZG_n$ = fixer Effekt Zellzahlgruppe

bKA = Regressionskoeffizient bzw. Kovariable Kalbealter

$e_{ijklmno}$ = zufällige Restabweichung

Ein Ziel war es herauszufinden, ab welchen Zellzahlbereichen unter Berücksichtigung der Genotypen Änderungen der Milchinhaltsstoffe sowie Leistungseinbußen bei der Tagesmilchmenge zu vermerken sind. Dazu wurde der Effekt Zellzahlgruppe/Genotyp in das Modell 2 aufgenommen.

Die Beschreibung der einzelnen Effekte erfolgte wegen der ungleichen Besetzungszahlen anhand von Least-Squares-Mittelwerten. Zur Prüfung auf signifikante Unterschiede zwischen den Mittelwerten kamen der Bonferroni-Holm-Test und der t-Test zur Anwendung.

3.3.2 PHÄNOTYPISCHE KORRELATIONEN

Sämtliche phänotypischen Korrelationen wurden als Produkt-Moment-Korrelation (Pearson) geschätzt:

$$r(x,y) = \frac{COV(x,y)}{\sqrt{VAR(x)VAR(y)}}$$

$r(x,y)$ = Korrelation zwischen Variablen x und y

$COV(x,y)$ = Kovarianz zwischen Variablen x und y

$VAR(x)$ bzw. (y) = Varianzen der Variablen x und y