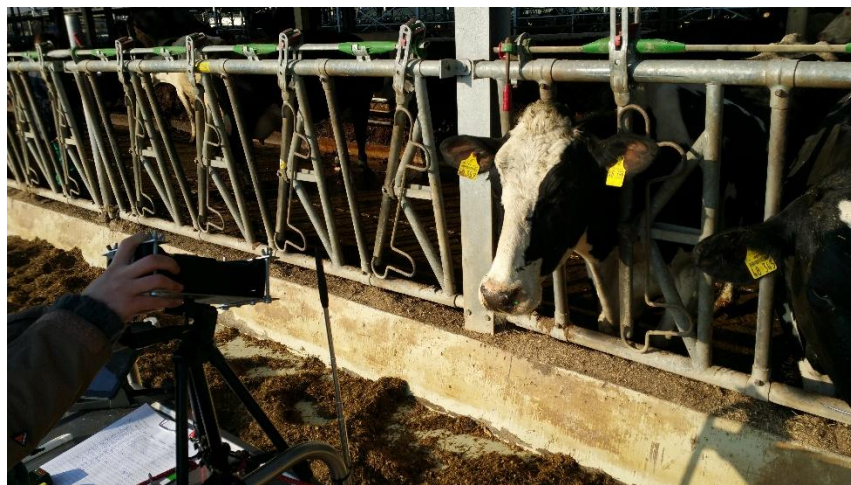


**Methanemissionen von Milchkühen:
Evaluierung von abgeleiteten Kenngrößen und deren
phänotypischen und genetischen Beziehungen zu
Produktionsmerkmalen und funktionalen Merkmalen bei
Milchkühen**



INAUGURAL-DISSERTATION

zur Erlangung des Doktorgrades eines Dr. med. vet.

beim Fachbereich Veterinärmedizin

der Justus-Liebig-Universität Gießen

Lena Fehmer

Aus dem Institut für Tierzucht und Haustiergenetik

Professur für Tierzüchtung

der Justus-Liebig-Universität Gießen

**Methanemissionen von Milchkühen:
Evaluierung von abgeleiteten Kenngrößen und deren
phänotypischen und genetischen Beziehungen zu
Produktionsmerkmalen und funktionalen Merkmalen bei
Milchkühen**

INAUGURAL-DISSERTATION

zur Erlangung des Doktorgrades eines Dr. med. vet.

beim Fachbereich Veterinärmedizin

der Justus-Liebig-Universität Gießen

eingereicht von

Lena Fehmer

Tierärztin aus Knüllwald

Gießen, 2026

Mit Genehmigung des Fachbereiches Veterinärmedizin
der Justus-Liebig-Universität Gießen

Prof. Dr. Dr. Stefan Arnold

Dekan

Prof. Dr. Sven König

1. Gutachter

Prof. Dr. Dr. h.c. Axel Wehrend

2. Gutachter

26.06.2026

Tag der Disputation

Das Projekt wurde im Rahmen des Drittmittelprojektes CCC-farming realisiert, welches über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) gefördert wurde (Förderkennzeichen 2819ERA09A).

Meiner Familie und meinen Freunden gewidmet

Inhaltsverzeichnis

Inhaltsverzeichnis

Tabellenverzeichnis

Abbildungsverzeichnis

Abkürzungsverzeichnis

Zusammenfassung

Summary

1	Einleitung.....	5
2	Literaturübersicht.....	7
2.1	Bedeutung von Treibhausgasen.....	7
2.1.1	Treibhausgase in der Landwirtschaft - global, europaweit und in Deutschland.....	8
2.1.2	Treibhausgase in der landwirtschaftlichen Tierhaltung	9
2.1.3	Methan in der Milchviehhaltung	10
2.2	Methanproduktion der Wiederkäuer	10
2.2.1	Methan als Treibhausgas	10
2.2.2	Methanogenese, eine Besonderheit der Wiederkäuer.....	11
2.3	Methoden der Methanmessung	13
2.3.1	Respirationskammer.....	14
2.3.2	Sniffer-Methode	18
2.3.3	GreenFeed-System	22
2.3.4	Schwefel-Hexafluorid als Marker-Gas	24
2.3.5	Laser-Methan-Detektor.....	27
2.3.6	Schätzgleichungen	31
2.3.7	Schätzung der Methanemissionen auf Basis von Milchfettsäureprofilen	36
2.3.8	Vergleich der Methoden zur Erfassung von Methanemissionen	39

2.4	Einflussfaktoren auf die Methanemission als phänotypisches Merkmal.....	45
2.4.1	Ansätze zur Reduktion von Methanemissionen bei Milchkühen	47
2.5	Genetische Parameter der Methanemission	49
2.5.1	Heritabilität.....	49
2.5.2	Genetische Korrelationen	52
2.5.2.1	Zusammenhänge zwischen verschiedenen Methanmerkmalen.....	52
2.5.2.2	Zusammenhänge mit Leistungs- und weiteren Zuchtzielmerkmalen.....	52
2.6	Genomische Analysen der Methanemission	53
2.6.1	Genomweite Assoziationsstudien.....	53
2.6.2	Genomische Zuchtwertschätzung	55
3	Datenmaterial und Datenerfassung	57
3.1	Betriebscharakteristika	57
3.2	Tiercharakteristika	61
3.3	VIT-Daten	62
3.3.1	Produktionsmerkmale und weitere Zuchtzielmerkmale	62
3.3.2	Fruchtbarkeitsmerkmale	63
3.3.3	Pedigree	63
3.4	Methanmessungen mit einem Laser-Methan-Detektor.....	64
3.5	Genomdaten.....	66
4	Kapitel I: Methanmerkmale	68
4.1	Aufbereitung der Methanmessdaten.....	68
4.1.1	Datenfilterung und Plausibilitätsprüfung	68
4.1.2	Definition der Methan-Peaks	69
4.1.3	Physiologische Einordnung der Emissionsereignisse.....	70

4.1.4	Schwellenwertbestimmung und Differenzierung der Fraktionen	70
4.2	Definition der Methanmerkmale	72
4.3	Vergleich methodischer Ansätze zur Generierung der Methanmerkmale	74
4.3.1	Schwellenwertbestimmung mittels Boxplot-Analyse	75
4.3.2	Schwellenwertbestimmung über eine bimodale Normalverteilung	78
4.3.3	Schwellenwertbestimmung auf Basis der Standardabweichung	80
4.3.4	Schwellenwertbestimmung durch Quantilsberechnung	82
4.4	Evaluierung und Auswahl der optimalen Methode	84
4.5	Phänotypische Merkmalscharakterisierung der generierten Methanmerkmale	85
4.6	Statistische Aufbereitung und Modellentwicklung	89
4.7	Statistisches Modell zur Identifikation signifikanter Einflussfaktoren	90
4.8	Analyse der signifikanten Einflussgrößen auf die Methanemission	92
4.8.1	Klimatische Bedingungen (Temperatur, Windgeschwindigkeit und Luftfeuchtigkeit)	93
4.8.2	Tageszeit	95
4.8.3	Einfluss des Laser-Methan-Detektors und Beobachters	96
4.8.4	Residuen der Methanmerkmale	97
4.9	Diskussion der methodischen Aufbereitung und der Einflussfaktoren auf die Methanemission	99
4.9.1	Bewertung der Datenaufbereitung	99
4.9.2	Evaluation der Methodik zur Merkmalsgenerierung	99
4.9.3	Bewertung der Methanmerkmale	100
4.9.4	Einflussfaktoren und deren Korrekturpotenzial im statistischen Modell	102

4.9.5	Reflexion der Residuen-Methanmerkmale	106
5	Kapitel II: Phänotypische und genetische Analysen der Methanmerkmale	108
5.1	Analyse potenzieller Einflussgrößen auf die Methanmerkmale	108
5.2	Spezifikation des statistischen Modells zu Methanemissionen.....	114
5.3	Phänotypische Zusammenhänge zwischen Methanmerkmalen und Produktionsmerkmalen.....	116
5.3.1	Modellierung des Einflusses der Methanemission auf die Produktionsmerkmale.....	116
5.4	Phänotypische Zusammenhänge zwischen Methanmerkmalen und ausgewählten Fruchtbarkeitsmerkmalen	117
5.4.1	Modellierung des Einflusses der Methanemissionen auf ausgewählte Fruchtbarkeitsmerkmale	119
5.5	Schätzung genetischer Parameter der Methanmerkmale.....	120
5.5.1	Erstellung des Modells für genetische Analysen der Methanemission	121
5.6	Ergebnisse und Diskussion der phänotypischen und genetischen Analysen.....	121
5.6.1	Signifikanz von Effekten auf Methanmerkmale.....	121
5.6.2	Phänotypische Assoziationen der Methanmerkmale mit Zuchtzielmerkmalen	129
5.6.3	Phänotypische Assoziationen ausgewählter Zuchtzielmerkmale mit den Methanmerkmalen	135
5.6.4	Phänotypische Assoziationen der Methanmerkmale mit ausgewählten Fruchtbarkeitsmerkmalen	136
5.6.5	Schätzung genetischer Parameter	138
5.6.5.1	Heritabilitäten der Methanmerkmale.....	137
5.6.5.2	Zuchtwertkorrelationen zwischen Methan- und Zuchtzielmerkmalen.....	139
6	Kapitel III: Genomweite Assoziationsstudien	143

6.1	Spezifikation des genomischen Modells	143
6.2	Methodik der Single-Step-GWAS	144
6.3	Visualisierung der genomischen Assoziationen	145
6.4	Ergebnisse und Diskussion der genomweiten Assoziationsanalysen.....	147
7	Schlussfolgerungen	155

Literaturverzeichnis

Danksagung

Erklärung

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: CO ₂ -Äquivalente für die Treibhausgase CO ₂ , N ₂ O & CH ₄ (IPCC, 2021)	8
Tabelle 2: Durchschnittliche Anzahlen von Versuchstieren, Versuchstagen und Beobachtungen, ermittelt aus Publikationen, die CH ₄ -Emissionen mit unterschiedlichen Messmethoden quantifiziert haben	14
Tabelle 3: Vorhersagegleichungen für Methan, entwickelt auf Grundlage von Messungen in Respirationsskammern unter Angabe des Bestimmtheitsmaßes (R ²) und der Beobachtungszahlen, modifiziert nach Storm et al. (2012).....	17
Tabelle 4: Studien, die mit Respirationsskammern CH ₄ -Emissionen bestimmt haben, unter Angabe der Methanmerkmale, Einheiten und Mittelwerte	18
Tabelle 5: Verschiedene Analysegeräte, die bei Methanmessungen mit der Sniffer-Methode in unterschiedlichen Studien verwendet wurden, modifiziert nach Jonker et al. (2020).....	21
Tabelle 6: Studien, die mit der Sniffer-Methode CH ₄ -Emissionen bestimmt haben, unter Angabe der Methanmerkmale, Einheiten und Mittelwerte	22
Tabelle 7: Studien, die mit der GreenFeed-Methode CH ₄ -Emissionen bestimmt haben, unter Angabe der Methanmerkmale, Einheiten und Mittelwerte.....	24
Tabelle 8: Studien, die mit der SF ₆ -Methode CH ₄ -Emissionen bestimmt haben, unter Angabe der Methanmerkmale, Einheiten und Mittelwerte	27
Tabelle 9: Studien, die mit dem Laser-Methan-Detektor CH ₄ -Emissionen bestimmt haben, unter Angabe der Methanmerkmale, Einheiten und Mittelwerte.....	30
Tabelle 10: Datengrundlage der Metaanalysen von Ellis et al. (2007) und Ricci et al. (2013) zur Entwicklung von Methan-Schätzgleichungen, modifiziert nach Ellis et al. (2007) und Ricci et al. (2013)	32
Tabelle 11: Studien, die mit Schätzgleichungen CH ₄ -Emissionen bestimmt haben, unter Angabe der Methanmerkmale, Einheiten und Mittelwerte	36
Tabelle 12: Studien, die mit MIR-Spektraldaten von MilCHFettsäureprofilen CH ₄ -Emissionen bestimmt haben, unter Angabe der Methanmerkmale, Einheiten und Mittelwerte	39
Tabelle 13: Vor- und Nachteile bekannter Methan-Messmethoden.....	41
Tabelle 14: Verschiedene Methoden (RK = Respirationsskammer, SF ₆ = Sulfurhexafluorid-Messmethode, CO ₂ = Kohlenstoffdioxid als Marker-Gas, IPCC = Intergovernmental Panel on Climate Change Ansatz) zur Messung oder Schätzung der Methanemissionen von Rindern – im Vergleich, modifiziert nach Storm et al. (2012)	42
Tabelle 15: Vergleich verschiedener Methoden zur Messung von Methanemissionen bei Milchkühen, modifiziert nach Garnsworthy et al. (2019).....	43

Tabelle 16: Vergleich von Messtechniken zur Bestimmung der CH ₄ -Emissionen, modifiziert nach Zhao et al. (2020)	44
Tabelle 17: Geschätzte Heritabilitäten (h ²) von unterschiedlichen Methanmerkmalen zusammengefasst aus verschiedenen Studien, unter Angabe der Messtechnik, Beobachtungen und Tierzahl	50
Tabelle 18: Betriebscharakteristika der partizipierenden Betriebe mit Milchleistungsprüfungsdaten (kg Milch entspricht der durchschnittlichen tgl. Milchmenge, % Protein und % Fett entsprechen dem Protein- und Fettgehalt je kg Milch)	60
Tabelle 19: Anzahl an Kühen, Beobachtungen und Betriebsbesuchen, die für die Methanmessungen berücksichtigt wurden, aufgelistet nach den teilgenommenen Betrieben	61
Tabelle 20: Studien, die Methanmerkmale aus LMD-Messungen generiert haben....	72
Tabelle 21: Definition der Methanmerkmale und ihre Einteilung in die verschiedenen Bereiche: Eruktion, Respiration und Gesamtausstoß	73
Tabelle 22: Statistische Kenngrößen für die Boxplot-Berechnung mit einem gemeinsamen Schwellenwert ermittelt anhand unterschiedlicher Interquartilsabstände (IQR)	77
Tabelle 23: Statistische Kenngrößen für die Boxplot-Berechnung mit einem individuellen Schwellenwert ermittelt anhand unterschiedlicher Interquartilsabstände (IQR)	77
Tabelle 24: Statistische Kenngrößen für die bimodale Normalverteilung mit einem gemeinsamen Schwellenwert ermittelt anhand unterschiedlicher kumulativer Wahrscheinlichkeiten	79
Tabelle 25: Statistische Kenngrößen für die bimodale Normalverteilung mit einem individuellen Schwellenwert ermittelt anhand unterschiedlicher kumulativer Wahrscheinlichkeiten	80
Tabelle 26: Statistische Kenngrößen für die Methode der Standardabweichung (SD) zur Ermittlung eines gemeinsamen Schwellenwerts mit Vielfachen der Standardabweichung	81
Tabelle 27: Statistische Kenngrößen für die Methode der Standardabweichung (SD) zur Ermittlung eines individuellen Schwellenwerts mit Vielfachen der Standardabweichung	81
Tabelle 28: Statistische Kenngrößen für die Quantil-Methode mit einem gemeinsamen Schwellenwert ermittelt anhand unterschiedlicher Quantile.....	83
Tabelle 29: Statistische Kenngrößen für die Quantil-Methode mit einem individuellen Schwellenwert ermittelt anhand unterschiedlicher Quantile.....	84

Tabelle 30: Die besten Evaluierungskenngrößen, aus den vier verschiedenen Methoden zur Berechnung eines individuellen Schwellenwertes, welcher für die Erstellung physiologischer Methanmerkmale notwendig ist, gegenübergestellt....	85
Tabelle 31: Deskriptive Statistik der CH ₄ -Merkmale (n = 2.028 Messungen, Mittelwert (MW), Median, Standardabweichung (SD), Minimum (Min.) und Maximum (Max.))	86
Tabelle 32: Phänotypische Korrelationen (r_p) zwischen den Methanmerkmalen	87
Tabelle 33: Mittelwerte der Methanmerkmale [ppm-m] für jeden Betrieb	88
Tabelle 34: Deskriptive Statistik der Klimaparameter mit Mittelwert, Standardabweichung (SD), kleinstem (Min. Wert) und größtem (Max. Wert) Wert	93
Tabelle 35: Durchschnittswerte der Klimaparameter je Betrieb (Temp (Temperatur in °C), Wind (Windgeschwindigkeit in m/s), H (Luftfeuchtigkeit in %))	93
Tabelle 36: Phänotypische Korrelationen zwischen CH ₄ -Merkmalen und Klimaparametern (Temp (Temperatur in °C), Wind (Windgeschwindigkeit in m/s), H (Luftfeuchtigkeit in %))	95
Tabelle 37: Häufigkeitsverteilung der Beobachtungen von Methanmessungen nach Tageszeitintervallen (Effekt Time)	95
Tabelle 38: Least Squares Means und Standardfehler (SE) für das Methanmerkmal CH ₄ _{allmean} in Abhängigkeit von dem kombinierten fixen Effekt Laser-Methan-Detektor mit Beobachter aus Modell I	97
Tabelle 39: Definitionen der Methanmerkmale und der aus Modell I resultierenden Residuen, welche als Residuen-Methanmerkmale bezeichnet werden	98
Tabelle 40: Deskriptive Statistik der Residuen-Methanmerkmale (Mittelwert (MW), Standardabweichung (SD), Minimum (Min.), Maximum (Max.))	98
Tabelle 41: Vergleichbare Methanmerkmale, aufgrund gleicher Messmethode (Laser-Methan-Detektor), ähnlicher Transkription der Rohwerte zu Methanmerkmalen mit gleicher Einheit	101
Tabelle 42: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) pro Ration	109
Tabelle 43: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) für die Laktationsnummer	110
Tabelle 44: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) der Laktationstage zum Zeitpunkt der Methanmessung, eingeteilt in Klassen	110
Tabelle 45: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) für den Laktationsstatus der untersuchten Tiere	110
Tabelle 46: Verteilung der Methanmessungen (Beobachtungen) je Rasse	110

Tabelle 47: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) für das Kalbejahr (KJ), welches den Abkalbungen in den Jahren 2017-2021 entspricht.....	111
Tabelle 48: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) für die tägliche Milchmenge, mit entsprechenden Grenzen zur Klasseneinteilung	112
Tabelle 49: Deskriptive Statistik: Mittelwert (MW), Minimum (Min.) und Maximum (Max.) der Kovariablen Mkg und ECM in [kg]	112
Tabelle 50: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) für die Fettmenge [kg] mit entsprechenden Grenzen der Klasseneinteilung	112
Tabelle 51: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) für den Fettgehalt [%] mit entsprechenden Grenzen zur Klasseneinteilung	113
Tabelle 52: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) für den Proteinmenge [kg] mit entsprechenden Grenzen zur Klasseneinteilung	113
Tabelle 53: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) für den Proteingehalt [%] mit entsprechenden Grenzen zur Klasseneinteilung	113
Tabelle 54: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) für den Fett-Eiweiß- Quotienten mit entsprechenden Grenzen zur Klasseneinteilung	114
Tabelle 55: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) für das Besamungsalter mit entsprechenden Grenzen der Klasseneinteilung	118
Tabelle 56: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) je Belegungsmonat..	119
Tabelle 57: P-Werte der Residuen-Methanmerkmale in Abhängigkeit von den Effekten Zeitgefährtengruppe_Saison (ZGG_S), Abkalbejahr (KJ), Laktationsnummer (LA), Laktationsstatus (TS), Fütterung (R) und Kalbealter (KA) aus Modell II	122
Tabelle 58: Least Squares Means der Residuen-Methanmerkmale im Vergleich der Rationen 2 und 5, inklusive Signifikanzangaben	123
Tabelle 59: Least Squares Means mit Standardfehler (SE), Minimum (Min.) und Maximum (Max.) für das Merkmal $\text{resCH}_4_{\text{allmean}}$ in Abhängigkeit von der Ration, mit signifikanten Unterschieden für das Merkmal $\text{resCH}_4_{\text{allmean}}$ zwischen Ration 1 und Ration 3	124
Tabelle 60: Least Squares Means der Residuen-Methanmerkmale im Vergleich des Laktationsstatus, inklusive Signifikanzangabe.....	126
Tabelle 61: Least Squares Means mit Standardfehler (SE), Minimum (Min.) und Maximum (Max.) für das Merkmal $\text{resCH}_4_{\text{allmean}}$ in Abhängigkeit von der Laktationsnummer (LA), mit signifikanten Unterschieden für das Merkmal $\text{resCH}_4_{\text{allmean}}$ zwischen Klasse 1 und Klasse 2.....	128

Tabelle 62: P-Werte der Residuen-Methanmerkmale in Abhängigkeit von ausgewählten Produktionsmerkmalen (Milchmenge (Mkg), energiekorrigierte Milchmenge (ECM), Fett-Eiweiß-Quotienten (FEQ))	130
Tabelle 63: Least Squares Means mit Standardfehler (SE) für das Methanmerkmal $\text{resCH}_4_{\text{allmean}}$ in Abhängigkeit vom Fett-Eiweiß-Quotienten (FEQ-Klassen).....	133
Tabelle 64: Phänotypische Korrelation nach Pearson zwischen den Residuen- Methanmerkmalen und Produktionsmerkmalen, sowie Gesundheitsindikatoren	134
Tabelle 65: Least Squares Means des Fett-Eiweiß-Quotienten mit Standardfehler (SE) in Abhängigkeit vom Merkmal $\text{resCH}_4_{\text{erucmean}}$	136
Tabelle 66: Heritabilitäten (h^2) mit Standardfehler (SE) und Varianzkomponenten (σ^2 = additive genetische Varianz, σ_{pe}^2 = permanente Umweltvarianz, σ_e^2 = Restvarianz) der untersuchten Merkmale	138
Tabelle 67: Zuchtwertkorrelationen zwischen den Residuen-Methanmerkmalen und ausgewählten Zuchtzielmerkmalen, n = 126 Bullen mit mindestens 5 Töchterleistungen	141
Tabelle 68: Anzahl der Methanmessungen nach Betrieben mit Mittelwert (MW) $\text{resCH}_4_{\text{respsum}}$ und der erfassten durchschnittlichen Milchmenge [kg] je Betrieb ...	147
Tabelle 69: Position und Beschreibung potenzieller Kandidatengene, die sich im Intervall von 100 kbp um einen suggestiv assoziierten SNP für das Merkmal $\text{resCH}_4_{\text{respsum}}$ befinden.....	150
Tabelle 70: Position und Beschreibung potenzieller Kandidatengene, die auf Basis signifikanter SNP oberhalb der Kandidatenschwelle auf bestimmten Chromosomen (BTA) identifiziert wurden und somit mit dem Merkmal $\text{resCH}_4_{\text{respsum}}$ assoziiert sind. In dieser Tabelle sind alle identifizierten SNPs, welche auf potenziellen Kandidatengenen gefunden wurden, aufgelistet.....	151

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Methanogenese der Wiederkäuer	13
Abbildung 2: Schematischer Aufbau einer Respirationskammer. Modifiziert nach Storm et al., 2012 lizenziert unter CC BY 3.0	15
Abbildung 3: Aufbau Sniffer-Technik in einer Kraftfutterstation eines automatischen Melksystems (AMS) übernommen aus Huhtanen et al., 2015 lizenziert unter CC BY-NC-ND 4.0	19
Abbildung 4: Aufbau eines GreenFeed-Systems in einer Kraftfutterstation übernommen aus Huhtanen et al., 2015 lizenziert unter CC BY-NC-ND 4.0	23
Abbildung 5: Equipment für die SF ₆ -Messmethode. Hegarty, R. S.; Goopy, J. P., „Cattle selected for lower residual feed intake have reduced daily methane production“, Journal of Animal Science, 2007, Band 85, Heft 6, S. 1479-1486. Übersetzt und reproduziert mit Genehmigung von Oxford University Press im Namen der American Society of Animal Science (ASAS) (p. 4). Haftungsausschluss für Übersetzungen: OUP und die ASAS sind nicht verantwortlich oder in irgendeiner Weise haftbar für die Genauigkeit der Übersetzung (p. 4)	25
Abbildung 6: Laser-Methan-Detektor (LMD) Detailansicht, links; Methanmessung einer Milchkuh mit einem LMD, rechts	28
Abbildung 7: Jährliche Methanproduktion [kg] in Abhängigkeit von der jährlichen Milchleistung [kg], modifiziert nach Piatkowski et al. (2010)	34
Abbildung 8: Mit steigender Milchleistung nimmt die Methanintensität (CH ₄ /kg Milch) ab, wobei die absolute Menge an Methan mit steigender Milchleistung zunimmt. Entnommen aus Flachowski & Brade (2007, S.439), mit freundlicher Genehmigung des Verlags Eugen Ulmer	46
Abbildung 9: Funktionsweise eines Laser-Methan-Detektors. Der angezeigte Messwert wird über die Konzentration und die Größe der Methanwolke bestimmt (Tokyo Gas Engineering Co. Ltd., 2015)	65
Abbildung 10: Beispiel eines CH ₄ -Profils eines Tieres über eine Messperiode von drei Minuten; rote Punkte (Peaks) = Methanausstoß der Kuh, schwarze Kreise (Täler) = diffundiertes Methan in der Umgebungsluft, welches nicht als erneuter Methanausstoß des Tieres gewertet wird. Gestrichelte Linie = berechneter Schwellenwert, Anhäufungen roter Punkte über der gestrichelten Linie = Ruktus- Ereignis (CH ₄ _erucevent)	70

Abbildung 11: Standardisierte Aufteilung der Werte eines Boxplots, Minimum: Kleinsten Wert im Datensatz, unteres Quartil: Stellt den unteren Rand der Box dar, von hier bis zum oberen Quartil sind 50 % der Werte in der Box enthalten, Median: Markiert die Grenze, an der 50 % der Werte oberhalb und 50 % der Werte unterhalb liegen, oberes Quartil: Stellt den oberen Rand der Box dar, unterhalb dieses Quartils liegen 75 % der Werte, Maximum: Größter Wert des Datensatzes (Duden Learnattack GmbH, o.J.).....	76
Abbildung 12: Darstellung des Schwellenwertes mittels kumulativer Wahrscheinlichkeit, bei Annahme einer bimodalen Normalverteilung für das Merkmal „Methanausstoß“, welches unterteilt wird in eine Respiration- und Eruktionfraktion. Die untere Normalverteilung spiegelt die Werte der Respiration wider, wohingegen die obere Normalverteilung die Werte der Eruktion enthält. Der Schwellenwert wird so definiert, dass 95 % der gemessenen Werte unterhalb dieses Schwellenwertes liegen. Alle Werte unterhalb dieser Schwelle zählen zur Respiration, auch wenn sie sich in der oberen Normalverteilung (Eruktion) befinden. Dieser überlappende Bereich der Normalverteilungen stellt die kumulative Wahrscheinlichkeit der beiden Fraktionen für das Merkmal „Methanausstoß“ dar.....	79
Abbildung 13: CH ₄ -Messprofil mit individuellem Schwellenwert, welcher mit einer einfachen Standardabweichung ermittelt wurde. Schwellenwert: Gestrichelte Linie; Mittelwert: Durchgezogene Linie	82
Abbildung 14: Die Werte des Methanmerkmals CH _{4_allmean} für jeden Betrieb in einem Boxplot dargestellt. Die rote Linie markiert den Durchschnittswert aller durchgeführten Messungen über alle Betriebe hinweg für das Merkmal CH _{4_allmean}	88
Abbildung 15: Histogramme des Merkmals CH _{4_allmean} im Originalzustand (links) sowie nach Quadratwurzel-Transformation (rechts) zur Annäherung an die Normalverteilung.....	89
Abbildung 16: Lineare Regression der Abhängigkeit von CH _{4_allmean} zur gemessenen Temperatur [°C] (links), fixe lineare Regression der Abhängigkeit von CH _{4_allmean} zur gemessenen Temperatur [°C] als Polynomfunktion der 4. Ordnung (rechts) ..	94
Abbildung 17: Least Squares Means, mit Standardfehler, für das Methanmerkmal CH _{4_allmean} in Abhängigkeit von verschiedenen Zeitintervallen der Methanmessungen, welche als fixer Effekt „Time“ in Model I dargestellt sind	96

Abbildung 18: Least Squares Means, mit Standardfehler, für das Methanmerkmal $\text{CH}_4_{\text{allmean}}$ in Abhängigkeit von dem kombinierten fixen Effekt Laser-Methan-Detektor mit Beobachter (LMD_Beob) aus Modell I; wobei die Buchstaben a und b den jeweiligen Laser-Methan-Detektor wiedergeben und die Zahlen 1-3, welche die Beobachter repräsentieren	97
Abbildung 19: Unterschiedliche Ausprägung des Methanmerkmals $\text{resCH}_4_{\text{allmean}}$ in Abhängigkeit von dem Effekt Ration (1 = hohe Energieration, 2 = mittlere Energieration, 3 = niedrige Energieration, 4 = Stickstoff und Phosphor reduzierte Ration, 5 = Frischgrasfütterung), dargestellt als Boxplotvergleich	109
Abbildung 20: Boxplot-Vergleich des Methanmerkmals $\text{resCH}_4_{\text{allmean}}$, dargestellt in Abhängigkeit von den Rationen 2 und 5 in Betrieb 1, wobei Ration 2 = Teil-Mischration mit individueller Kraftfuttergabe und Ration 5 = frisch geschnittenes Grünlandfutter mit individueller Kraftfuttergabe	123
Abbildung 21: Boxplot-Vergleich des Methanmerkmals $\text{resCH}_4_{\text{allmean}}$, dargestellt in Abhängigkeit vom Laktationsstatus (TS), wobei 1 = trockenstehende Kühe & Färsen, 2 = laktierende Kühe	125
Abbildung 22: Least Squares Means von $\text{resCH}_4_{\text{allmean}}$ in Abhängigkeit vom Laktationsstatus (TS), mit Standardfehler	127
Abbildung 23: Least Squares Means des Methanmerkmals $\text{resCH}_4_{\text{allmean}}$ in Abhängigkeit von der Laktationsnummer (LA), mit Standardfehler	128
Abbildung 24: Streudiagramm zur Darstellung der Verteilung von $\text{resCH}_4_{\text{allmean}}$ in Abhängigkeit von der Milchmenge (Mkg)	130
Abbildung 25: Streudiagramm zur Darstellung der Verteilung von $\text{resCH}_4_{\text{allmean}}$ in Abhängigkeit von der energiekorrigierten Milchmenge (ECM).....	131
Abbildung 26: Streudiagramm, welches den Zusammenhang zwischen der Methanintensität (CH_4/Mkg) und der Milchmenge (Mkg) darstellt	132
Abbildung 27: Least Squares Means des Methanmerkmals $\text{resCH}_4_{\text{allmean}}$ in Abhängigkeit vom Fett-Eiweiß-Quotienten (FEQ), mit Standardfehler	133
Abbildung 28: Least Squares Means des Fett-Eiweiß-Quotienten in Abhängigkeit von dem Methanmerkmal $\text{resCH}_4_{\text{erucmean}}$, mit Standardfehler	135
Abbildung 29: Manhattan-Plot für $-\log_{10}$ p-Werte von SNP-Effekten für das Merkmal $\text{resCH}_4_{\text{respsun}}$ bei HF- und DSN-Kühen. Die rote Linie zeigt den Wert der Suggestivschwelle ($p_{\text{CD}} = 1,00 \cdot 10^{-4}$), die blaue Linie zeigt den Bonferroni-korrigierten Schwellenwert ($p_{\text{BF}} = 1,35 \cdot 10^{-6}$). Die grauen und schwarzen Punkte zwischen den Linien zeigen die signifikanten SNPs für das Methanmerkmal $\text{resCH}_4_{\text{respsun}}$ an	146

Abbildung 30: Darstellung des Quantil-Quantil-Plots der beobachteten gegenüber den erwarteten $-\log_{10}$ p-Werten	146
--	-----

Abkürzungsverzeichnis

AIC	Akaike Information Criterion
ATP	Adenosintriphosphat
AMS	Automatisches Melksystem
BLE	Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
BLUP	Best Linear Unbiased Prediction
BTA	Bos-Taurus-Autosom
CH ₄	Methan
CO ₂	Kohlenstoffdioxid
DIM	Days in Milk (Tage in Milch)
DMI	Dry Matter Intake (Trockenmasseaufnahme)
DMU	Data Management Utility
DNA	Desoxynucleotid Acid (Desoxynukleinsäure)
DSN	Deutsches Schwarzbuntes Niederungsrind
ECM	energie-korrigierte Milchmenge [kg]
EKA	Erstkalbealter [Tage]
FEQ	Fett-Eiweiß-Quotient
Fkg	Fettmenge [kg]
FPCM	Fat and Protein Corrected Milkyield (Fett- und Protein korrigierte Milchmenge [kg])
FPr	Fettgehalt [%]
FTIR	Fourier Transformed Infrared absorption spectroscopy
GZW	genomische Zuchtwertschätzung
GF	GreenFeed-System
GWAS	Genome Wide Association Study (genomweite Assoziationsstudie)
GWP	Global Warming Potential

H	Humidity [%] (Luftfeuchtigkeit)
h ²	Heritabilität
H ₂	Wasserstoff
HF	Holstein Friesian
HPU	Head Production Unit
ICAR	International Committee for Animal Recording
IPCC	Intergovernmental Panel on Climate Change
IQR	Interquartil-Abstand
k.A.	Keine Angabe
kbp	Kilobasenpaare
KH	Kohlehydrate
KKFS	kurzkettige Fettsäuren
LMD	Laser-Methan-Detektor
LSMeans	Least Squares Means (angepasste Mittelwerte)
MIR	Mid-Infrared Spektroskopie (mittlere Infrarot Spektroskopie)
Mkg	produzierte Milchmenge pro Tag [kg]
MLP	Milchleistungsprüfung
MW	Mittelwert
NDIR	Nicht-Dispersiver Infrarot-Sensor
N ₂ O	Stickstoffdioxid
n.s.	Nicht signifikant
Pkg	Proteinmenge [kg]
PMR	Teil-Mischration (partial mixed ration)
PPr	Proteingehalt [%]
Temp	Temperatur [°C]
THG	Treibhausgase

TMA	Trockenmasseaufnahme
TMR	Total-Mischration (total mixed ration)
QQ-Plot	Quantil-Quantil-Plot
RAST	Rastzeit [Tage]
RFI	Residual Feed Intake (Restfutteraufnahme)
R	Merkmal für die Ration
r	Korrelation
RK	Respirationskammer
RSS	Residual Sum of Square
SCFA	Short Chain Fatty Acids (kurzkettige Fettsäuren)
SCS	Somatic Cell Score
SD	Standardabweichung
SE	Standard Error (Standardfehler)
Sig.	Signifikant
SF ₆	Sulfurhexafluorid
SNP	Single Nucleotide Polymorphism
TS	Laktationsstatus (nicht laktierende oder laktierende Kühe)
VIT	Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V.
Wind	Windgeschwindigkeit [m/s]
WDK	Wiederkäuer
ZGG	Zeitgefährtengruppe
ZKZ	Zwischenkalbezeit [Tage]
ZW	Zuchtwert

Zusammenfassung

Der Klimawandel betrifft die gesamte Weltbevölkerung. Die wissenschaftlichen Forschungen hierzu sind umfassend und vielschichtig, mit dem übergeordneten Ziel, die globale Erwärmung zu begrenzen. Ein Ansatz, der insbesondere in Europa verfolgt wird, ist die Reduzierung des Ausstoßes von Klimagasen in der Landwirtschaft. Da die Landwirtschaft jedoch eine zentrale Rolle in der Nahrungsmittelproduktion einnimmt, kann sie nicht einfach „abgeschafft“ werden. Vielmehr muss sie so weiterentwickelt werden, dass eine nachhaltige Ernährung der Menschheit auch in Zukunft – und damit über viele Generationen hinweg – auf dieser Erde möglich bleibt.

Ziel der vorliegenden Arbeit war es, im Bereich der Landwirtschaft den Ausstoß von Klimagasen in der Milchviehhaltung zu untersuchen und Möglichkeiten zur Reduktion dieser Emissionen aufzuzeigen. Im Fokus stand dabei insbesondere das Treibhausgas Methan (CH_4), das in erheblichem Maße von Milchkühen produziert wird. Zu diesem Zweck wurden umfangreiche Messungen ($n = 2.076$) der Methanproduktion von Milchkühen in zehn Praxisbetrieben durchgeführt. Ergänzend wurden sowohl genetische als auch genomische Analysen vorgenommen. Die erhobenen Methanwerte wurden hinsichtlich bedeutender exogener Einflussfaktoren, die die Messungen potenziell verfälschen könnten, korrigiert und anschließend als Methanmerkmale mit phänotypischen Produktionsmerkmalen in Beziehung gesetzt. Ferner wurden Heritabilitäten für die entwickelten Methanmerkmale geschätzt sowie genomweite Assoziationsstudien (GWAS) durchgeführt, um Gene zu identifizieren, die mit der Methanproduktion in Zusammenhang stehen. Ziel war es, mögliche züchterische Einflussmöglichkeiten auf die Methanemissionen von Milchkühen zu bewerten.

Die Ergebnisse dieser Arbeit zeigten unter anderem eine hohe negative phänotypische Korrelation zwischen der Methanintensität (CH_4/Mkg) und der Milchmenge [kg] ($r = -0,75$). Zudem wurde ein Einfluss der Fütterung auf die Methanproduktion festgestellt: Je höher die Energiedichte der Ration, desto geringer fiel die Methanemission aus. Weiterhin konnte eine moderat positive Zuchtwertkorrelation zwischen Methanmerkmalen und dem Erstkalbealter ermittelt werden.

Die geschätzten Heritabilitäten der hier entwickelten Methanmerkmale lagen mit $h^2 = 0,024$ auf einem sehr niedrigen Niveau und damit unterhalb der Werte anderer Studien. Methan stellt ein komplexes Merkmal dar, das von zahlreichen biologischen und umweltbedingten Faktoren beeinflusst wird. Dies deutet darauf hin, dass eine direkte züchterische Beeinflussung der Methanproduktion nur eingeschränkt möglich ist. Diese Annahme wird auch durch die Ergebnisse der genomweiten Assoziationsstudien gestützt: Es konnte kein einzelnes Gen identifiziert werden, das in direktem Zusammenhang mit der Methanproduktion steht – wie dies beispielsweise bei der Milchleistung und dem *DGAT*-Gen der Fall ist. Stattdessen wurden überwiegend Gene detektiert, die indirekten Einfluss auf die Methanproduktion nehmen, etwa über den Energiestoffwechsel oder die Fettsynthese. Zu diesen Genen gehören unter anderem das *B3GNT3*-Gen, welches im Allgemeinen Stoffwechselvorgänge beeinflusst, und das *NIPSNAP3A*-Gen, welches bei einer Ketoseerkrankung eine Rolle spielt, oder das *ZC3H14*-Gen, welches an der Protein- und Fettsäurezusammensetzung der Milch beteiligt ist.

Die Ergebnisse dieser Studie zeigten, dass Methan als Merkmal in der Rinderzucht grundsätzlich von Interesse sein kann, eine gezielte Zucht auf niedrigen Methanausstoß allein jedoch aufgrund der komplexen biologischen Zusammenhänge kaum realisierbar und auch nicht erstrebenswert erscheint. Ein in dieser Arbeit nicht vertiefter, jedoch relevanter Aspekt betrifft die genetische Beziehung zwischen dem Wirtstier Rind und seinem Pansenmikrobiom, das für den Großteil der Methanproduktion verantwortlich ist. Ein zukünftiges Ziel könnte darin bestehen, über das Mikrobiom des Pansens indirekten genetischen Einfluss auf die Methanproduktion zu nehmen und damit neue Ansätze für eine nachhaltige Zuchtstrategie zu entwickeln.

Summary

Climate change affects the global population in its entirety. Scientific research in this field is extensive and multifaceted, with the primary objective of limiting global warming. One approach, pursued particularly in Europe, involves the reduction of greenhouse gas emissions within the agricultural sector. However, as agriculture plays a central role in food production, it cannot simply be abolished. Instead, it must be further developed to ensure that sustainable human nutrition remains possible on this planet for future generations.

The objective of the present study was to investigate greenhouse gas emissions in dairy farming and to identify potential strategies for emission reduction. The focus was specifically on methane (CH_4), a greenhouse gas produced in significant quantities by dairy cows. For this purpose, extensive measurements of methane production ($n = 2.076$) were conducted across ten commercial farms. These were supplemented by both genetic and genomic analyses. The recorded methane values were adjusted for significant exogenous factors that could potentially bias the measurements and were subsequently correlated as methane traits with phenotypic production traits. Furthermore, heritabilities for the developed methane traits were estimated, and genome-wide association studies (GWAS) were performed to identify genes associated with methane production. The aim was to evaluate the potential for selective breeding to influence methane emissions in dairy cattle.

The results of this study revealed, among other findings, a high negative phenotypic correlation between methane intensity (CH_4/Mkg) and milk yield [kg] ($r = -0.75$). Additionally, an effect of nutrition on methane production was observed: Higher energy density in the ration resulted in lower methane emissions. Furthermore, a moderately positive breeding value correlation was determined between methane traits and age at first calving.

The estimated heritabilities for the methane traits developed herein were at a very low level ($h^2 = 0.024$), falling below the values reported in other studies. Methane represents a complex trait influenced by numerous biological and environmental factors. This suggests that influencing methane production directly through selective breeding is only possible to a limited extent. This assumption is supported by the GWAS results: No single gene was identified that is directly associated with methane production – as is the case, for

example, with milk yield and the *DGAT* gene. Instead, the detected genes primarily exert an indirect influence on methane production, for instance through energy metabolism or lipid synthesis. These include the *B3GNT3* gene, which influences general metabolic processes; the *NIPSNAP3A* gene, which plays a role in ketosis; and the *ZC3H14* gene, which is involved in the protein and fatty acid composition of milk.

The results of this study indicate that, while methane may fundamentally be a trait of interest in cattle breeding, targeted selection for low methane emissions alone appears barely feasible and not desirable due to complex biological interdependencies.

An aspect not explored in depth in this work, yet of high relevance, concerns the genetic relationship between the host animal and its ruminal microbiome, which is responsible for the majority of methane production. A future objective could be to exert an indirect genetic influence on methane production via the rumen microbiome, thereby developing new approaches for sustainable breeding strategies.

1 Einleitung

Methan (CH_4) ist ein 28-mal potenteres Treibhausgas als Kohlenstoffdioxid (CO_2) und besitzt somit einen deutlich stärkeren Einfluss auf das Klima und die globale Erwärmung (Intergovernmental Panel on Climate Change [IPCC], 2006). Die Landwirtschaft trägt etwa 10 % zu den weltweiten CH_4 -Emissionen bei, wobei bis zu 80 % dieser Emissionen der Tierhaltung zugeschrieben werden. Damit leistet insbesondere die Nutztierhaltung – und hier primär die Milchviehhaltung – einen wesentlichen Beitrag zur globalen Erderwärmung (IPCC, 2019).

Der gesellschaftliche und politische Druck, Treibhausgase (THG) in allen Wirtschaftssektoren zu reduzieren, nimmt kontinuierlich zu. Bereits im Jahr 2008 forderte die Europäische Union ihre Mitgliedsstaaten auf, die gesamten THG-Emissionen bis 2020 um 20 % gegenüber dem Niveau von 1990 zu senken (Europäische Union, 2008). Diese Vorgabe besitzt auch weiterhin Relevanz und verdeutlicht die Dringlichkeit, vielfältige Strategien zur Emissionsminderung zu erforschen und umzusetzen.

Vor diesem Hintergrund verfolgte die vorliegende Arbeit das Ziel, züchterische Strategien zur Reduktion der Methanemissionen bei Milchkühen zu untersuchen. Dieses Forschungsziel ist sowohl von wissenschaftlicher Bedeutung als auch von hoher praktischer Relevanz für den Klimaschutz und den Erhalt einer nachhaltigen, zukunftsfähigen Landwirtschaft.

Zur Erfassung der Methanemissionen von Milchkühen wurde in dieser Arbeit ein Laser-Methan-Detektor (LMD) eingesetzt (Chagunda et al., 2009b). Weitere etablierte Methoden umfassen die Sniffer-Technik (Garnsworthy et al., 2012), die beispielsweise in Kraftfutterautomaten automatischer Melksysteme (AMS) integriert werden kann, sowie Messungen von CH_4 und weiteren Parametern in Respirationskammern (RK) (Piatkowski et al., 2010). Überdies besteht die Möglichkeit, Methan indirekt über die Analyse der Milchfettsäurezusammensetzung (Dehareng et al., 2012) zu schätzen oder mithilfe der sogenannten SF_6 -Technik zu bestimmen (Hegarty et al., 2007), bei der das aus dem Pansen freigesetzte SF_6 -Gas gesammelt und zur Berechnung der Methanemission herangezogen wird.

Ein weiterer Schwerpunkt dieser Arbeit lag in der Entwicklung und Definition spezifischer Methanmerkmale. Die Erstellung solcher Merkmale erschwert derzeit den direkten Vergleich zwischen Methanstudien, ist jedoch notwendig, da bislang kein allgemein anerkanntes und standardisiertes Merkmal existiert. In der aktuellen Forschung werden in nahezu jeder Studie eigene Merkmalsdefinitionen verwendet, die zwar inhaltliche Analogien aufweisen, sich im methodischen Aufbau und in der Berechnung jedoch unterscheiden. Diese Heterogenität führt zu einer eingeschränkten Vergleichbarkeit zwischen Studien und limitiert zugleich den Datenzuwachs, der für umfassende genetische und genomische Analysen erforderlich ist.

2 Literaturübersicht

2.1 Bedeutung von Treibhausgasen

Der natürliche Treibhauseffekt sorgt dafür, dass die klimatischen Bedingungen der Erde auf einem Niveau liegen, das Leben in seiner heutigen Form ermöglicht. Zu den wichtigsten am Treibhauseffekt beteiligten Gasen zählen Wasserstoff (H_2), Kohlendioxid (CO_2), Methan (CH_4), Lachgas (N_2O) und Ozon (O_3). Vor allem CO_2 und H_2 lassen die kurzwellige, energiereiche Sonnenstrahlung weitgehend passieren und absorbieren einen Teil der langwelligen Wärmestrahlung, die von der Erdoberfläche abgegeben wird. Dadurch verbleibt ein Teil der Wärme in der Atmosphäre, was zu einer Erwärmung der Erdoberfläche führt. Ohne diesen natürlichen Effekt wäre die Erde vereist (IPCC, 2021; Umweltbundesamt, 2023). Der anthropogene Treibhauseffekt beschreibt die durch menschliche Aktivitäten verursachte Verstärkung des natürlichen Treibhauseffekts. Durch die zunehmende Emission klimawirksamer Gase wird ein größerer Anteil der von der Erdoberfläche abgegebenen Infrarotstrahlung in der Atmosphäre absorbiert und in Richtung Erde zurückgestrahlt. Dadurch kann weniger Wärmeenergie in den Weltraum entweichen, was zu einer zusätzlichen Erwärmung der unteren Atmosphäre und der Erdoberfläche führt.

Eine steigende Konzentration von THG führt folglich zu einer verstärkten Wärmeabsorption und damit zu einem Temperaturanstieg über das für das natürliche Klimasystem charakteristische Niveau hinaus. Diese zusätzliche Erwärmung äußert sich im gegenwärtig beobachtbaren Klimawandel.

Als besonders klimarelevante Treibhausgase gelten neben CO_2 insbesondere CH_4 und N_2O , deren atmosphärische Konzentrationen seit Beginn der Industrialisierung deutlich zugenommen haben. Beide Gase besitzen ein erheblich höheres Treibhauspotenzial (Global Warming Potential, GWP) als CO_2 , da sie pro Molekül deutlich mehr Wärmestrahlung absorbieren und teilweise über längere Zeiträume in der Atmosphäre verbleiben. Das GWP beschreibt die relative Erwärmungswirkung eines Treibhausgases im Vergleich zu CO_2 über einen festgelegten Zeitraum und wird in CO_2 -Äquivalenten angegeben. Es quantifiziert somit, wie viel stärker ein bestimmtes Gas zur globalen Erwärmung beiträgt als die gleiche Masse an CO_2 . CO_2 dient dabei als Referenzgas mit einem GWP

von 1. Nach dem aktuellen Bericht des Intergovernmental Panel on Climate Change (IPCC) beträgt das GWP über einen Zeitraum von 100 Jahren (GWP_{100}) für Methan 27,9 (ohne Berücksichtigung klimatischer Rückkopplungen) bzw. 29,8 (unter Einbeziehung indirekter Effekte). Für Distickstoffoxid wird ein GWP_{100} von 273 angegeben. Dies bedeutet, dass Methan über einen Zeitraum von 100 Jahren etwa 28- bis 30-mal stärker zur globalen Erwärmung beiträgt als dieselbe Menge CO_2 (IPCC, 2021). In Tabelle 1 sind die GWP der drei oben genannten Treibhausgase gegenübergestellt.

Tabelle 1: CO_2 -Äquivalente für die Treibhausgase CO_2 , N_2O & CH_4 (IPCC, 2021)

Treibhausgas	GWP¹
CO_2	1
N_2O	273
CH_4	28

¹GWP = global warming potential, bezogen auf 100 Jahre

Der damit einhergehende Temperaturanstieg auf der Erde hat verheerende Auswirkungen auf das weltweite Klima. Die Folgen der Klimaerwärmung zeigen sich in gehäuften Extremwetterlagen, wie Dürren, Starkregen und Hitzewellen sowie in einer Veränderung der Klimazonen (Flachowsky & Brade, 2007; Lehmann et al., 2013).

2.1.1 Treibhausgase in der Landwirtschaft - global, europaweit und in Deutschland

In der Landwirtschaft entstehen vordergründig die Treibhausgase CH_4 und N_2O . Ihr Anteil an den Gesamtemissionen nimmt mit der zunehmenden Intensivierung der landwirtschaftlichen Produktion weiter zu. Diese Entwicklung steht in engem Zusammenhang mit dem weltweiten Bevölkerungswachstum und dem damit verbundenen Bedarf an einer gesicherten Nahrungsmittelversorgung. Zu den wichtigsten Quellen landwirtschaftlicher Treibhausgasemissionen zählen die Produktion von Mineraldüngern, Landnutzungsänderungen (z. B. die Trockenlegung von Mooren oder Brandrodungen zur Flächengewinnung), die Tierhaltung sowie bestimmte Formen der pflanzlichen Lebensmittelerzeugung, etwa der Reisanbau (Umweltbundesamt, 2023).

Weltweite Emissionen:

Nach Angaben des IPCC stammen weltweit rund 21 % bis 37 % der gesamten Treibhausgasemissionen aus der Land- und Forstwirtschaft sowie aus nachgelagerten Prozessen der Nahrungsmittelproduktion. Diese Zahlen verdeutlichen die globale Relevanz des Agrarsektors für den Klimawandel (IPCC, 2019).

Emissionen in Europa:

In der Europäischen Union entfallen etwa 10 % der gesamten Treibhausgasemissionen auf die Landwirtschaft. Davon wiederum bestehen rund 38 % der Emissionen aus CH₄ und etwa 31 % aus N₂O (Europäische Umweltagentur [EUA], 2019). Der größte Teil dieser Emissionen entsteht durch die Tierhaltung, insbesondere durch Wiederkäuer, sowie durch den Einsatz stickstoffhaltiger Düngemittel.

Emissionen in Deutschland:

In Deutschland war die Landwirtschaft im Jahr 2023 für 8,2 % der gesamten anthropogenen Treibhausgasemissionen verantwortlich. Davon stammen 76,7 % der nationalen Methanemissionen und 77,5 % der Distickstoffoxidemissionen aus der Landwirtschaft. Damit stellt der Agrarsektor einen der zentralen Verursacher nicht CO₂-basierter Treibhausgase in Deutschland dar (Umweltbundesamt, 2023).

2.1.2 Treibhausgase in der landwirtschaftlichen Tierhaltung

In der Klimabilanz von rinderhaltenden Betrieben werden insbesondere prozessbedingte CO₂-Emissionen, direkte und indirekte N₂O-Emissionen sowie enterische und lagerbedingte CH₄-Emissionen berücksichtigt (Appelhans et al., 2022).

Weltweit variieren die Anteile der landwirtschaftlichen Tierhaltung an den gesamten THG-Emissionen je nach Land und Studie zwischen 8 % und 51 % (Herrero et al., 2011). Innerhalb dieser globalen Emissionen tragen deutsche Milchkühe nur einen sehr geringen Anteil von 0,22 % bei (Piatkowski et al., 2010). In Europa entfallen etwa 81-86 % der Treibhausgasemissionen aus der Landwirtschaft auf die Nutztierhaltung (Europäische Kommission, 2020).

In Deutschland beträgt der Anteil aus der Tierhaltung an den gesamten nationalen Emissionen 5,2 %. dies entspricht einem Anteil von 63 % der Emissionen aus der

deutschen Landwirtschaft. Besonders relevant ist hierbei die Methanproduktion: Die Nutztierhaltung ist für 76 % der CH₄-Emissionen des deutschen Landwirtschaftssektors verantwortlich. Damit stellt die Tierhaltung den dominanten Verursacher von Methanemissionen in Deutschland dar (Fuß et al., 2025).

2.1.3 Methan in der Milchviehhaltung

Mit 96 % der landwirtschaftlich emittierten CH₄-Emissionen stehen Rinder, einschließlich Milchkühe, an der Spitze der Methanproduzenten in der Landwirtschaft (Umweltbundesamt, 2023). Milchkühe sind bedeutende Methanemittenten, was auf ihre besondere Verdauung als Wiederkäuer (WDK) zurückzuführen ist. Durch die bakterielle Aktivität der Pansenflora können sie pflanzliche Bestandteile in Energie umsetzen. Während dieser sogenannten Fermentation wird CH₄ freigesetzt. CH₄ ist für den WDK selbst nicht verwertbar und wird daher über den Ruktus in die Atmosphäre abgegeben (von Engelhardt et al., 2015). Dabei verlieren die Tiere etwa 6-8 % ihrer aufgenommenen Bruttoenergie durch die Methanproduktion, sodass diese Energie für den eigenen Organismus und Stoffwechselvorgänge nicht mehr zur Verfügung steht. Dieser Energieverlust entsteht, weil bei der Umsetzung von CO₂ zu CH₄ Energie in Form von Adenosintriphosphat (ATP) verbraucht wird (Flachowsky & Brade, 2007). Die Reduktion der Methanproduktion in Milchkühen hat daher zwei Vorteile: Sie verringert den Anteil des klimaschädlichen Methans und minimiert gleichzeitig den Energieverlust der Tiere. Dies führt zu effizienteren Tieren, die ressourcenschonender wirtschaftlich genutzt werden können.

2.2 Methanproduktion der Wiederkäuer

2.2.1 Methan als Treibhausgas

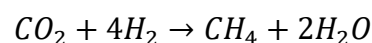
Methan, auch Sumpfgas genannt, wird unter anderem beim mikrobiellen Abbau von organischem Material unter anaeroben Bedingungen gebildet. Es ist geruchlos, farblos, brennbar, explosiv und ungiftig mit einer geringeren Dichte als Luft. Es ist der einfachste Kohlenwasserstoff und gehört zur chemischen Gruppe der Alkane. Natürliche CH₄-Vorkommen auf der Erde sind hauptsächlich in unterirdischen Gesteinsschichten eingeschlossen und können in größeren

Mengen infolge vulkanischer Aktivität freigesetzt werden. Solche Vorkommen existieren sowohl im Meer als Methanhydrat als auch an Land in Mooren oder Feuchtgebieten. Anthropogene Quellen im landwirtschaftlichen Kontext umfassen unter anderem den Reisanbau, Mist- und Güllelagerung der Tierhaltung, sowie natürliche Fermentationsprozesse im Pansen der WDK (Seilnacht, 2020). Seit der Industrialisierung hat sich die Methankonzentration in der Atmosphäre nahezu verdoppelt. CH₄ besitzt eine atmosphärische Halbwertszeit von etwa 14 Jahren und ein GWP von 28 über einen Zeitraum von 100 Jahren. In der Atmosphäre wird CH₄ abgebaut und dabei zu Wasser (H₂O) und CO₂ umgewandelt. Zum Vergleich: CO₂ hat ein GWP von 1 über 100 Jahre, verbleibt jedoch deutlich länger in der Atmosphäre, mit einer Halbwertszeit von etwa 112 Jahren (Umweltbundesamt, 2021). Daraus folgt: Obwohl CH₄ schneller abgebaut wird als CO₂, trägt es aufgrund seines hohen GWP und der Umwandlung in CO₂ erheblich zum Treibhauseffekt bei.

2.2.2 Methanogenese, eine Besonderheit der Wiederkäuer

Aufgrund ihrer besonderen Verdauungssituation sind Rinder in der Lage, cellulosehaltige Futtermittel als Energielieferant zu nutzen. Rinder haben vier Mägen, drei Vormägen und einen Drüsenmagen, wobei der Pansen der größte Vormagen ist und als Gärkammer bezeichnet wird. Er hat je nach Größe des Tieres ein Fassungsvermögen von bis zu 100 Liter und macht somit 5-10 % des Körpergewichtes einer Kuh aus. Anatomisch lässt er sich in einen Vorhof, einen dorsalen und ventralen Pansensack, sowie einen dorsalen und ventralen Blindsack einteilen. Der Panseninhalt bildet physiologischerweise drei Schichten, welche aus der dorsalen Gasblase, dem mittleren Futterbrei und dem ventral gelegenen Pansensaft, als Pansensee bezeichnet, bestehen (von Engelhardt et al., 2015). Die Größe und der anatomische Aufbau sind wichtig für eine lange Verweildauer des Futters. Sie ermöglicht die Wiederkautätigkeit, eine genügende Durchmischung als auch die Separation von Futterpartikeln, sodass nur kleine Ingesta weitertransportiert werden. Dies geschieht durch regelmäßige Pansenkontraktionen, die ebenfalls für das Entweichen der Pansengase notwendig sind. Dieser Vorgang wird als Ruktus bezeichnet. Voraussetzungen für einen Ruktus sind Pansenkontraktionen (2-3/2 min). Pansenkontraktionen können auch ohne Ruktus ablaufen, aber ein Ruktus (1-2/3 min) kann nicht ohne

vorhergehende Pansenkontraktion stattfinden (Oertel et al., 2018; von Engelhardt et al., 2015). Diese Funktionen sind notwendig, um das Futter durch die vorhandenen Mikroorganismen (MO) im Pansen aufspalten zu lassen, sodass Energie in Form von kurzkettigen Fettsäuren (KKFS), welche über das Pansenepithel in den Blutkreislauf gelangen, an das Wirtstier abgegeben werden können. Diese speziellen Verdauungsvorgänge werden als Fermentation bezeichnet. Das bei den Verdauungsvorgängen entstehende Pansengas besteht zu 40-70 % aus CO₂ und zu 20-40 % aus CH₄. CH₄ entsteht als Nebenprodukt der Fermentation. Die Fermentation pflanzlicher Bestandteile erfolgt durch die hydrolytische Aktivität von Mikroorganismen, darunter Bakterien, Protozoen und Pilze, die in einer symbiotischen Beziehung mit dem Wirtstier stehen. Dabei werden Polysaccharide wie Cellulose, Hemicellulose, Pektine und Stärke mithilfe spezifischer Enzyme und durch gezielte Kolonialisierung in ihre Monomere gespalten. Die resultierenden Kohlenhydrat-Monomere werden anschließend über den Pentosephosphat-Zyklus zu Pyruvat metabolisiert, welches wiederum in KKFS umgesetzt wird. Die KKFS stellen die Energiequelle für WDK dar. Es entstehen vorwiegend die KKFS: Acetat, Propionat und Butyrat, wobei das Mengenverhältnis fütterungsabhängig ist. Das Verhältnis Acetat > Propionat > Butyrat bleibt jedoch bestehen. Die Bildung von Propionat steigt mit zunehmendem Stärkeanteil in der Futterration. Bei der Fermentation entstehen zusätzlich CO₂ und H₂, da Wasserstoff mit Kohlenstoffdioxid reagiert und zu Methan und Wasser umgesetzt wird. Die stöchiometrische Formel dieser Reaktion lautet wie folgt:



Die Umsetzung von CO₂ und H₂ zu CH₄ obliegt methanbildenden Bakterien, wie der Gruppe der Archaeen. Das gebildete CH₄ gelangt anschließend über verschiedene Wege aus dem Pansen. Es wird zum größten Teil über den Ruktus abgegeben, aber auch über die Pansen- und Darmschleimhaut ins Blut resorbiert, anschließend zur Lunge transportiert, resorbiert und abgeatmet oder über Flatulenzen ausgeschieden (Murray et al., 1976). Die beschriebenen Fermentationsprozesse werden in Abbildung 1 veranschaulicht.

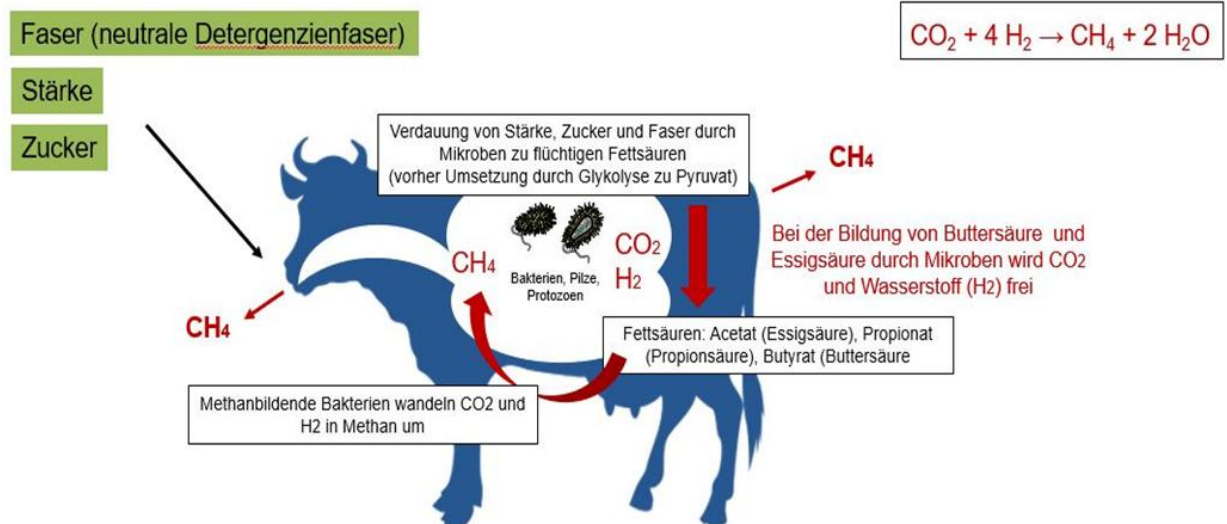


Abbildung 1: Methanogenese der Wiederkäuer

Die Methanbildung ist entscheidend für die Aufrechterhaltung des Wasserstoffpartialdrucks im Pansen. Für Wiederkäuer ist dies von zentraler Bedeutung, da ein stabiler Wasserstoffpartialdruck den pH-Wert des Pansens und damit das Redoxpotenzial der vorhandenen chemischen Elemente reguliert, wodurch die Bildung von KKFS gewährleistet wird. Wird dieses empfindliche Gleichgewicht durch äußere Einflüsse gestört, verändern sich die Fermentationsprozesse im Pansen, was zur Produktion anderer Metabolite wie Lactat oder Ethanol führen kann. Letztere wirken als zelltoxische Substanzen und können den Wirt schädigen. Die primäre Funktion der Methanbildung besteht somit darin, überschüssige Wasserstoffmoleküle zu eliminieren, den Wasserstoffpartialdruck zu stabilisieren und dadurch die normalen Fermentationsprozesse sowie die Gesundheit des Tieres aufrechtzuerhalten (von Engelhardt et al., 2015).

2.3 Methoden der Methanmessung

Die Methoden zur Messung von Methanemissionen bei Wiederkäuern sind vielfältig. Grundsätzlich können Messungen direkt und tierindividuell erfolgen, indirekt über mathematische Schätzgleichungen abgeleitet werden oder es kann über die Erfassung anderer Parameter, wie Marker-Gase oder MilCHFettsäureprofile laktierender Kühe, auf die CH₄-Emissionen geschlossen

werden. In diesem Kapitel werden die in der Forschung am meisten verbreiteten und entsprechend besonders relevanten Methoden erläutert.

Tabelle 2 bietet einen Überblick über verschiedene CH₄-Messmethoden. Deutlich wird, dass die durchschnittliche Anzahl der Tiere sowie der Beobachtungen je nach verwendeter Methode variiert. Sowohl die Sniffer-Methode als auch indirekte Verfahren auf Basis von Schätzgleichungen zeigen ein großes Potenzial, eine hohe Anzahl von Beobachtungen zu generieren. Die Sniffer-Methode zeichnet sich zudem durch den durchschnittlich längsten Beprobungszeitraum aus, was sich positiv auf die Wiederholbarkeit der Messergebnisse auswirkt. Dagegen ist die Anzahl der Beobachtungen bei Messungen in Respirationskammern (RK) oder mit dem GreenFeed-System (GF) deutlich geringer.

Tabelle 2: Durchschnittliche Anzahlen von Versuchstieren, Versuchstagen und Beobachtungen, ermittelt aus Publikationen, die CH₄-Emissionen mit unterschiedlichen Messmethoden quantifiziert haben

Methode	Studien	Tiere	Tage Messungen	Beobachtungen
RK²	14	18	5	k.A. ¹
SF₆³	8	93	7	1.712
LMD⁴	14	224	5	14.705
GF⁵	2	29	7	42
Sniffer (verschiedene Sensoren)	10	1.686	17	80.342
Milchfett- säureprofile	10	573	7	1.713
Schätzgleichungen	4	1.067	k.A.	48.704

¹k.A.: keine Angabe; ²RK: Respirationskammer; ³SF₆: Sulfurhexafluorid-Messung; ⁴LMD: Laser-Methan-Detektor; ⁵GF: GreenFeed-System

2.3.1 Respirationskammer

Die Respirationskammer (RK), auch als Kalorimetriekammer bezeichnet, gilt nach wie vor als Goldstandard für die vollständige und präzise Bestimmung der umsetzbaren Energie von Rindern sowie der während der Verdauung entstehenden Methanmenge. Insbesondere dient die RK der Validierung anderer CH₄-Messmethoden.

Historisch wurden geschlossene Systeme ohne Frischluftzufuhr eingesetzt, dies ist heutzutage nicht mehr Stand der Technik. Entsprechend soll in diesem Abschnitt lediglich auf den Aufbau der RK mit offenem Luftkreislauf eingegangen werden. Eine RK besteht im Wesentlichen aus einem Mess- und Sammelsystem, einem Ventilationssystem mit bekannter Luftstrom- und Luftdurchmischungsrate sowie der Datenspeicherung. Sie kann für ein einzelnes oder mehrere Tiere konzipiert sein (Hammond et al., 2016; Hristov et al., 2018).

Abbildung 2 veranschaulicht schematisch die Vorgänge in einer RK: Das Tier befindet sich in einer verschlossenen Kammer, welche mit einem kontinuierlichen Luftein- und -austrom (Inlet air und Outlet air) versorgt wird. Der Luftstrom wird über den Durchflussmesser (Flow meter) bestimmt und die gesammelte Luft wird analysiert, um die Gaskonzentrationen zu bestimmen (Sensors for analyse of fair composition) (Storm et al., 2012).

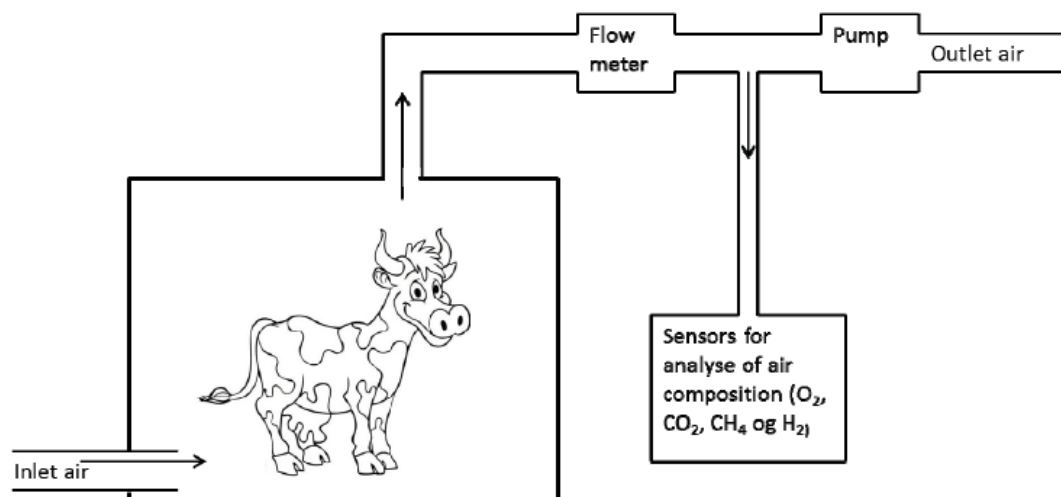


Abbildung 2: Schematischer Aufbau einer Respirationsskammer. Modifiziert nach Storm et al., 2012 lizenziert unter CC BY 3.0

Für dieses System ist es essenziell, dass Luftstrom und Luftdurchmischungsrate bekannt sind. Dies wird durch obligatorische Kalibrierungen vor und nach jedem Versuch sichergestellt (Hammond et al., 2016; Wu, 2016; Zhao et al., 2020). Jedes Tier verbleibt für mehrere Tage (2-7 d) in der RK. Zunächst erfolgt eine Gewöhnungsphase, die mit einer stabilen Trockenmasseaufnahme (TMA) abgeschlossen wird. Anschließend beginnen die eigentlichen Messungen. Alle Einträge in die Kammer, wie Futter, Außenluft, das Öffnen der RK zum Melken oder Füttern, sowie alle tierbezogenen Vorgänge (Kot- und Urinabsatz,

Futtermittelaufnahme, Atem- und Pansengase, Milchproduktion, Körpergewicht) werden exakt dokumentiert (Hristov et al., 2018). Die CH_4 -Produktion kann auf dieser Basis präzise bestimmt werden. Analysegeräte messen zu definierten Zeitpunkten innerhalb eines Tages die Konzentrationen von CO_2 , CH_4 und O_2 in ein- und ausströmender Luft, sodass sowohl der Verbrauch als auch die Produktion der Gase erfasst und der tageszeitliche Verlauf dargestellt werden kann. Die CH_4 -Emissionsrate wird berechnet, indem die Differenz zwischen Ein- und Ausströmung mit der Ventilationsrate multipliziert wird. Über die Extrapolation der gemessenen Emissionen lassen sich sowohl der Beitrag von Wiederkäuern zum Treibhauseffekt als auch der Energieverlust der Tiere quantifizieren (Bhatta et al., 2007; Storm et al., 2012).

Es ist zu beachten, dass kein einheitliches Protokoll für Aufbau und Durchführung von RK-Messungen existiert. Daher variieren die Ergebnisse zwischen unterschiedlichen Studien. Garnsworthy et al. (2019) weisen darauf hin, dass bei der Interpretation von RK-Ergebnissen berücksichtigt werden muss, dass ein von der Umwelt abgeschlossener Box- oder Stallaufbau stets eine unnatürliche Umgebung für das Tier darstellt. Dies kann zu Verhaltensänderungen führen, wie veränderter Aktivität, Futtermittelaufnahme oder Produktivität. Tabelle 3 bietet einen Überblick über verschiedene Berechnungsmethoden der CH_4 -Emissionen aus RK-Daten. Dabei wird deutlich, dass die Komplexität der erforderlichen Angaben stark variiert. Einige Modelle berücksichtigen lediglich die TMA (Yan et al., 2006), während andere zusätzlich Verdaulichkeit und weitere Nährstoffparameter der Ration einbeziehen (Jentsch et al., 2007). „Mehrere der Modelle in Tabelle 3 wurden auf der Grundlage von Daten entwickelt, die Informationen über den Nährstoffgehalt der Futtermittel enthalten. Allerdings haben nur wenige Untersuchungen festgestellt, dass Nährstoffinformationen die Fähigkeit der Modelle zur Vorhersage der Methanproduktion verbessern (Jentsch et al., 2007), während beispielsweise Ellis et al. (2007) und Yan et al. (2003) keinen derartigen Nutzen durch die Einbeziehung von Nährstoffinformationen festgestellt haben.“ (Storm et al., 2012).

Tabelle 3: Vorhersagegleichungen für Methan, entwickelt auf Grundlage von Messungen in Respirationsskammern unter Angabe des Bestimmtheitsmaßes (R^2) und der Beobachtungszahlen, modifiziert nach Storm et al. (2012)

Quelle	Gleichung	R^2	Beobachtungen
IPCC ¹ (2006)	$\text{CH}_4(\text{kg/d}) = \text{GE}^2(\text{MJ/d}) * \text{Ym}^3/55,65$	k.A. ⁴	k.A.
Yan et al. (2006)	$\text{CH}_4(\text{l/d}) = 47,8 * \text{TMA}^{-5} (0,76 * \text{TMA})^2 - 41(\text{kg/d})$	0,75	315
Yan et al. (2006)	$\text{CH}_4(\text{l/d}) = 0,34 * \text{KG}^6(\text{kg}) + 19,7 * \text{TMA}(\text{kg/d}) + 12$	0,77	315
Kirchgessner et al. (1994)	$\text{CH}_4(\text{g/d}) = 63 + 79 * \text{Rohfaser} + 10 * \text{NFE}^7 + 26 * \text{Rohprotein} - 212 * \text{Rohfett}(\text{kg/d})$	0,69	24
Jentsch et al. (2007)	$\text{CH}_4(\text{kJ/d}) = 1,62 * \text{verdauliches Rohprotein} - 0,38 * \text{verdauliches Rohfett} + 3,78 * \text{verdauliche Rohfaser} + 1,49 * \text{verdauliche NFE} + 1142 (\text{g/d})$	0,90	337
Ellis et al. (2007)	$\text{CH}_4(\text{MJ/d}) = 0,14 * \text{Futter}(\%) + 8,6$	0,56	89
Mills et al. (2003)	$\text{CH}_4(\text{MJ/d}) = 0,07 * \text{ME}^8(\text{MJ/d}) + 8,25$	0,55	159
Mills et al. (2003)	$\text{CH}_4(\text{MJ/d}) = 0,92 * \text{TMA}(\text{kg/d}) + 5,93$	0,60	159
Mills et al. (2003)	$\text{CH}_4(\text{MJ/d}) = 10,3 * \text{Futter}(\%) + 0,87 * \text{TMA}(\text{kg/d}) + 1,1$	0,61	159
Grainger et al. (2010)	$\text{CH}_4(\text{g/d}) = 18,5 * \text{TMA}(\text{kg/d}) - 9,5$	0,56	16

¹IPCC: Intergovernmental Panel on Climate Change; ²GE: Gross energy intake; ³Ym: Emission factor; ⁴k.A.: Keine Angabe; ⁵TMA: Trockenmasseaufnahme; ⁶KG: Körpergewicht; ⁷NFE: N-freier Extrakt; ⁸ME: Metabolisierbare Energieaufnahme

Tabelle 4 fasst ausgewählte Studien zusammen, die RK zur Bestimmung der CH_4 -Emissionen genutzt haben. Trotz gleicher Messmethode wurden unterschiedliche Methanwerte ermittelt. Besonders die CH_4 -Produktion zeigt deutliche Schwankungen zwischen den Studien, mit Werten von 132 g/d bis 593 g/d. Im Gegensatz dazu erscheint der CH_4 -Ertrag in Bezug auf die Trockenmasseaufnahme (g CH_4 /kg TMA) vergleichsweise konstant, mit Werten zwischen 22 g CH_4 /kg TMA und 24 g CH_4 /kg TMA.

Tabelle 4: Studien, die mit Respirationsskammern CH₄-Emissionen bestimmt haben, unter Angabe der Methanmerkmale, Einheiten und Mittelwerte

Quelle	Methanmerkmal	Einheit	Mittelwert
Aguerre et al. (2011)	CH ₄ -Produktion	g/d	593
Chagunda et al. (2011)	k.A. ¹	ml/m ³	406
Hellwing et al. (2012)	k.A.	µl/l	k.A.
Muñoz et al. (2012)	CH ₄ -Produktion	g/d	422
Garnsworthy et al. (2012)	CH ₄ -Produktion	g/d	369
Benchaar et al. (2013)	CH ₄ -Produktion	g/d	487
	CH ₄ -Ertrag	g/kg TMA ²	22
	CH ₄ -Intensität	g/kg ECM ³	14
Donoghue et al. (2016)	CH ₄ -Produktion	g/d	132
	CH ₄ -Ertrag	g/kg TMA	22
van Engelen et al. (2017)	CH ₄ -Konzentration	ppm	254
Kobayashi et al. (2021)	CH ₄ -Ertrag	g/kg TMA	24

¹k.A.: Keine Angabe; ²TMA: Trockenmasseaufnahme; ³ECM: Energiekorrigierte Milchmenge

2.3.2 Sniffer-Methode

Sniffer-Systeme sind stationäre Messvorrichtungen, die in der Regel an Futterstationen innerhalb automatischer Melksysteme (AMS) oder separater Kraftfutterstationen installiert werden. Diese Systeme erfassen in Intervallen von einer Sekunde die Gaskonzentration der Luft im Futtertrog. Über eine Gasansaugvorrichtung wird kontinuierlich Luft mit einer definierten Ansaugrate (z. B. 1 L/min) und einem festgelegten Schlauchdurchmesser (z. B. 8 mm Ø) angesaugt. Das integrierte Analysegerät bestimmt anschließend die Konzentration der zu messenden Gase, insbesondere Methan und Kohlenstoffdioxid, im Bereich von 0-10.000 ppm, und speichert die Werte ab.

Zur Korrektur der Messdaten wird die tägliche CH₄-Hintergrundkonzentration vor Beginn der Messungen als Mittelwert bestimmt und von den während der Futteraufnahme erfassten Werten subtrahiert. Eine tägliche Kalibrierung des Systems gewährleistet die Messgenauigkeit. Da das System nichtinvasiv arbeitet und sich in der gewohnten Umgebung der Tiere befindet, sind keine verhaltensverändernden oder stressbedingten Effekte zu erwarten.

Ein Nachteil der Sniffer-Technik besteht jedoch darin, dass Kopfbewegungen der Tiere während der Messung die CH₄-Werte beeinflussen können. Die Integration eines Sensors zur Erfassung der Kopfposition sowie eine algorithmische Korrektur dieser Bewegungsartefakte könnten die Datenqualität verbessern (Hegarty et al., 2013; Huhtanen et al., 2015; Rey et al., 2019).

Ein beispielhafter Aufbau eines Sniffer-Systems in einer AMS-Kraftfutterstation ist in Abbildung 3 dargestellt. Das System umfasst neben einem Head-Beam-Sensor zur Erfassung der Kopfbewegung einen Sammelpunkt (Sampling Point) mit Strömungsmesser (Flux Manifold) zur Bestimmung der Luftdurchflussrate, einen Kraftfutterspender (Concentrate Feeder Outline) sowie den Futtertrog (Feed Trough).

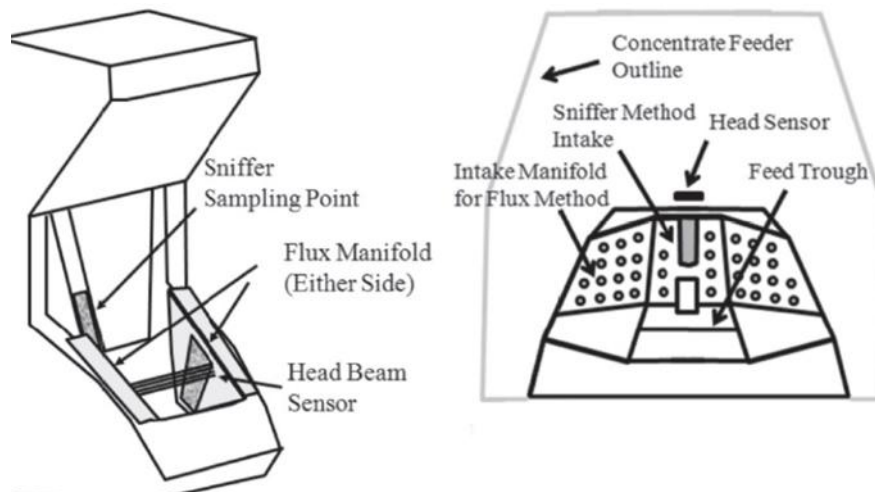


Abbildung 3: Aufbau Sniffer-Technik in einer Kraftfutterstation eines automatischen Melksystems (AMS) übernommen aus Huhtanen et al., 2015 lizenziert unter CC BY-NC-ND 4.0

Trotz ähnlicher Funktionsprinzipien existiert bislang kein standardisiertes Equipment oder einheitliche Untersuchungsprotokolle für Sniffer-Systeme. Nicht alle Ausführungen verfügen über Strömungsmesser oder Kopfbewegungssensoren. Jonker et al. (2020) kritisieren daher die mangelnde Verlässlichkeit der direkten CH_4 -Messung, da Kopfbewegungen zu Messabweichungen führen und bei fehlender Ansaugung keine Luftaustauschrate – und damit keine CH_4 -Produktion – berechnet werden kann. Somit sind laut Jonker et al. (2020) mit dieser Technik lediglich punktuelle Konzentrationsmessungen (Spotmessungen in ppm) möglich.

Die Sniffer-Methode wurde erstmals von Madsen et al. (2010) beschrieben. Über das Verhältnis von CH_4 zu CO_2 kann dabei eine Schätzung der CH_4 -Produktion von Milchkühen vorgenommen werden, wobei CO_2 als Marker-Gas dient. Lassen et al. (2012) kombinieren die Sniffer-Technik mit der FTIR-Spektroskopie (Fourier Transform Infrared Spectroscopy) und untersuchten 93 Kühe der Rassen Holstein

Friesian und Jersey über drei Tage. Für das Merkmal CH_4/CO_2 -Verhältnis wurde eine Wiederholbarkeit von $r = 0,37$ ermittelt.

Garnsworthy et al. (2012) verwendeten hingegen ein NDIR-System (nicht-dispersive Infrarotspektroskopie) und untersuchten 82 Kühe an vier Messtagen innerhalb eines neuntägigen Zeitraums. Aus den erhobenen Sniffer-Daten wurde der sogenannte Methanemissionsindex (MEI_m) während des Melkens als Methanmerkmal abgeleitet, der sich nach folgender Gleichung berechnet:

$$\text{MEI}_m(\text{CH}_4 \text{ in mg/min}) = 164(\pm 30,5) + 8,26(\pm 0,92)MY$$

wobei MY die tägliche Milchleistung/Kuh [l/d] bezeichnet (Garnsworthy et al., 2012).

Bell et al. (2014a) griffen diese Methodik auf und entwickelten ein alternatives Methanmerkmal, das wie folgt berechnet wird:

$$\text{CH}_4(\text{mg/l}) = \left(\frac{\bar{I}_{\text{CH}_4}}{I_{\text{Ruktus}}} \times f_{\text{Ruktus}} \right) \times \text{Verdünnungsfaktor}$$

wobei $\bar{I}_{\text{CH}_4}$ das mittlere Integral der CH_4 -Werte, I_{Ruktus} das Integral der Ruktus-Ereignisse, f_{Ruktus} deren Frequenz und der Verdünnungsfaktor, welcher das mittlere Verhältnis berechnet, aus sechs Werten der CH_4 -Konzentration im freigesetzten und beprobten Gas darstellt. Für dieses Merkmal wurde eine hohe innerbetriebliche Wiederholbarkeit von $r = 0,89$ ermittelt (Bell et al., 2014a).

Eine Übersicht der in Sniffer-Systemen häufig verwendeten Sensoren ist in Tabelle 5 dargestellt (modifiziert nach Jonker et al., 2020). Die beiden dominierenden Sensortypen, FTIR und NDIR, unterscheiden sich in ihren technischen Eigenschaften. Sypniewski et al. (2019) berichten trotz dieser Unterschiede eine hohe Korrelation zwischen beiden Sensoren ($r = 0,85$). Allerdings zeigen sich deutliche intraindividuelle Variabilitäten, d. h., die erfassten Werte eines einzelnen Tieres schwanken erheblich zwischen den Sensorsystemen. Difford et al. (2016) ermitteln dagegen lediglich eine Korrelation von $r = 0,49$ zwischen Messungen von Einzeltieren. Nach Difford et al. (2016) sind

NDIR- und FTIR-Sensoren insbesondere geeignet, um tierindividuelle Unterschiede in der CH₄-Produktion zu erfassen, während sie für den Vergleich zwischen Tieren oder Gruppen weniger zuverlässig sind.

Tabelle 5: Verschiedene Analysegeräte, die bei Methanmessungen mit der Sniffer-Methode in unterschiedlichen Studien verwendet wurden, modifiziert nach Jonker et al. (2020)

Analyse-Gerät	Messbereich für CH ₄	Durchfluss (l/min)	Schlauch Durchmesser (mm)	Datenerfassung	Quelle
NDIR ¹ , Guardian Plus; Edinburgh Instruments Ltd, Livingston, UK	0-10.000 mg/kg	1	8	1 Sek. Intervall (Simex SRD-99)	Garnsworthy et al., 2012
NDIR, Guardian NG/Gascard, Edinburgh Instruments Ltd, Livingston, UK	0-1%	1	4	Novus field Logger	Difford et al., 2016
FTIR ² , Gasmeter DX 4000, Gasmeter Technologies Oy, Helsinki, Finnland	0,0-0,5%	4	k.A. ³	5-Sek.-Intervall (Calcmeter-Software)	Difford et al., 2016
FTIR, GASMETER 4030, Gasmeter Technologies Oy, Helsinki, Finnland	0,0-0,5%	4	8	5-Sek.-Intervall (Calcmeter-Software)	Pszczola et al., 2017
NDIR, SERVOMEX 4100, SERVOMEX Ltd, UK	0-1.000 ppm	0,6	8	1 Sek. Intervall	Pszczola et al., 2017
NDIR, SenseAir LPL, Rise Acreo, Stockholm, Schweden	k.A.	1	0	0,5 Sek. Intervall	Van Engelen et al., 2018

¹NDIR: non-dispersive infrared analyser; FTIR: ² Fourier transformed infrared analyser; ³k.A.: keine Angabe

Eine Zusammenstellung der wichtigsten Studien zur Sniffer-Technik findet sich in Tabelle 6. Difford et al. (2016) und Garnsworthy et al. (2019) bestätigen die hohe Wiederholbarkeit der Sniffer-Methode, die hauptsächlich durch die Möglichkeit einer großen Anzahl an Einzelmessungen innerhalb kurzer Zeiträume begründet ist.

Tabelle 6: Studien, die mit der Sniffer-Methode CH₄-Emissionen bestimmt haben, unter Angabe der Methanmerkmale, Einheiten und Mittelwerte

Quelle	Methanmerkmal	Einheit	Mittelwert
Garnsworthy et al. (2012)	MERm ¹	g/min	2,13
Bell et al. (2014)	CH ₄	mg/l	0,24
Huhtanen et al. (2015)	CH ₄ -Konzentration	ppm	1.081
Negussie et al. (2016)	CH ₄ /d	l/day	555
Difford et al. (2016)	CH ₄ /AMS ² -Besuch	ppm	6.742
Eckert et al. (2018)	CH ₄ je Kuh	mg/l	2,93
Rey et al. (2019)	CH ₄ -Konzentration	ppm	1.280

¹MERm: CH₄-Ausstoßrate während einer Melkung; ²AMS: Automatisches Melksystem

2.3.3 GreenFeed-System

Das GF-System unterscheidet sich von der Sniffer-Technik insofern, als dass es sich um eine mobile automatische Kraftfutterstation handelt, die zur Erfassung der Methanemissionen sowohl im Stall als auch auf der Weide eingesetzt werden kann. Im Gegensatz dazu wird die Sniffer-Technik ausschließlich in fest installierten Kraftfutterstationen verwendet.

Der schematische Aufbau eines GF-Systems ist in Abbildung 4 dargestellt (Huhtanen et al., 2015). Das System erfasst Methan und Kohlenstoffdioxid sowohl über Ansaugproben (CH₄- und CO₂-Sample Inlet) als auch mittels elektronischer Sensoren, die direkt im Futtertrog integriert sind (CH₄- und CO₂-Sensors, Electronics). Überdies verfügt das GF-System über einen Kopfpositionssensor (Head Position Sensor) und einen Ohrmarkenleser zur Tieridentifikation (RFID = Radio-Frequency Identification). Das Kraftfutter wird über einen Futtertrog (Feed Bin) dosiert bereitgestellt. Während der Futteraufnahme wird kontinuierlich Luft mit einer definierten Förderrate von etwa 1 L/min (Airflow) über den Ansaugkrümmer (Intake Manifold) angesaugt, durch einen Primärluftfilter (Primary Air Filter) geleitet und in einem Sammelrohr (Air Collection Pipe) gesammelt. Anschließend wird die Luftmenge über einen Strömungsmesser (Airflow Meter) erfasst und nach der Probenentnahme durch einen Lüfter (Fan) ausgestoßen (Airflow Outlet) (Huhtanen et al., 2015).

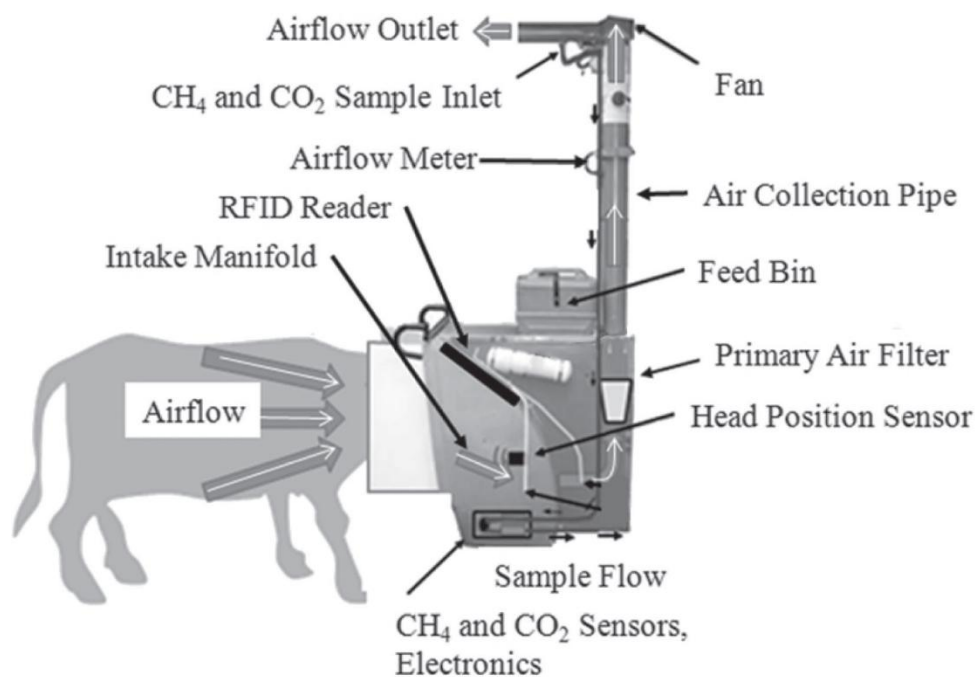


Abbildung 4: Aufbau eines GreenFeed-Systems in einer Kraftfutterstation übernommen aus Huhtanen et al., 2015 lizenziert unter CC BY-NC-ND 4.0

Dorich et al. (2015) konnten mit dem GF-System einen signifikanten Zusammenhang zwischen der TMA und der CH_4 -Produktion nachweisen ($R^2 = 0,42$). Hammond et al. (2015) verglichen die GF- mit der SF_6 -Tracer-Technik (vgl. Kapitel 2.3.4) und stellen bei simultanen Messungen signifikant niedrigere CH_4 -Emissionen mit dem GF-System fest ($p < 0,001$). Auch Hristov et al. (2016) berichten von etwa 8 % niedrigeren CH_4 -Emissionen bei der GF-Methode im Vergleich zur SF_6 -Technik und bewerten die Vergleichbarkeit der beiden Systeme als eingeschränkt. Huhtanen et al. (2015) weisen zudem darauf hin, dass auch für das GF-System bislang keine standardisierten Messprotokolle existieren. In ihrem Vergleich zwischen der Sniffer- und der GF-Technik wurde eine geringe Übereinstimmung festgestellt ($r = 0,09$). Der Hauptunterschied liegt darin, dass das GF-System mit einem aktiven Luftstrom arbeitet, während die Sniffer-Technik auf passiver Luftansaugung basiert. Dennoch wurde für beide Systeme eine hohe Wiederholbarkeit ($W = 0,72\text{-}0,88$) ermittelt.

Eine Auswahl von Studien, die CH_4 -Messungen mit dem GF-System durchgeführt haben, ist in Tabelle 7 dargestellt.

Alle Untersuchungen nutzten die tägliche Methanproduktion [g/d] als standardisiertes Merkmal, wodurch die Ergebnisse zwischen den Studien vergleichbar sind.

Tabelle 7: Studien, die mit der GreenFeed-Methode CH₄-Emissionen bestimmt haben, unter Angabe der Methanmerkmale, Einheiten und Mittelwerte

Quelle	Methanmerkmal	Einheit	Mittelwert
Hristov et al. (2016)	CH ₄ -Produktion	g/d	373,0
Hammond et al. (2015)	CH ₄ -Produktion	g/d	190,0
Huhtanen et al. (2015)	CH ₄ -Produktion	g/d	450,0
Niu et al. (2018)	CH ₄ -Produktion	g/d	435,3
	CH ₄ -Ertrag	g/kg TMA ¹	20,0
	CH ₄ -Intensität	g/kg ECM ²	14,3

¹TMA: Trockenmasseaufnahme; ²ECM: Energiekorrigierte Milchmenge

2.3.4 Schwefel-Hexafluorid als Marker-Gas

Bei der SF₆-Tracer-Methode wird den Tieren ein kalibrierter Bolus in den Pansen eingegeben, der eine definierte Freisetzungsrate des inerten Tracergases Schwefelhexafluorid (SF₆) aufweist. Dieses Gas dient als Marker zur indirekten Bestimmung der Methanproduktion (CH₄). Der Bolus kann über mehrere Wochen im Pansen verbleiben und setzt das Gas mit einer konstanten Rate frei, beispielsweise $1,27 \pm 0,23$ mg SF₆/d, über einen Zeitraum von neun Wochen (Hegarty et al., 2007). Das von der Kuh abgegebene Atem- und Ruktusgas wird in der Nähe des Flotzmauls über eine Ansaugvorrichtung aufgefangen und in einem Probenbehälter (Volumen: 2,5 L; Unterdruck: 33 kPa) gesammelt, der auf dem Rücken des Tieres befestigt ist. Die Probenahme erfolgt über 24 h, anschließend wird täglich eine Gasprobe entnommen und im Labor gaschromatografisch analysiert.

Abbildung 5 zeigt den Versuchsaufbau nach Hegarty et al. (2007). Der Probenbehälter, welcher auf dem Rücken des Tieres fixiert wird, ist über einen flexiblen Schlauch mit einem Halfter verbunden. Der Lufteinlass wird am Halfter nahe dem Maul fixiert, um die ausgestoßenen Gase aufzunehmen. Um Verletzungen des Tieres zu verhindern, muss sichergestellt werden, dass das Tier mit der Vorrichtung nicht hängen bleiben kann. Wie in der Abbildung 5 erkennbar, kann die Ausrüstung aufgrund des Halfter- und Gurtsystems das Verhalten der Tiere beeinflussen.



Abbildung 5: Equipment für die SF₆-Messmethode. Hegarty, R. S.; Goopy, J. P., „Cattle selected for lower residual feed intake have reduced daily methane production“, *Journal of Animal Science*, 2007, Band 85, Heft 6, S. 1479-1486. Übersetzt und reproduziert mit Genehmigung von Oxford University Press im Namen der American Society of Animal Science (ASAS) (p. 4). Haftungsausschluss für Übersetzungen: OUP und die ASAS sind nicht verantwortlich oder in irgendeiner Weise haftbar für die Genauigkeit der Übersetzung (p. 4)

Zur Bestimmung der Hintergrundkonzentration werden parallel im Stall Proben der Umgebungsluft genommen. Dadurch können die gemessenen CH₄-Konzentrationen um die Hintergrundkonzentration korrigiert werden.

Die tägliche Methanproduktion wird über das Verhältnis der gemessenen Konzentrationen von CH₄ und SF₆ in den Sammelbehältern berechnet. Die Berechnung erfolgt nach der Formel von Zhao et al. (2020):

$$CH_4(g/d) = \frac{CH_4C - CH_4B}{SF_6C - SF_6B} * SF_6Q * \frac{MW_{CH_4}}{MW_{SF_6}}$$

wobei CH₄C die im Kanister gemessene CH₄-Konzentration (µg/m³); SF₆C die im Kanister gemessene SF₆-Konzentration (µg/m³); CH₄B die im Umgebungskanister gemessene CH₄-Konzentration (µg/m³); SF₆B die im Umgebungskanister gemessene SF₆-Konzentration (µg/m³); SF₆Q die SF₆-Freisetzungsrate aus den eingesetzten Boli (g/d); MW(CH₄) das CH₄-Molekulargewicht (16 g/mol) und

$MW(SF_6)$ das SF_6 -Molekulargewicht (146 g/mol) entspricht (Lassey et al., 2011; Pinares-Patiño et al., 2011).

Da SF_6 im Stoffwechsel des Wiederkäuers nicht natürlich vorkommt und seine Abgaberate im Pansen derjenigen von CH_4 ähnlich ist, erlaubt diese Methode eine präzise Zuordnung der gemessenen Gase zur CH_4 -Produktion. Zudem wurden keine negativen Effekte von SF_6 auf das Pansenmikrobiom festgestellt (Zhao et al., 2020).

Ein wesentlicher Vorteil der SF_6 -Technik besteht in ihrer Eignung für Messungen unter Freilandbedingungen, da auch weidende Tiere beprobt werden können. Ein Nachteil ist jedoch, dass die auf dem Tier montierte Ausrüstung (Sammelbehälter, Halfter, Schläuche) das Verhalten beeinflussen kann. Zudem kann die tatsächliche Freisetzungsrates des Bolus von der kalibrierten abweichen, was zu Messungenauigkeiten führen kann (Hegarty et al., 2007). Lassey et al. (2011) beobachten bei Schafen eine tageszeitliche Variation der SF_6 -Freisetzung, die dem Muster der CH_4 -Emissionen folgte und vom Fütterungsrhythmus beeinflusst wurde. Trotz dieser Schwankungen zeigen die SF_6 - und CH_4 -Freisetzungsrates eine hohe Korrelation, was die Zuverlässigkeit der Methode grundsätzlich bestätigt. Pinares-Patiño et al. (2011) verglichen die SF_6 -Methode mit der RK-Methode bei Schafen und fanden vergleichbare Tageswerte, jedoch eine höhere Variabilität der SF_6 -Daten, was zu einer geringeren Korrelation führt. Muñoz et al. (2012) ermitteln bei Milchkühen eine Korrelation von $r = 0,69$ zwischen SF_6 - und RK-Messungen.

In weiteren Studien wurde die SF_6 -Technik mit anderen Systemen verglichen. Hristov et al. (2016) finden bei einem Vergleich mit dem GF-System nur eine geringe Übereinstimmung ($r = 0,40$), während Ramirez-Restrepo et al. (2016) von einer deutlich höheren Korrelation von $r = 0,91-0,93$ zwischen beiden Methoden berichten.

Die Ergebnisse verschiedener Studien zur SF_6 -Technik sind in Tabelle 8 zusammengefasst. Dabei zeigt sich, dass die ermittelte CH_4 -Produktionsrate zwischen den Untersuchungen stark variiert. So lag der von Hegarty et al. (2007) ermittelte Wert bei 179 g CH_4 /d, während Dorich et al. (2015) 465 g CH_4 /d berichteten.

Tabelle 8: Studien, die mit der SF₆-Methode CH₄-Emissionen bestimmt haben, unter Angabe der Methanmerkmale, Einheiten und Mittelwerte

Quelle	Methanmerkmal	Einheit	Mittelwert
Hegarty et al. (2007)	MPR ¹	g/d	179
Muñoz et al. (2012)	CH ₄ -Produktion	g/d	469
Ramirez-Restrepo et al. (2016)	CH ₄ -Produktion Färsen	g/d	58
	CH ₄ -Produktion laktierende Milchkühe	g/d	149
	CH ₄ -Ertrag für Färsen	g/kg TMA ²	25
	CH ₄ -Ertrag für laktierende Milchkühe	g/kg TMA	24
Dorich et al. (2015)	CH ₄ -Produktion	g/d	465
Hristov et al. (2016)	CH ₄ -Produktion	g/d	405

¹MPR: Methanproduktionsrate; ²TMA: Trockenmasseaufnahme

2.3.5 Laser-Methan-Detektor

Der Laser-Methan-Detektor (LMD) ist ein tragbares Messgerät, welches die ausgestoßene CH₄-Menge in ppm-m über einen Laser mit einer bestimmten Wellenlänge, in der es keine Interferenzen zu anderen Gasen in der Luft gibt, misst. Ein sichtbarer grüner Laser dient der Zielausrichtung, in diesem Fall auf das Flotzmaul des Tieres. Der Messvorgang erfolgt aus einem definierten Abstand, um Verhaltensänderungen des Tieres durch den Beobachter zu vermeiden. Das Gerät erfasst zwei Messwerte pro Sekunde und erlaubt somit eine hochfrequente Datenerhebung. LMD-Messungen werden als Kurzzeitmessungen klassifiziert, da sie lediglich momentane Emissionen erfassen und keine über 24 Stunden akkumulierten Daten liefern (Chagunda et al., 2014; Sorg et al., 2017). Die mit dem LMD erfassten CH₄-Werte können weiter differenziert werden, um zwischen respiratorischen und ruktusbedingten Methanemissionen zu unterscheiden (Ricci et al., 2014). Hieraus lassen sich verschiedene Merkmale ableiten, unter anderem:

- CH_{4_allmean}: Mittelwert aller Messwerte einer Messung,
- CH_{4_erucmean}: Mittelwert hoher Messwerte, die einem Ruktus zugeordnet werden,
- CH_{4_respmean}: Mittelwert der Werte unterhalb einer definierten Schwelle, die respiratorischen Ereignissen entsprechen.

Abbildung 6 zeigt exemplarisch die Durchführung einer LMD-Messung unter praktischen Bedingungen. Der tragbare Detektor (links im Bild als Detailansicht dargestellt) kann dabei auf einem Stativ fixiert und über den sichtbaren, grünen

Laserstrahl präzise auf das Flotzmaul, der im Fressfanggitter fixierten Kuh, ausgerichtet werden.



Abbildung 6: Laser-Methan-Detektor (LMD) Detailansicht, links; Methanmessung einer Milchkuh mit einem LMD, rechts

Die Anwendung des LMD ist mit einem hohen personellen und zeitlichen Aufwand verbunden. Die Messergebnisse sind empfindlich gegenüber externen Einflüssen wie Klima (insbesondere Wind), Tierbewegungen, Abstand und Messwinkel, Beobachtersvariabilität, Stallklima, Belüftung und Fütterungsroutine (Sorg et al., 2017). Entsprechend ist die Wiederholbarkeit geringer ($W = 0,23$) als bei der Sniffer-Methode mit NDIR-Sensor ($W = 0,42$) (Rey et al., 2019).

Chagunda et al. (2009b) setzten den LMD erstmals zur Erfassung von CH_4 -Emissionen bei Milchkühen ein. Sie stellen fest, dass die Methanemission negativ mit der Aktivität der Tiere korreliert und laktierende Kühe höhere Emissionen aufweisen als trockenstehende Tiere. In einer weiteren Untersuchung verglichen Chagunda und Yan (2011) die LMD-Messungen mit der RK-Methode. Zehn Kühe wurden über drei Wochen viermal täglich in der RK untersucht; gleichzeitig erfolgten LMD-Messungen. Unter Verwendung von Vier-Minuten-Intervallen und einer Umrechnung der Werte auf ml/m^3 haben sie eine hohe Korrelation zwischen

beiden Methoden ($r = 0,8$) festgestellt. Chagunda et al. (2013) entwickelten ein Aufbereitungsprotokoll zur physiologisch korrekten Darstellung der LMD-Daten und betonen die Notwendigkeit, äußere Einflüsse bei der Berechnung zu berücksichtigen. Grobler et al. (2015) nutzten den LMD zur Untersuchung von Rassen- und Fütterungseinflüssen auf die CH_4 -Produktion. Durch wiederholte Kurzzeitmessungen über zehn Tage zur gleichen Tageszeit konnten sie stabile Referenzwerte für die untersuchten Tiere erzeugen.

Sorg et al. (2017b) verglichen LMD-Messungen mit RK-Daten, angelehnt an das Messprotokoll von Chagunda und Yan (2011), und erzielten Korrelationen von $r = 0,86-0,98$. Sie bestätigen zudem signifikante Einflüsse der Tieraktivität und Trockenstehperiode auf die Messwerte.

In einer Übersichtsarbeit fasst Sorg (2022) die zentralen methodischen Anforderungen für LMD-Messungen zusammen, um eine Vergleichbarkeit zwischen Studien zu gewährleisten. Demnach sollten:

- Messabstand, Uhrzeit, verwendetes LMD-Modell, Beobachter und Tieraktivität standardisiert und dokumentiert werden,
- die Messdauer 3-5 min betragen,
- pro Tier Messungen an mindestens drei aufeinanderfolgenden Tagen erfolgen,
- nur qualitätsgeprüfte Werte („Peaks“) in die Analyse einfließen,
- und Umweltbedingungen (z. B. Temperatur, Wind) als fixe Effekte

in das statistische Modell aufgenommen werden.

Sorg et al. (2018) verglichen die LMD-Methode mit dem GF-System und entwickelten die folgende Umrechnungsformel zur Schätzung der täglichen CH_4 -Produktion (LMD_{cal}) aus den Kurzzeitmessungen der LMD-Methode:

$$\text{CH}_4 \left(\frac{\text{g}}{\text{d}} \right) = 150 \pm 22,1 + (2,2 \pm 0,07) \times \text{PMEAN}(\text{ppm} * m)$$

Rey et al. (2019) haben eine Formel, zur Umrechnung der LMD-Messwerte ($\text{ppm} * m$) in Methankonzentrationen (ppm), entwickelt:

$$\text{CH}_4(\text{ppm} * m) = X(m) \times \text{CH}_4(\text{ppm}) + D(m) \times A(\text{ppm})$$

wobei D den Abstand zwischen Gerät und Flotzmaul (m), A die Methankonzentration in der Luft zwischen LMD und Tier (Herstellerwert: 2 ppm/m) und X den angenommenen Durchmesser der Methanwolke beschreiben. Stellt man diese Formel um, erhält man CH_4 [ppm], wobei X eine Annahme und keine messbare Größe darstellt.

In Tabelle 9 sind relevante Studien zur LMD-Methode zusammengestellt. Vier von zwölf Untersuchungen nutzten die Originaleinheit ppm-m, während die übrigen Studien daraus verschiedene Einheiten für ihre Methanmerkmale ableiteten (z. B. ml/m³, µL/L, mg/kg, g/kg TMA, g/d). Diese Heterogenität erschwert den direkten Vergleich zwischen den Studien. Zudem unterscheiden sich die Definitionen der Merkmale (Punktmessung, Methanausstoß, Methankonzentration oder LMD-Daten) teils erheblich.

Tabelle 9: Studien, die mit dem Laser-Methan-Detektor CH_4 -Emissionen bestimmt haben, unter Angabe der Methanmerkmale, Einheiten und Mittelwerte

Quelle	Methanmerkmal	Einheit	Mittelwert
Chagunda et al. (2009b)	CH_4 Punktmessung	ppm-m	201
Chagunda & Yan (2011)	Methan Ausstoß	ml/m ³	417
Chagunda et al. (2013)	Methan Ausstoß	ppm	396
Ricci et al. (2014)	Gesamt CH_4	µL/L	53
Grobler et al. (2015)	CH_4	ppm-m	26
Pickering et al. (2015)	LMD ¹ -Daten	mg/kg	180
Sorg et al. (2017b)	CH_4 -Konzentration in RK ² mit Kühen	ppm-m	692
Sorg et al. (2018)	P_mean ³	ppm-m	129
	LMD_cal		
	LMD_val	g/d	431
Rey et al. (2019)	CH_4 -Konzentration	ppm	991
Denninger et al. (2020)	CH_4 -Produktion (nach Sorg et al., 2018)	g/d	385
Pinto et al. (2020)	CH_4 -Emission	ppm	43
Kobayashi et al. (2021)	CH_4 -Ertrag	g/kg TMA ⁴	24

¹LMD: Laser-Methan-Detektor; ²RK: Respirationskammer; ³P_mean: CH_4 während der Messung mit dem LMD; ⁴TMA: Trockenmasseaufnahme

2.3.6 Schätzgleichungen

Die ersten Ansätze zur Quantifizierung der Methanproduktion von Wiederkäuern basierten auf sogenannten Schätzgleichungen. Diese erlauben eine rechnerische Abschätzung der Emissionen anhand von Leistungsdaten und Energieumsatzgrößen. In den IPCC-Richtlinien wird hierzu der sogenannte *Tier-2-Ansatz* beschrieben, in dem eine Methanumwandlungsrate (methane conversion factor, Y_m) definiert ist. Mit dieser kann die tägliche Methanemission in Megajoule pro Tag (MJ/d) wie folgt berechnet werden:

$$CH_4 \left(\frac{MJ}{d} \right) = Y_m \times GEI$$

hierbei beschreibt Y_m den prozentualen Anteil der aufgenommenen Bruttoenergie (GEI , gross energy intake), der in Form von Methan freigesetzt wird (~6 %). GEI steht für die geschätzte Bruttoenergieaufnahme des Tieres (IPCC, 2006).

Im Verlauf der Forschung wurden diese grundlegenden Ansätze um Einflussgrößen erweitert. Hristov et al. (2018) zeigen, dass die tägliche TMA einen signifikanten Einfluss auf die CH_4 -Emissionen hat. Appuhamy et al. (2013) stellen fest, dass Gleichungen mit geschätzter TMA zu ähnlichen Ergebnissen führen wie solche mit gemessener TMA, was die praktische Anwendbarkeit erleichtert. Nach Hristov et al. (2018) reicht eine geschätzte TMA aus, um eine hinreichend genaue Schätzung der CH_4 -Emissionen zu ermöglichen. Benchaar et al. (1998) untersuchten zwölf Schätzgleichungen und zeigen, dass mechanistische Modelle gegenüber einfachen Regressionsmodellen eine höhere Genauigkeit aufweisen. Aufbauend darauf wurden später nichtlineare statistische Modelle entwickelt, die aufgrund bekannter TMA die CH_4 -Produktion mit höherer Präzision vorhersagen (Mills et al., 2003). Yan et al. (2000) entwickelten zwei Schätzgleichungen speziell für Milch- und Fleischrinder, die mit grasbasierten Rationen gefüttert wurden.

In einer Metaanalyse von Ellis et al. (2007) wurden 29 verschiedene Schätzgleichungen verglichen. Auf Basis statistischer Kriterien, wie des mittleren quadratischen Vorhersagefehlers (28,2 %) und des Zufallsfehlers (83 %) wurde folgende Gleichung von Ellis et al. (2007) als die geeignetste identifiziert:

$$CH_4 \left(\frac{MJ}{d} \right) = 3,27(\pm 0,79) + 0,74(\pm 0,07) * TMA \left(\frac{kg}{d} \right)$$

Die zur Entwicklung dieser Gleichung verwendeten Studien sind in Tabelle 10 dargestellt. In derselben Tabelle sind zudem weitere Studien aufgeführt, die von Ricci et al. (2013) analysiert wurden und auf deren Grundlage Ricci et al. (2013) eine neue Schätzgleichung aufgestellt haben. Auch Bell et al. (2009) kommen nach der Analyse von 22 Gleichungen zu dem Schluss, dass die TMA eine zentrale Variable für die Berechnung von CH₄-Emissionen darstellt.

Tabelle 10: Datengrundlage der Metaanalysen von Ellis et al. (2007) und Ricci et al. (2013) zur Entwicklung von Methan-Schätzgleichungen, modifiziert nach Ellis et al. (2007) und Ricci et al. (2013)

Quelle	Nutzung	Methanmess- technik	Mittlerer Methanwert	Einheit
Coppock et al. (1964)	Milch	RK ¹	17,0	MJ/d
Moe et al. (1973a)	Milch	RK	10,8	MJ/d
Moe & Tyrrell (1977)	Milch	RK	12,4	MJ/d
Holter et al. (1986)	Milch	RK	10,4	MJ/d
Holter et al. (1990)	Milch	RK	13,5	MJ/d
Holter et al. (1992)	Milch	RK	11,6	MJ/d
Hironaka et al. (1996)	Fleisch	RK	6,2	MJ/d
McCaughey et al. (1997)	Fleisch	SF ₆ ²	10,3	MJ/d
Waldo et al. (1997)	Milch	RK	9,2	MJ/d
McCaughey et al. (1999)	Fleisch	SF ₆	14,9	MJ/d
Reynolds & Tyrrell (2000)	Fleisch	RK	11,6	MJ/d
Westberg et al. (2001)	Fleisch	SF ₆	10,4	MJ/d
Westberg et al. (2001)	Milch	SF ₆	18,9	MJ/d
Boadi & Witteberg (2002)	Fleisch & Milch	SF ₆	8,6 & 8,9	MJ/d
Hindrichsen et al. (2005)	Milch	RK	379,7	g/d
Beauchemin & McGinn (2005)	Fleisch	RK	6,2	MJ/d
Beauchemin & McGinn (2006)	Fleisch	RK	141,5	g/d
Chaves et al. (2006)	Fleisch	SF ₆	151,0	g/d
Nkrumah et al. (2006)	Fleisch	RK	119,1	g/d
Ominski et al. (2006)	Fleisch	SF ₆	139,6	g/d
Ellis et al. (2007)	Fleisch & Milch	RK & SF ₆	11,8	MJ/d
van Dorland et al. (2007)	Milch	RK	431,7	g/d
Pineares-Patino et al. (2007)	Fleisch	SF ₆	217,1	g/d
Cavanagh et al. (2008)	Milch	SF ₆	310,5	g/d
Grainger et al. (2009)	Milch	SF ₆	372,3	g/d
O'Neill et al. (2011)	Milch	SF ₆	323,8	g/d
Ricci et al. (2013)	Fleisch & Milch	RK & SF ₆	216,2	g/d

¹RK: Respirationskammer; ²SF₆: Sulfurhexafluorid-Methode

Yan et al. (2010) führten eine weitere umfangreiche Metaanalyse durch, in die Daten aus 20 Studien mit insgesamt 579 Milchkühen einfließen, die in

Respirationskammern untersucht wurden. Auf dieser Basis entwickelten sie drei Schätzgleichungen, die jeweils an die Art der gefütterten Ration angepasst wurden. Berücksichtigt wurden Parameter wie aufgenommene Bruttoenergie, verdauliche Energie und umsetzbare Energie. Ihre Ergebnisse zeigen, dass mit steigender Milchleistung die CH₄-Emission pro Liter Milch abnimmt. Zudem konnten Tiere mit geringerem Erhaltungsbedarf identifiziert werden, die durch eine besonders effiziente Energieverwertung und entsprechend niedrigere CH₄-Emissionen gekennzeichnet sind.

Madsen et al. (2010) integrierten die *heat production unit* (HPU) in ihre Berechnungen. Diese Größe basiert auf der umsetzbaren Energieaufnahme sowie auf Gewichtszunahme und Milchproduktion. Damit konnte die CO₂-Produktion der Tiere berechnet und das Verhältnis CO₂/CH₄ bestimmt werden. Auf dieser Grundlage wurden die täglichen CH₄-Emissionen ermittelt, indem der Anteil des Kohlenstoffs, der nicht als CO₂, sondern als CH₄ abgegeben wurde, berechnet wurde.

Eine vergleichsweise einfache Schätzgleichung, welche von Piatkowski et al. (2010) entwickelt wurde, entstand auf der Grundlage von 337 Experimenten zur energetischen Futterbewertung aus den Jahren 1960 bis 1989, von denen 1.500 Beobachtungen aus Respirationskammern resultierten. Die daraus abgeleitete Gleichung lautet:

$$y = 32,76 - 0,384 * x$$

wobei $y = \text{g CH}_4/\text{kg TMA}$; $x = \text{g TMA}/\text{kg Lebendmasse}$.

Die TMA wurde dabei anhand des Lebendgewichtes und der Leistungsparameter berechnet. Die Ergebnisse dieser Gleichung zeigen, dass die CH₄-Produktion mit steigender Milchleistung zunimmt (vgl. Abb. 7). In der Abbildung 7 ist die Methanproduktion [kg] einer 305-Tage-Laktation einschließlich Trockenstehperiode, welche mit 16 kg CH₄ angenommen wird, der jährlichen Milchleistung [kg] gegenübergestellt. Mit zunehmender Milchmenge steigt die Methanmenge linear an.

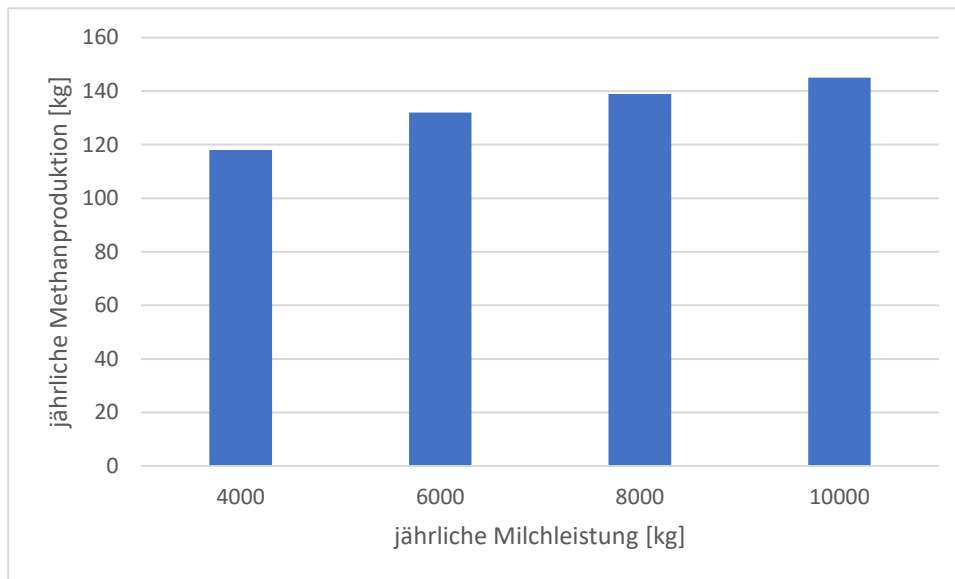


Abbildung 7: Jährliche Methanproduktion [kg] in Abhängigkeit von der jährlichen Milchleistung [kg], modifiziert nach Piatkowski et al. (2010)

Tabelle 11 fasst ausgewählte Studien zusammen, die Schätzgleichungen zur Bestimmung von CH₄-Emissionen bei Milchkühen verwendet haben. Die große Variabilität der verwendeten Methanmerkmale und ihrer Einheiten wird dabei deutlich. Ellis et al. (2007) berechneten Methanemissionen mit folgender Formel:

$$\begin{aligned}
 CH_4(MJ/d) = & 2,94(\pm 1,16) \\
 & + 0,059(\pm 0,0201) \times \text{metabolizable energy intake (MJ/d)} \\
 & + 1,44(\pm 0,331) \times \text{acid detergent fiber (kg/d)} \\
 & - 4,16(\pm 1,93) \times \text{lignin (kg/d)}
 \end{aligned}$$

Mit einer anderen Gleichung, welche speziell für die Bestimmung der Methanemissionen von Fleischrindern entwickelt wurde, haben Ellis et al. (2007) geringere CH₄-Werte für Fleischrinder im Vergleich zu Milchkühen ermittelt. Für die Berechnung der Methanemissionen für Fleischrinder haben sie nachfolgende Formel verwendet:

$$CH_4(MJ/d) = 8,56(\pm 2,63) + 0,14(\pm 0,056) \times \text{forage (\%)}$$

Andere Studien stellen ihre Ergebnisse der berechneten Methanemissionen in unterschiedlichen Einheiten dar (z. B. g CH₄/kg TMA oder g CH₄/d). Diese

Heterogenität erschwert direkte Vergleiche zwischen Studien erheblich. Chagunda et al. (2009a) verwendeten die folgenden drei Schätzgleichungen zur Bestimmung von Methanemissionen:

$$1. \text{CH}_4(\text{MJ}/d) = 1,36 + 1,21 \times \text{DMI} - 0,825 \times \text{CDMI} + 12,8 \times \text{NDF}$$

nach Yates et al. (2000), wobei *DMI* = dry matter intake (Trockenmasseaufnahme [kg/d]), *CDMI* = concentrate dry matter intake (Krafftutteraufnahme [kg/d]), *NDF* = neutral detergent fibre (Neutral-Detergenzien-Fasern [kg/d])

$$2. \text{CH}_4(\text{MJ}/d) = 8,25 + 0,07 \times \text{ME intake}(\text{MJ}/d)$$

nach Mills et al. (2003), wobei *ME intake* = metabolisierbare Energieaufnahme (umsetzbare Energie)

$$3. \text{CH}_4(\% \text{ gross energy}) = 2,898 - 0,0631 \times \text{milk yield (kg/d)} + 0,297 \times \text{milk fat (\%)} - 1,587 \times \text{milk protein (\%)} + 0,0891 \times \text{CP (\%DMI)} + 0,1010 \times \text{forage ADF (\%DMI)} + 0,102 \times \text{DMI (kg/d)} - 0,131 \times \text{fat (\%DMI)} + 0,116 \times \text{DM digestibility (\%)} - 0,0737 \times \text{CP digestibility (\%)}$$

nach Holter und Young (1992), wobei *CP* = crude protein (Rohprotein), *ADF* = acid detergent fibre (schwer verdauliche Fasern, wie Cellulose und Lignin), *DMI* = dry matter intake (Trockenmasseaufnahme), *DM digestibility* = dry matter digestibility (Trockenmasseverdaulichkeit) und *CP digestibility* = crude protein digestibility (Rohproteinverdaulichkeit).

Mit diesen drei Formeln wurden drei unterschiedliche Werte für Methanemissionen, welche als Merkmal Methanintensität [g CH₄/kg Milch] ausgegeben wurden, geschätzt. Dies unterstreicht die Sensitivität der Gleichungen gegenüber der Datengrundlage und dem methodischen Ansatz.

Piatkowski et al. (2010) verwendeten hingegen nachfolgende Gleichung zur Berechnung der Methanemissionen:

$$y = 32,76 - 0,384x$$

wobei y den Methanertrag (g CH₄/kg TMA) darstellt und x die Trockenmasseaufnahme in Gramm je Kilogramm Lebendmasse annimmt.

Tabelle 11: Studien, die mit Schätzgleichungen CH₄-Emissionen bestimmt haben, unter Angabe der Methanmerkmale, Einheiten und Mittelwerte

Quelle	Methanmerkmal	Einheit	Mittelwert
Ellis et al. (2007)	CH ₄ -kombiniert	MJ/d	11,8
	CH ₄ -Milch	MJ/d	14,3
	CH ₄ -Fleisch	MJ/d	9,1
Chagunda et al. (2009a)	Methane1 (Yates et al., 2000)	g/kg Milch	14,4
	Methane2 (Mills et al., 2003)	g/kg Milch	14,2
	Methane3 (Holter & Young, 1992)	g/kg Milch	19,3
Piatkowski et al. (2010)	CH ₄ -Ertrag	g/kg TMA ¹	23,7
Bannink et al. (2011)	CH ₄ -Intensität (neuer Ansatz IPCC-Tier-3-Modell)	g/kg ECM ²	16,4

¹TMA: Trockenmasseaufnahme, ²ECM: Energiekorrigierte Milchmenge

2.3.7 Schätzung der Methanemissionen auf Basis von Milchfettsäureprofilen

Ein neuer Ansatz zur Abschätzung der Methanemissionen von Milchkühen basiert auf der Analyse von Milchfettsäureprofilen. Ziel dieser Methode ist es, bereits vorhandene Routinedaten aus der Milchuntersuchung zur indirekten Schätzung der Methanproduktion zu nutzen. Milchfettsäureprofile stellen eine etablierte und leicht messbare Datenquelle dar, die ein großes Potenzial zur kostengünstigen und großflächigen Erfassung individueller Methanemissionen bietet. Zur Entwicklung und Validierung entsprechender Schätzgleichungen werden in der Regel *mid-infrared*-Spektraldaten (MIR) der Milch mit Messdaten aus Referenzmethoden (z. B. Respirationsskammern oder SF₆-Tracer-Technik) kombiniert, um robuste Regressionsbeziehungen zwischen Fettsäuremustern und Methanemissionen zu etablieren.

Dijkstra et al. (2011) entwickelten eine der ersten Schätzggleichungen, die auf MIR-Spektraldaten bestimmter Milchefettsäuren basierte. Die Validierung der Gleichung anhand von Methanwerten aus Respirationskammern ergab eine hohe Korrelation ($r = 0,73$). Die von den Autoren vorgeschlagene Gleichung lautet:

$$\begin{aligned} CH_4(g/kg \text{ TMA}) &= 24,6(\pm 1,28) + 8,74(\pm 3,58) \times C17:0_{antesio} \\ &- 1,97(\pm 0,43) \times trans - 10 + 11C18:1 - 9,09(\pm 1,44) \times cis \\ &- 11C18:1 + 5,07(\pm 1,94) \times cis - 13C18:1 \end{aligned}$$

Dehareng et al. (2012) überprüften ihre MIR-basierten Schätzungen der CH_4 -Emissionen [g CH_4 /kg Milch] mittels simultaner SF_6 -Messungen. Das Bestimmtheitsmaß betrug $R^2 = 0,76$, womit die Autoren bestätigen, dass MIR-Spektraldaten grundsätzlich zur Vorhersage von CH_4 -Emissionen geeignet sind. Van Lingen et al. (2014) führten eine Metaanalyse auf Grundlage von acht Studien mit insgesamt 146 Beobachtungen und 30 unterschiedlichen Fütterungsregimen durch. Daraus wurde folgende Regressionsgleichung abgeleitet:

$$\begin{aligned} CH_4(g/kg \text{ TMA}) &= 23,39 + 9,74 \times C16:0 - iso - 1,06 \times trans - 10 + 11C18:1 \\ &- 1,75 \times cis - 9,12C18:2 \end{aligned}$$

Das Bestimmtheitsmaß ($R^2 = 0,54$) von van Lingen et al. (2014) weist auf ein moderates Potenzial des Milchefettsäuremusters zur Vorhersage des Methanertrags hin (van Lingen et al., 2014). Vanrobays et al. (2016) prüften die Eignung von MIR-Daten zur Schätzung der täglichen Methanproduktion (M_p , [g/d]) von Milchkühen. Grundlage bildete eine von Vanlierde et al. (2015) entwickelte, laktationsphasenabhängige Vorhersagegleichung. Die Gehalte einzelner Milchefettsäuren [g/100 dL Milch] wurden dabei aus den MIR-Spektren prognostiziert. Die Korrelationen zwischen Fettsäuregehalten und Methanproduktion variierten deutlich mit dem Laktationsstadium. Über die gesamte Laktation hinweg zeigte die Fettsäure C16:0 die stabilste Beziehung zur CH_4 -Produktion ($r_p = 0,1-0,2$; $r_g = 0,3$). Aufgrund dieser Schwankungen schlussfolgern Vanrobays et al. (2016), dass die Beziehung zwischen

Milchfettsäuren und Methanproduktion derzeit keine verlässliche Vorhersage erlaubt. Van Gastelen et al. (2017) verglichen MIR-basierte Schätzwerte mit Methanmessungen aus Respirationsskammern und stellen eine nur mäßige Übereinstimmung fest. In einer weiteren Untersuchung von Denninger et al. (2020) wurden auf Basis von MIR-Daten 30 Braunviehkühe mit erwarteten hohen oder niedrigen CH₄-Emissionen ausgewählt. Diese Tiere wurden über acht Tage bei standardisierter Fütterung parallel mit MIR in RK und LMD untersucht. Die Korrelationen zwischen den Methoden waren insgesamt gering, was auf eine begrenzte Vergleichbarkeit der MIR-basierten Schätzungen mit direkten Messmethoden hindeutet.

Die in Tabelle 12 dargestellten Studien zeigen, dass Schätzgleichungen auf Basis von MIR-Spektraldaten prinzipiell zur Vorhersage von Methanemissionen geeignet sind. Die erreichten Bestimmtheitsmaße liegen jedoch meist im mittleren Bereich ($R^2 \approx 0,5-0,7$). Damit spiegeln sie ein moderates, aber nicht hinreichend präzises Vorhersagepotenzial wider. Die größten Unsicherheiten ergeben sich aus der Abhängigkeit der Fettsäureprofile von Fütterung, Laktationsstadium und individuellen physiologischen Zuständen. Entsprechend sind die entwickelten Modelle derzeit vorwiegend für populationsbasierte Schätzungen geeignet, weniger jedoch für die präzise Bestimmung individueller Emissionen einzelner Tiere.

Tabelle 12: Studien, die mit MIR-Spektraldaten von Milchfettsäureprofilen CH₄-Emissionen bestimmt haben, unter Angabe der Methanmerkmale, Einheiten und Mittelwerte

Quelle	Methanmerkmal	Einheit	Mittelwert
Dijkstra et al. (2011)	CH ₄ -Produktion	g/d	381,0
	CH ₄ -Ertrag	g/kg TMA ¹	21,5
Dehareng et al. (2012)	CH ₄ -Produktion	g/d	429,0
	CH ₄ -Intensität	g/kg Milch	21,9
van Lingen et al. (2014)	CH ₄ -Produktion	g/d	395,0
	CH ₄ -Ertrag	g/kg TMA	21,5
	CH ₄ -Intensität	g/kg ECM ²	13,9
Vanrobays et al. (2015)	CH ₄ -Produktion	g/d	448,0
Vanlierde et al. (2016)	CH ₄ -Produktion	g/d	430,0
van Gastelen et al. (2017)	CH ₄ -Produktion	g/d	406,0
	CH ₄ -Ertrag	g/kg TMA	24,1
	CH ₄ -Intensität	g/kg ECM	16,4
Shetty et al. (2017)	CH ₄ /CO ₂ -Verhältnis		0,1
	CH ₄	l/d	437,0
Bittante et al. (2018)	CH ₄ -Produktion	g/d	357,0
	CH ₄ -Ertrag	g/kg TMA	21,3
	CH ₄ -Intensität	g/kg ECM	14,2
Denninger et al. (2020)	MIR ₁ ³	g/d	409,0
	MIR _{2_old}	g/d	450,0
	MIR _{2_new}	g/d	411,0

¹TMA: Trockenmasseaufnahme, ²ECM: Energiekorrigierte Milchmenge, ³MIR: Methanemissionen abgeleitet auf Basis der mittleren Spektraldaten der Milch

2.3.8 Vergleich der Methoden zur Erfassung von Methanemissionen

Nach der detaillierten Beschreibung der einzelnen Verfahren zur Erfassung von CH₄-Emissionen bei Rindern folgt ein zusammenfassender Überblick in Tabelle 13 über die jeweiligen Messprinzipien, deren Vor- und Nachteile sowie die Vergleichbarkeit der Ergebnisse zwischen den verschiedenen Methoden.

Die Messungen in RK gelten weiterhin als Referenzmethode für die Bestimmung von Methanemissionen. Sie liefern hochpräzise und umfassende Daten, da sämtliche vom Tier abgegebenen Gase kontinuierlich erfasst werden. Der wesentliche Nachteil dieser Methode liegt jedoch in der begrenzten Tierzahl, die untersucht werden kann. Aufgrund des hohen technischen und logistischen Aufwands sind populationsweite Erhebungen oder genetische Studien mit dieser Methode nicht praktikabel.

Methoden wie Sniffer, GF oder LMD erlauben eine deutlich höhere Anzahl an Messungen und Beobachtungen. Diese Systeme erfassen die Methanemissionen über kurze Zeiträume (Spotmessungen) und ermöglichen somit eine großflächige

Datenerhebung unter Praxisbedingungen. Ein Nachteil besteht jedoch darin, dass die gesamte tägliche Methanproduktion lediglich auf Basis dieser Kurzzeitmessungen geschätzt wird. Entsprechend liefern sie keine absoluten, sondern angenäherte Werte der tatsächlichen täglichen CH₄-Emissionen. Für Vergleiche innerhalb einer Tiergruppe, zur Erfassung individueller Unterschiede oder zur Untersuchung fütterungsbedingter Variationen sind diese Methoden jedoch gut geeignet (Garnsworthy et al., 2019).

Eine vielversprechende Alternative stellt die SF₆-Technik dar, bei der das vom Tier freigesetzte Tracergas (SF₆) über 24 Stunden gesammelt und ausgewertet wird. Aus dem Verhältnis von SF₆- zu CH₄-Konzentration kann die tägliche Methanproduktion im Pansen berechnet werden. Die Methode erlaubt eine kontinuierliche Erfassung über längere Zeiträume und liefert repräsentative Tageswerte. Ihr Hauptnachteil liegt im aufwendigen Versuchsdesign: Jedes Tier benötigt ein eigenes Messsystem, wodurch der Personaleinsatz und die Kosten erheblich steigen. Daher eignet sich diese Methode vorrangig für kleinere Versuchstiergruppen.

Schätzgleichungen bieten den Vorteil, dass sie eine enorme Anzahl an Beobachtungen einbeziehen können, sofern die für die Berechnung benötigten Parameter (z. B. TMA, Energieaufnahme oder Milchleistung) verfügbar oder ableitbar sind. Sie sind daher insbesondere für populationsweite Analysen und genetische Studien interessant. Ein Nachteil liegt allerdings in der Unsicherheit der Eingangsdaten. Häufig beruhen einzelne Parameter selbst auf Schätzungen oder Annahmen, wodurch sich systematische Fehler und Verzerrungen ergeben können. Entsprechend sind die resultierenden Werte als Näherungen und nicht als exakte Messungen zu interpretieren.

Die Bestimmung der CH₄-Emissionen aus MilCHFettsäureprofilen auf Basis von MIR-Spektraldaten stellt eine innovative und praxisnahe Methode dar. Da MIR-Daten routinemäßig im Rahmen der Milchleistungsprüfung erhoben werden, könnten damit potenziell sehr große Datensätze zur Methanschätzung generiert werden. Voraussetzung für die Anwendung ist jedoch eine stabile und reproduzierbare Beziehung zwischen den MilCHFettsäureprofilen und den tatsächlichen CH₄-Emissionen.

Tabelle 13: Vor- und Nachteile bekannter Methan-Messmethoden

Methode	Vorteile	Nachteile
RK ¹	- vollständige Messungen des gesamten emittierten Methans: Flatus, respiratorisches und eruktirtes Methan - Langzeitmessungen möglich - viele weitere metabolische Daten können erfasst werden	- Tiere (limitierte Kapazität) - grasende Tiere können nicht untersucht werden - TMA² und Verhalten reduziert, teilweise unnatürliches Verhalten, da abgesondert und ungewohnte Umgebung
Sniffer	- große Anzahl an Tieren und Beobachtungen - portabel - direkte Messung	- Kurzzeitmessungen - Abweichung der Messungen durch Kopfbewegung - teilw. ohne Luftstrom
GF ³	- Tiere auf der Wiese können untersucht werden, portabel - direkte Messung - Kopfpositionssensor - definierter Luftstrom - mehrmals tgl. Beobachtungen	- Kurzzeitmessung - Tiere müssen in Kraftfutterstation gehen (ggf. üben)
SF ₆ ⁴	- Tiere können sich frei bewegen - Messungen auf Weide möglich - Langzeitmessung	- Verhaltensänderung durch Halfter und Rucksack - SF₆ Rückstände im Tier zu beachten
LMD ⁵	- relativ viele Tiere und Beobachtungen - wiederholende Beobachtungen - nicht invasiv	- Kurzzeitmessung - Personal- und Zeitaufwendig - Umrechnung der Einheit, um auf Produktionsmenge zu kommen, schwierig
Schätzgleichungen	- nicht invasiv - große Anzahl an Tieren	- Schätzwerte, indirekt - tatsächliche individuelle Unterschiede kaum berücksichtigt
MIR ⁶ -Spektraldaten der Milch	- nicht invasiv - große Anzahl an Tieren	- nur MLP⁷-Tage können berücksichtigt werden - indirekte Methode

¹RK: Respirationskammer; ²TMA: Trockenmasseaufnahme; ³GF: Green-Feed-System; ⁴SF₆: Sulfurhexafluorid-Methode; ⁵LMD: Laser-Methan-Detektor; ⁶MIR: Mittlere Infrarot-Spektraldaten; ⁷MLP: Milchleistungsprüfung

Andere Studien haben auch Vergleiche verschiedener Mess- und Berechnungsmethoden aufgestellt. Unter anderem Storm et al. (2012), welche die Daten aus Tabelle 14 (modifiziert nach Storm et al., 2012) zusammengetragen haben. Diese Tabelle berücksichtigt Daten, wie die Fütterungsaspekte, der jeweilige Einfluss auf das Tier anhand der Messmethode, die Aussagekraft der Messwerte und das Ausgabeformat der Methanmerkmale. In der Tabelle 14 wird zwischen den Methoden RK, SF₆, CO₂, IPCC und weiteren Modellen verglichen.

Zudem wird aufgeführt, ob mit den jeweiligen Methoden Variationen innerhalb einer Herde oder innerhalb eines Individuums erfassbar sind.

Tabelle 14: Verschiedene Methoden (RK = Respirationskammer, SF₆ = Sulfurhexafluorid-Messmethode, CO₂ = Kohlenstoffdioxid als Marker-Gas, IPCC = Intergovernmental Panel on Climate Change Ansatz) zur Messung oder Schätzung der Methanemissionen von Rindern – im Vergleich, modifiziert nach Storm et al. (2012)

Parameter der Methode	RK	SF ₆	CO ₂	IPCC	Andere Modelle
Voraussetzungen			Information über berechenbare CO ₂ -Produktion	Informationen über Tierzahl, Bruttoenergieaufnahme	Abhängigkeiten: z. B. TMA ¹ , Nährstoffzusammensetzung
<i>Aspekte der Fütterung, die untersucht werden können</i>					
Niveau	J ²	J	J	N ³	J
Form	J	J	J	N	N
Zusammensetzung	J	J	J	N	J
<i>Einfluss auf die Tiere</i>					
Fixierung	J	N	- ⁴	-	-
Tragen von Ausrüstung	N	J	-	-	-
In AMS, Melkstand verwendet	N	N	J	-	-
<i>Methodenschätzungen</i>					
Einzelne Tiere	J	J	J	J	J
Variation innerhalb eines Tieres	J	J	J	N	N
Variation zwischen den Tieren	J	J	J	N	N
<i>Ausgabeformat</i>					
Basis	CH ₄ /d/Tier	CH ₄ /d/Tier	CH ₄ /d/Tier	CH ₄ /d/Tier	CH ₄ /d/Tier
Bezogen auf TMA	J	J	J	J	J
Bezogen auf Milchleistung	J	J	J	-	J
Bezogen auf Bruttoenergieaufnahme	J	J	J	-	J

¹TMA: Trockenmasseaufnahme; ²J: Ja; ³N: Nein; ⁴ -: Nicht relevant

Tabelle 15 (modifiziert nach Garnsworthy et al., 2019) zeigt einen direkten Vergleich verschiedener Messtechniken untereinander sowie mit der Referenzmethode RK. Die Korrelationen zwischen RK und alternativen Verfahren liegen im Bereich von $r = 0,72$ bis $r = 0,89$, wobei die NDIR-Peak-Methode die höchste Übereinstimmung mit der RK aufweist – trotz ihres Spotmessungscharakters. Der Vergleich verschiedener Alternativmethoden untereinander ergab Korrelationen zwischen $r = 0,40$ und $r = 0,97$.

Tabelle 15: Vergleich verschiedener Methoden zur Messung von Methanemissionen bei Milchkühen, modifiziert nach Garnsworthy et al. (2019)

Methoden	Kühe	Beobachtungen	Mittelwert	Wiederholbarkeit	Korrelation ¹
<i>Vergleich verschiedener Methoden mit der Respirationsskammer</i>					
SF ₆ ²	33	97	471	0,44	0,87
RK ³	33	97	437	0,36	
GF ⁴	27	63	433	0,64	0,81
RK	27	63	459	0,51	
NDIR ⁵ peaks	12	12	376	-	0,89
RK	12	12	377	-	
NDIR CO ₂ t1 ⁶	20	60	573	0,58	0,72
RK	20	60	521	0,61	
<i>Vergleich verschiedener Messmethoden miteinander</i>					
SF ₆	48	144	405	-	0,40
GF	48	144	373	-	
LMD ⁷	11	88	432	0,21	0,77
GF	11	88	423	0,49	
NDIR CO ₂ t1	27	63	586	0,59	0,64
GF	27	63	453	0,75	
NDIR CO ₂ t1	39	118	365	0,66	0,60
LMD	39	118	363	0,14	
FTIR ⁸ CO ₂ t2 ⁹	34	68	315	0,77	0,57
LMD	34	68	299	0,27	
NDIR CO ₂ t1	45	90	383	0,85	0,58
NDIR peaks	45	90	393	0,59	
FTIR CO ₂ t1	45	90	392	0,81	0,53
NDIR peaks	45	90	382	0,60	

¹Bei wiederholten Messungen pro Kuh wurde die Korrelation für wiederholte Messungen dargestellt, bei Einzelmessungen pro Kuh wurde die Pearson-Korrelation verwendet; ²SF₆: Sulphur hexafluoride tracer gas technique; ³RK: Respirationsskammer; ⁴GF: GreenFeed-System; ⁵NDIR: Nondispersive Infrared; ⁶CO₂ t1 method uses CO₂ predicted from milk yield, live weight and days pregnant; ⁷LMD: Laser-Methan-Detektor; ⁸FTIR: Fourier Transform Infrared; ⁹CO₂ t2 method uses CO₂ predicted from metabolisable energy intake

Tabelle 16 (nach Zhao et al., 2020) verdeutlicht, dass die RK-Methode als einzige sowohl pansen- als auch darmbedingte CH₄-Emissionen berücksichtigt. Zudem messen die Verfahren RK, Kopfhaube, SF₆ und GF den Luftstrom mit bekannter Durchflussrate, während Sniffer und LMD lediglich Konzentrationen erfassen. Auch hinsichtlich der Messdauer unterscheiden sich die Verfahren deutlich: Während RK und SF₆ kontinuierliche Messungen über längere Zeiträume ermöglichen, handelt es sich bei Sniffer, LMD und GF meist um Kurzzeitmessungen. Die Mobilität der Geräte variiert ebenfalls: Alle Verfahren außer der RK sind portabel und können unter Praxisbedingungen im Stall oder auf der Weide eingesetzt werden. Bei Systemen mit Multigasensorik ist zudem auf die Empfindlichkeit, Kalibrierung und Störanfälligkeit der Sensoren zu achten, da diese die Messgenauigkeit wesentlich beeinflussen.

Tabelle 16: Vergleich von Messtechniken zur Bestimmung der CH₄-Emissionen, modifiziert nach Zhao et al. (2020)

Methode	Stall/ Weide	CH₄/ Multi- Gase	Pansen/ Darm- CH₄	Kontinuierlich/ Kurzzeit- messungen	CH₄- Luftstrom/ Konzentration
RK ¹	Stall	CH ₄ , Multigas	Pansen- & Darm- CH ₄	kontinuierlich	Luftstrom
Kopfhaube	Stall	CH ₄ , Multigas	Pansen- CH ₄	kontinuierlich	Luftstrom
SF ₆ ²	Stall, Weide	CH ₄	Pansen- CH ₄	kontinuierlich	Luftstrom
GF ³	Stall, Weide	CH ₄ , Multigas	Pansen- CH ₄	Kurzzeit	Luftstrom
Sniffer	Stall	CH ₄ , Multigas	Pansen- CH ₄	Kurzzeit	Konzentration
LMD ⁴	Stall, Weide	CH ₄	Pansen- CH ₄	Kurzzeit	Konzentration

¹RK: Respirationskammer; ²SF₆: Sulfurhexafluorid; ³GF: GreenFeed-System; ⁴LMD: Laser-Methan-Detektor

Zusammenfassend lässt sich festhalten, dass die RK nach wie vor die genaueste Methode zur Quantifizierung der CH₄-Emissionen darstellt, während Spot- und Tracer-Techniken praktikable Alternativen für größere Tierzahlen bieten. Schätzgleichungen und MIR-basierte Modelle besitzen ein hohes Potenzial für großflächige Erhebungen und genetische Anwendungen, erfordern jedoch weitere Validierung hinsichtlich Genauigkeit und Stabilität der Beziehungen zwischen Eingangsdaten und tatsächlicher Methanproduktion.

2.4 Einflussfaktoren auf die Methanemission als phänotypisches Merkmal

Studien, die sich mit den CH₄-Emissionen von Wiederkäuern befassen, insbesondere von Milchkühen, nutzen verschiedene Ansätze zur Quantifizierung entsprechender Merkmale. Dabei wird Methan häufig als tägliche CH₄-Produktion angegeben, meist in den Einheiten g/d, MJ/d oder l/d. Alternativ erfolgt die Darstellung als CH₄-Ertrag (g CH₄/kg TMA), bezogen auf die Trockenmasseaufnahme (TMA), oder als CH₄-Intensität (g CH₄/kg ECM), ausgedrückt in Relation zur energiekorrigierten Milch (ECM) (Niu et al., 2018; Lassen & Difford, 2020). Die unterschiedlichen Berechnungs- und Bezugsgrößen führen zwar zu einer gewissen Heterogenität in der Charakterisierung von Methanemissionen, dennoch konnte eine signifikante Beziehung zwischen den verschiedenen Merkmalen aufgezeigt werden. So berichten Ellis et al. (2007) auf Basis von 29 Schätzgleichungen eine Korrelation von $r = 0,69$ zwischen unterschiedlichen Methanmerkmalen, die auf MJ/d normiert waren (Ellis et al., 2007).

Studienübergreifend konnte gezeigt werden, dass die Methanintensität (CH₄/Mkg) mit steigender Milchleistung abnimmt (Chagunda et al., 2009a; Piatkowski et al., 2010). Diese höhere Effizienz von Hochleistungskühen ist in Abbildung 8 veranschaulicht. Dort wird deutlich, dass zwar die absolute jährliche Methanproduktion mit zunehmender Milchmenge ansteigt, die relative Methanemission pro Kilogramm erzeugter Milch jedoch sinkt. Daraus lässt sich ableiten, dass mit steigender Milchleistung die Methanemissionen je Produkteinheit (kg Milch) abnehmen. Eine phänotypische Korrelation von $r = 0,26$ zwischen dem Merkmal „predicted methane emission“ (PME) in [g/d], welches die tägliche Methanproduktion beschreibt, und der Milchmenge bestätigt diese Beobachtung (Flachowsky & Brade, 2007; Haas et al., 2017).

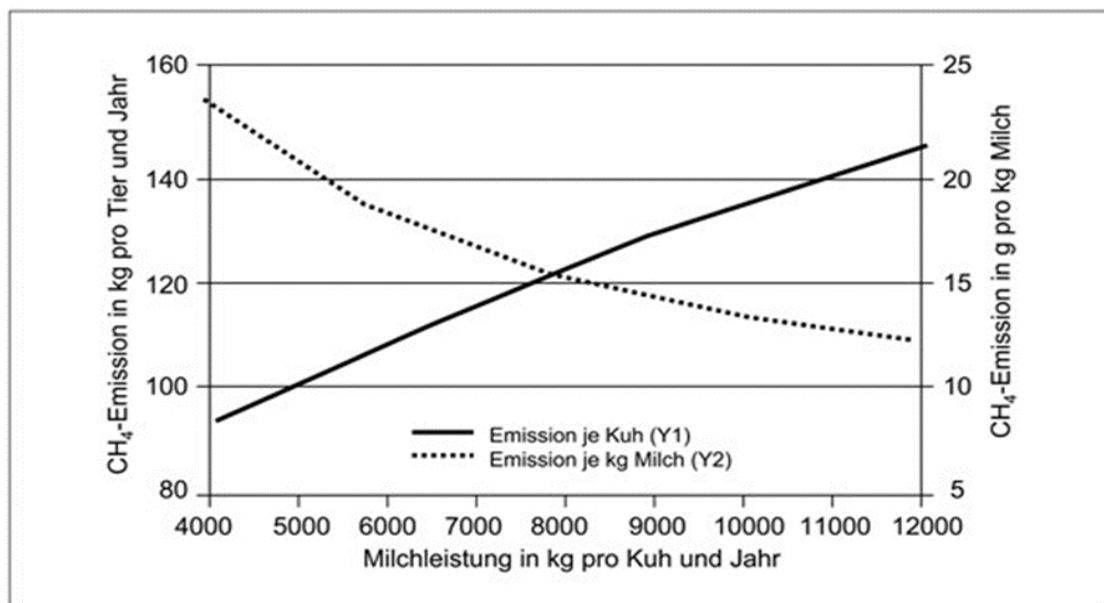


Abbildung 8: Mit steigender Milchleistung nimmt die Methanintensität (CH_4/kg Milch) ab, wobei die absolute Menge an Methan mit steigender Milchleistung zunimmt. Entnommen aus Flachowski & Brade (2007, S. 439), mit freundlicher Genehmigung des Verlags Eugen Ulmer

Einheitliche Beobachtungen liegen auch hinsichtlich des Methanertrags vor. So wurde gezeigt, dass Rinder mit höherer TMA größere Mengen an Methan produzierten (Garnsworthy et al., 2012; Bell et al., 2014b; Eckert et al., 2018). In Übereinstimmung damit stellen Piatkowski et al. (2010) fest, dass die Methanemissionen mit steigendem Raufutteranteil in der Ration zunehmen. Überdies zeigen weitere Studien, dass Kühe bei stärkehaltigen Rationen beziehungsweise Rationen mit hohem Kraftfutteranteil geringere Methanemissionen aufwiesen (Yates et al., 2000; Flachowsky & Brade, 2007; Beauchemin et al., 2011; Garnsworthy et al., 2012).

Im Gegensatz dazu finden Rischewski et al. (2017) keinen signifikanten Einfluss der Fütterung auf gängige Methanmerkmale ($\text{g CH}_4/\text{d}$, $\text{g CH}_4/\text{kg TMA}$, $\text{g CH}_4/\text{kg ECM}$). Bell et al. (2014b) hingegen stellen tierindividuelle Unterschiede in den Methanemissionen fest, obwohl die Tiere unter standardisierten Bedingungen gehalten, gefüttert und untersucht wurden. Dies weist darauf hin, dass neben der Fütterung auch tierabhängige Faktoren eine zentrale Rolle in der Methanproduktion spielen (Bell et al., 2014b).

Eine weitere phänotypische Einflussgröße auf die Methanemissionen könnte die Futtereffizienz darstellen, die durch den sogenannten Residual Feed Intake (RFI,

deutsch: Rest-Futter-Verbrauch) beschrieben wird. Dieses Merkmal gibt die Differenz zwischen der tatsächlichen Nettoenergieaufnahme und dem anhand der Leistung des Tieres berechneten Nettoenergiebedarfs an. Ein niedriger RFI-Wert (< 0) kennzeichnet Tiere, die bei gleicher Milch- oder Fleischproduktion weniger Futter aufnehmen als berechnet wurde, sie weisen also eine hohe Futtereffizienz auf. Eine hohe Futtereffizienz ist somit sowohl aus ökonomischer als auch aus ökologischer Sicht wünschenswert, da sie Ressourcen einspart und potenziell Emissionen reduziert. Hegarty et al. (2007) sowie Løvendahl et al. (2018) berichten von einem positiven Zusammenhang zwischen RFI und Methanemissionen. Zudem schätzen Haas et al. (2011) genetische Korrelationen zwischen der täglichen Methanproduktion ($\text{g CH}_4/\text{d}$) und RFI mit $r_g = 0,51$ und $r_g = 0,66$. Diese Ergebnisse deuten auf eine enge Beziehung zwischen beiden Merkmalen hin, die durch die geschätzte Erblichkeit von $h^2 = 0,40$ zusätzlich gestützt wird.

Krattenmacher und Thaller (2017) führten einen neuartigen Ansatz ein, bei dem der fäkale Archaeolgehalt als indirektes Merkmal zur Quantifizierung der Methanausscheidung genutzt wurde. Archaeol ist ein Membranlipid methanogener Archaeen im Pansen, dessen Nachweis im Kot Rückschlüsse auf die Methanproduktion des Tieres zulässt. Die Autoren weisen darauf hin, dass der Archaeolgehalt von pansenunabhängigen Faktoren wie Futterration oder Milchleistung beeinflusst wird, sodass weitere Forschung zur Validierung des Merkmals zur Bestimmung von Methanemissionen, notwendig ist.

2.4.1 Ansätze zur Reduktion von Methanemissionen bei Milchkühen

Auf Basis der zuvor beschriebenen phänotypischen Abhängigkeiten der Methanproduktion von der Futteraufnahme, Milchleistung oder Futtereffizienz wurden verschiedene Ansätze entwickelt, um die Emissionen gezielt zu reduzieren. Diese Maßnahmen reichen von Anpassungen der Ration über den Einsatz von Futteradditiven bis zu Managementstrategien wie Weidegang oder gezielter Selektion von Tieren. Zur Verringerung der Methanemissionen bei Milchkühen wurden sowohl Rationsanpassungen als auch Managementmaßnahmen untersucht. Dabei stehen insbesondere die Reduktion des absoluten Methanausstoßes und der Methanintensität im Fokus. Im

Folgenden werden zentrale Ansätze und deren Effekte auf CH₄-Emissionen vorgestellt.

Bell et al. (2010) analysierten Produktionsdaten von Milchkühen über einen Zeitraum von 17 Jahren. Mithilfe nicht linearer Gleichungssysteme, basierend auf der metabolisierbaren Energieaufnahme (MEI), zeigen sie, dass durch Verzicht auf Weidegang, niedrigen Rohfaseranteil in der Ration, Selektion auf hohe Milchfett- und Milchproteingehalte sowie hohe Milchleistung und Nutzungsdauer die Methanemissionen um bis zu 12 % gesenkt werden können. Ebenso wurden der Einfluss von Futteradditiven, Rationsänderungen und gezieltem Weidemanagement auf CH₄-Emissionen untersucht, um mögliche Maßnahmen der Methanreduktion zu evaluieren (Sandberg et al., 2017; Brade & Wimmers, 2016). Eine Erhöhung des Stärke- bzw. Kraftfutteranteils senkt den absoluten Methanausstoß (Beauchemin et al., 2011; Aguerre et al., 2011; Garnsworthy et al., 2012; Benchaar et al., 2014). Aguerre et al. (2011) zeigen, dass sich die CH₄-Produktion pro aufgenommener Menge Rohfaser nicht veränderte, während die Methanintensität bei erhöhter Raufuttergabe anstieg. Lovett et al. (2005) und Jiao et al. (2014) zeigen, dass die tägliche Methanproduktion von der Kraftfutteraufnahme unbeeinflusst blieb, während CH₄-Ertrag und Methanintensität mit zunehmender Kraftfuttergabe sanken. Eckert et al. (2018) können keinen Unterschied im Methanausstoß von Kühen feststellen, die ausschließlich eine Teil-Mischration (PMR) erhielten, und solchen, die zusätzlich Weidegang hatten. Grainger et al. (2011) und Beauchemin et al. (2011) zeigen, dass die Addition von Fett den Methanausstoß senken kann. Beispielsweise reduzierte sich die Methanemission um ein Gramm CH₄/kg TMA bei einer Zugabe von zehn Gramm Fett/kg Futtermischung. Eugene et al. (2008) berichten zudem, dass die TMA durch Fettzugabe um 6,4 % sank, ohne Milchleistung oder Milchinhaltsstoffe zu beeinträchtigen. Um positive Effekte auf Methanreduktion (ca. 15 %) und Milchleistung zu erzielen, sollte die Fettsubstitution maximal 6 % der Trockenmasse betragen; höhere Fettgehalte können negative Auswirkungen auf laktierende Kühe haben (Patra, 2013). Additiva, wie Monensin oder 3-Nitrooxypropanol können die Methanproduktion beeinflussen. Monensin reduziert Methan im Pansen, ist jedoch nicht dauerhaft wirksam und für diesen Zweck nicht zugelassen (Appuhamy et al., 2013). 3-Nitrooxypropanol senkt den CH₄-Ertrag bei gleichbleibender TMA und Milchleistung (Haisan et al., 2014). Boadi et al. (2004)

untersuchten Ansätze zur Methanreduktion, die weiterer Forschung bedürfen. Dabei geht es unter anderem um den Einsatz von Probiotika, die acetogene Bakterien fördern. Diese Bakterien nutzen Wasserstoffmoleküle zur Essigsäureproduktion, sodass die Wasserstoffmoleküle nicht mehr über die Methanbildung eliminiert werden müssen. Auch Propionatsteigerer wie Fumarat wirken wasserstoffreduzierend. Der Einsatz von Bakteriziden, ähnlich Monensin, oder chemischen Hemmstoffen, die methanogene Bakterien an der Methanproduktion hindern, ist kritisch zu betrachten, da unklar ist, ob diese Substanzen gesundheitsschädliche oder langfristig negative Effekte auf die Tiere haben können. Außerdem besteht die Gefahr von Rückständen in Lebensmitteln. Eine weitere Möglichkeit stellt die Immunisierung der Tiere gegen methanogene Bakterien dar; in einer Studie an Schafen führte dieser Ansatz zu einer Reduktion der Methanproduktion um 23 %. Dabei bleibt jedoch die Frage nach der Nachhaltigkeit und den langfristigen Auswirkungen offen (Boadi et al., 2004).

2.5 Genetische Parameter der Methanemission

2.5.1 Heritabilität

Die in diesem Kapitel (Kapitel 2.5.1) beschriebenen Studien sind zusammenfassend in Tabelle 17 dargestellt. Tabelle 17 gibt einen Überblick zur Erbllichkeit verschiedener Methanmerkmale. In den aufgeführten Studien werden Daten von 57 Tieren bis 33.555 Tieren und zwischen 513 Beobachtungen bis 443.533 Beobachtungen ausgewertet. Die ermittelten Heritabilitäten liegen mit $h^2 = 0,05$ und $h^2 = 0,35$ in einem gering bis moderat erblichen Bereich.

Tabelle 17: Geschätzte Heritabilitäten (h^2) von unterschiedlichen Methanmerkmalen zusammengefasst aus verschiedenen Studien, unter Angabe der Messtechnik, Beobachtungen und Tierzahl

Studie	Methan-merkmal	h^2	Messtechnik	Beobachtungen	Tiere
Haas et al. (2011)	PME ¹ [g/d]	0,35	Schätz-gleichung	2.697	665
Donoghue et al. (2013)	MP ²	0,21	RK ⁹	530	530
	MY ³	0,19			
	MI ⁴	0,23			
Yin et al. (2015)	ME ⁵ 1 [Mcal]	0,31	Schätz-gleichungen	7.792	916
	ME ⁵ 2 [g]	0,25			
Pickering et al. (2015)	PME [g/d]	0,13	Schätz-gleichung	274.211	1.726
	Spot-Messung [mg/kg]	0,05		513	57
van Engelen et al. (2015)	Methanertrag [g/kg TMA ⁶]	Ø 0,25	MIR ¹¹ - Spektraldaten Milch	1.878	1.905
Donoghue et al. (2016)	MPR ⁷	0,27	RK	1.043	1.046
	MY	0,22			
	RMP ⁸ 1-4	0,19			
Vanrobays et al. (2016)	Methan- produktion [g/d]	0,25	MIR- Spektraldaten Milch	241.236	33.555
Lassen & Løvendahl (2016)	CH ₄ _week [g/d]	0,21	Sniffer	3.121	3.121
	CH ₄ _milk [g/l]	0,21			
	CH ₄ /CO ₂	0,16			
Pszczola et al. (2017)	CH ₄ [g/d]	0,27	Sniffer	443.533	485
van Engelen et al. (2018)	CH ₄ log ² [ppm]	0,11	Sniffer	123.369	1.508
Zetouni et al. (2018)	CH ₄ [l/d]	0,25	Sniffer	1.448	1.397
López-Paredes et al. (2020)	CH ₄ - Konzentration	0,11	Sniffer	1.501	1.501
	CH ₄ -Produktion [g/d]	0,12			
Richardson et al. (2021)	9 Residual Methan- merkmale	Ø 0,16	SF ₆ ¹²	1.712	379

¹PME: Predicted Methane Emission (vorhergesagte Methanemission); ²MP: Methanproduktion [l/d]; ³MY: Methanertrag [l/kg TMA]; ⁴MI: Methanintensität [l/kg Lebendmasse]; ⁵ME: Methanemission; ⁶TMA: Trockenmasseaufnahme; ⁷MPR: Methan Produktions-Rate; ⁸RMP: Residual Methan-Produktion; ⁹RK: Respirationskammer; ¹⁰LMD: Laser-Methan-Detektor; ¹¹MIR: Mittlere Infrarot-Spektraldaten; ¹²SF₆: Sulfurhexafluorid-Methode

In mehreren Studien wurden genetische Parameter und Erblichkeiten für den Methanausstoß bei Milchkühen geschätzt. Donoghue et al. (2013) und Haas et al. (2011) kamen zu geschätzten Heritabilitäten von $h^2 = 0,21$ bzw. $h^2 = 0,35$. Dies verdeutlicht, dass Methan ein gering bis mäßig genetisch beeinflussbares Merkmal ist.

In der Studie von Haas et al. (2011) wurde das Methanmerkmal PME (predicted methane emission) in g/d unter Verwendung eines Regression-Sire-Maternal Grandsire-Modells analysiert, für das eine Heritabilität von $h^2 = 0,35$ geschätzt wurde. Pickering et al. (2015) bezifferten die Schätzung der Heritabilität für ihr Methanmerkmal [g/d] auf $h^2 = 0,13$. Für zusätzlich mittels LMD gemessene Methanwerte (mg/kg) ergab die Schätzung der Heritabilität: $h^2 = 0,05$.

Verschiedene Methanmerkmale, darunter die Methanproduktion [g/d], der Methanertrag sowie Residual-Methanmerkmale (RMP, [g/d]), wurden von Donoghue et al. (2016) untersucht; die geschätzten Heritabilitäten lagen hier zwischen $h^2 = 0,19$ und $h^2 = 0,27$. Lassen und Løvendahl (2016) definierten drei Methanmerkmale: 1.) das Verhältnis von CH_4 zu CO_2 [CH_4/CO_2], 2.) die Methanproduktion [g/d] und 3.) die Methanintensität [g/kg Milch]. Deren Heritabilitäten im Bereich von $h^2 = 0,16$ bis $h^2 = 0,21$ geschätzt wurden. Eine weitere Analyse von Lassen et al. (2016) mittels linearem Tiermodell führte zu geschätzten Werten für die Heritabilität der Methanproduktion zwischen $h^2 = 0,16$ und $h^2 = 0,25$. Unter Verwendung von Schätzgleichungen auf Basis der MilCHFettsäuren schätzten van Engelen et al. (2015) für den Methanertrag Heritabilitäten von $h^2 = 0,12$ bis $h^2 = 0,44$. Eine analoge Methodik nutzten Vanrobays et al. (2016), die für PME [g/d] eine Heritabilität von $h^2 = 0,25$ ermitteln konnten.

Unter Verwendung der Sniffer-Technik wurde für ein logarithmiertes Methanmerkmal [ppm] eine Heritabilität von $h^2 = 0,11$ geschätzt, basierend auf 123.369 Beobachtungen niederländischer Holsteinkühe (van Engelen et al., 2018). Ebenfalls mittels Sniffer-Technik belief sich die geschätzte Heritabilität für die Methanmerkmale [g/d] aus 442.000 Beobachtungen auf $h^2 = 0,27$ (Pszczola et al., 2017). Dieser Wert bestätigte sich in Untersuchungen von Zetouni et al. (2018) mit einer durchschnittlichen Heritabilität von $h^2 = 0,25$ bestätigen. Richardson et al. (2021) erhoben CH_4 -Daten von 379 Tieren mittels SF_6 -Technik und leiteten daraus neun Residual-Methanmerkmale ab. Die Heritabilitäten dieser Merkmale lagen zwischen $h^2 = 0,10$ und $h^2 = 0,21$, was mit den Ergebnissen anderer Studien vergleichbar ist.

2.5.2 Genetische Korrelationen

2.5.2.1 *Zusammenhänge zwischen verschiedenen Methanmerkmalen*

Die berechneten genetischen Korrelationen zwischen verschiedenen Methanmerkmalen innerhalb einer Studie liegen meist im hohen Bereich. So wurden beispielsweise in einer Studie genetische Korrelationen mit $r_g = 0,91$ bzw. $r_g = 0,94$ zwischen zwei Methanmerkmalen geschätzt (Yin et al., 2015). Im Gegensatz dazu berichten Pickering et al. (2015) eine deutlich niedrigere genetische Korrelation ($r_g = 0,21$) zwischen Methanmerkmalen aus Schätzgleichungen und Methanmerkmalen, die aus LMD-Messungen stammen. Lassen und Løvendahl (2016) schätzen die genetische Korrelation zwischen den drei gängigsten Methanmerkmalen – tägliche Methanproduktion, Methanertrag und Methanintensität – mit einem hohen Wert von $r_g = 0,83$. In der Studie von Donoghue et al. (2016) korrelieren vier Residuen-Methanmerkmale ebenfalls sehr stark miteinander ($r_g = 0,99$), während die Korrelation zwischen den Methanmerkmalen Methanertrag (MY), Methanproduktion (MPR) und der Residual-Methanproduktion (RMP) eher mäßig hoch war ($r_g = 0,32$ bis $r_g = 0,63$). Richardson et al. (2021) berichten für Residuen-Methanmerkmale eine deutliche Korrelation mit $r_g = 0,79$. In einer weiteren aktuellen Studie aus dem Jahr 2020 korrelieren die beiden gebildeten Methanmerkmale MeP (Methanproduktion) und MeC (Methankonzentration in ppm) stark mit $r_g = 0,95$ (López-Paredes et al., 2020).

2.5.2.2 *Zusammenhänge mit Leistungs- und weiteren Zuchtzielmerkmalen*

Trotz unterschiedlicher Methoden zur Merkmalsaufbereitung zeigen die meisten Studien ähnliche genetische Korrelationen zwischen Methanmerkmalen und anderen Zuchtzielmerkmalen.

Korrelationen mit Produktionsmerkmalen:

Die genetische Korrelation zwischen CH_4 -Emissionen und Milchleistung wurde in verschiedenen Studien auf $r_g = 0,15$ bis $r_g = 0,92$ geschätzt (Lassen & Løvendahl, 2016; Yin et al., 2015; Pszczola et al., 2018; Breider et al., 2019; López-Paredes et al., 2020). Für die Beziehung zwischen Methanemissionen und der fett- und proteinkorrigierten Milchleistung (FPCM) schätzen Haas et al. (2011) eine Korrelation von $r_g = 0,26$. Pszczola et al. (2018) und López-Paredes et al. (2020) schätzen Korrelationen von Methanmerkmalen mit verschiedenen

Produktionsmerkmalen, darunter Somatic-Cell-Count (SCC), Fettmenge [kg] (Fkg), Fettgehalt [%] (FPr), Proteinmenge [kg] (Pkg) und Proteingehalt [%] (PPr). Alle Korrelationen lagen im leicht positiven Bereich, wobei die Korrelation zwischen Methan und Fkg mit $r_g = 0,21$ bis $r_g = 0,29$ im Durchschnitt am höchsten war.

Korrelationen mit Fruchtbarkeitsmerkmalen:

Für die Beziehung zwischen Methan und dem Fruchtbarkeitsmerkmal „Days open“ – definiert als die Anzahl der Tage zwischen der letzten Abkalbung und der erfolgreichen Besamung – wurden positive Korrelationen von $r_g = 0,10$ bis $r_g = 0,18$ ermittelt (Yin et al., 2015; López-Paredes et al., 2020). Pszczola et al. (2017) berichten für das Merkmal „Tage in Milch“ ebenfalls positive Korrelationen mit Methanemissionen von $r_g = 0,23$ bis $r_g = 0,30$.

Korrelationen mit funktionalen Merkmalen:

Korrelation zwischen Methanmerkmalen und dem Lebendgewicht [kg] lagen bei $r_g = -0,18$ bis $r_g = 0,02$ (Lassen & Løvendahl, 2016; Breider et al., 2019). Für die Beziehung mit dem Body-Condition-Score und der Rückenlänge wurden negative Korrelationen von jeweils $r_g = -0,28$ geschätzt (Zetouni et al., 2018). Dagegen korrelieren die Merkmale Bruststärke und Milchtyp positiv mit Methanmerkmalen (Zetouni et al., 2018; Pszczola et al., 2018).

Korrelationen mit Merkmalen aus dem Fleischrinderbereich:

Für das Methanmerkmal MPR [g/d], basierend auf RK-Daten, wurden hohe genetische Korrelationen mit den Wachstumsmerkmalen Absetzgewicht, Jährlingsgewicht und Endgewicht von $r_g = 0,79$ bis $r_g = 0,86$ ermittelt. Im Gegensatz dazu waren die Korrelationen zwischen den Wachstumsmerkmalen und dem Methanertrag bzw. Residuen-Methanmerkmalen eher schwach, mit Werten von $r_g = -0,06$ bis $r_g = 0,23$ (Donoghue et al., 2016).

2.6 Genomische Analysen der Methanemission

2.6.1 Genomweite Assoziationsstudien

Ziel einer genomweiten Assoziationsstudie (GWAS) ist es, Single-Nucleotid-Polymorphism (SNP) -Muster zu identifizieren, die signifikant mit der phänotypischen Merkmalsvariation des jeweiligen Methanmerkmals assoziiert

sind. Das Vorkommen bestimmter Gene ist keine Voraussetzung einer GWAS. Die Suche nach einer auffälligen genetischen Beziehung läuft hypothesenfrei ab. Es werden weiterführend, sofern möglich, Kandidatengene auf Basis der SNP-Signifikanzen annotiert. Hierzu werden umfangreiche Abgleiche mit Eintragungen in bereits vorhandenen Gendatenbanken durchgeführt.

In einer niederländischen Studie wurden 548 erstlaktierende Holstein-Friesian-Kühe aus einem Betrieb mithilfe des 50K-SNP-Illumina-Chips (Illumina, San Diego, CA) genotypisiert. Dabei wurden 43.011 SNPs berücksichtigt. Sieben SNPs auf fünf verschiedenen Chromosomen (13, 18, 24, 26, 27) des *Bos-Taurus*-Genoms wiesen einen Bayes-Faktor von $>10,1$ auf. Auf dem *Bos-Taurus*-Autosom (BTA) 26 identifizierten Haas et al. (2011) zwei eng gekoppelte signifikante SNPs, was auf ein deutliches Signal in dieser Region hindeutete. Jedoch erklärte selbst der SNP mit dem größten Effekt auf BTA 18 lediglich 0,2 % der gesamten genetischen Varianz (Haas et al., 2011).

Pickering et al. (2015) genotypisierten 731 britische Milchkühe mit dem Illumina-Bovine-SNP50-BeadChip und führten eine GWAS mit einer modifizierten Formel für die geschätzte Methanproduktion (PME) nach Haas et al. (2011) durch. Insgesamt wurden 49.000 SNPs identifiziert, von denen acht SNPs signifikant waren, da sie den Schwellenwert von $-\log_{10}(p) = 4$ für PME überschritten. Die signifikanten SNPs lagen auf den Chromosomen 4, 5, 7, 11, 15, 22 und 23. Besonders die drei SNPs auf Chromosom 7 mit den höchsten $-\log_{10}$ -Werten zwischen 4,12 und 4,45 lagen in der Nähe der Gene *RUFY1*, welches unter anderem in der Leber exprimiert wird, und *HNRNPH1*, einem RNA-bindenden Polypeptid (Pickering et al., 2015).

Die erste GWAS, die auf direkt gemessenen Methanemissionen basiert, identifizierte 50 signifikante SNPs (Bayes-Faktor ≥ 30) auf 18 verschiedenen Chromosomen. Grundlage waren Messungen in AMS unter Verwendung der Sniffer-Technik. Die ermittelten Methanwerte wurden zu Durchschnittswerten [ppm] pro Messung aggregiert und anhand von RK-Daten in Methanmerkmale [g/d] transformiert. Es wurden 483 polnische Holstein-Kühe aus zwei Betrieben mit dem Illumina-Bovine-SNP50-v2.0-BeadChip genotypisiert. Fünf Gene wurden eng mit fünf signifikanten SNPs auf den Chromosomen 4, 13 und 25 assoziiert und könnten die Methanproduktion beeinflussen: *CYP51A1*, *PPP1R16B*, *NTHL1*, *TSC2* und *PKD1*. *CYP51A1*, *NTHL1* und *PKD1* sind mit metabolischen Prozessen

verknüpft, während *PPP1R16B* und *TSC2* mit der Entwicklung und Funktion von Blutgefäßen sowie lysosomalen Zellbestandteilen in Beziehung stehen (Pszczola et al., 2018).

Eine weitere GWAS-Studie, durchgeführt in Mexiko, untersuchte 280 Milchkühe mit der Sniffer-Methode. Das verwendete Methanmerkmal wurde mit MEIm bezeichnet und definiert als Methangehalt [mg/L] in der – während der Melkung – gesammelten Luft. Für die Genotypisierung wurde der GGP-Bovine-LD-V4-Chip (30.125 SNPs) für Holsteins und der GGP-Bovine-150k-Chip (138.962 SNPs) für Kreuzungstiere verwendet. Nach Qualitätskontrolle blieben 21.958 übereinstimmende SNPs übrig. Auf den Chromosomen 1, 3, 13, 17, 19 und 20 wurden 27 signifikante SNPs ($-\log_{10}(p) = 3$) identifiziert, die mit Methanemissionen assoziiert sein könnten. Diese SNPs wurden in enger Distanz zu den Genen *SLC9A9* (Chromosom 1), *SLC23A2* (Chromosom 13), *TMEM233* (Chromosom 17), *MRC2* (Chromosom 19) und *RAI14* (Chromosom 20) lokalisiert. Diese Gene sind an der Bildung bestimmter Milchfettsäuren beteiligt und wurden teilweise auch in anderen Studien über Milchfettsäurezusammensetzung erwähnt. Für die Merkmale MEIm und TMA wurden signifikante Marker im Gen *PPM1L* identifiziert. Weitere Assoziationen wurden zwischen dem Methanmerkmal MEIm und dem *SLC2A13*-Gen festgestellt. Dieses Gen steht im Kontext mit dem Aufbau von intramuskulärem Fettgewebe. Auf Chromosom 3 wurden Marker identifiziert, die in den Genen *NAALADL2*, *MECOM* und *PPM1L* lokalisiert sind, welche die tägliche Gewichtszunahme beeinflussen (Calderón-Chagoya et al., 2019).

2.6.2 Genomische Zuchtwertschätzung

Unter einer genomischer Zuchtwertschätzung (GZW) versteht man ein Zuchtwertschätzverfahren, welches zusätzlich zu den vorhandenen Leistungs- und Abstammungsinformationen die genetischen Informationen aus der Genotypisierung, also die SNP-Effekte, einbezieht. Die GZW wird über die Genotypisierung von Tieren mit phänotypischen Merkmalen realisiert. Mit dem Single-Step-Best-Linear-Unbiased-Prediction (ssBLUP) -Verfahren ist es sogar möglich, eine GZW durchzuführen, wenn nur eine der oben genannten Informationen zur Verfügung steht. Für die Schätzung des genomischen Zuchtwertes mittels ssBLUP können also auch Tiere einbezogen werden, für die nur die Pedigree-Informationen oder nur die SNP-Informationen (Genotyp)

vorliegen. Der genomische Zuchtwert kann als zusätzliche Informationsquelle für die konventionelle Zuchtwertschätzung verwendet werden (Seefried et al., 2010). Die nachfolgenden Studien genotypisierten Tiere, ohne gezielt Kandidatengene zu identifizieren, und nutzten die Genomdaten, um genomisch verbesserte Zuchtwerte für Methanmerkmale zu erstellen. Hayes et al. (2016) arbeiteten mit Angusrindern. Die GZW für die Merkmale Methanertrag (MY) und residuale Methanproduktion (RMP) wurde auf Grundlage von 1.020 genotypisierten Tieren geschätzt. Die Genauigkeit der GZW wurde anhand von 273 phänotypisierten Tieren überprüft und lag bei 0,29 für das Merkmal MY (g CH₄/kg TMA) und bei 0,35 für RMP. Daraus folgern Hayes et al. (2016), dass mittels der abgeleiteten genomischen Vorhersagegleichungen eine entsprechende Selektion der Angusrinder zu einer Methanemissionsreduktion um etwa 5 % innerhalb von ca. 10 Jahren führen könnte.

Eine Studie von Pszczola et al. (2019) untersuchte 483 polnische Holstein-Kühe mit Methanphänotyp, wovon 281 Tiere mithilfe des Illumina-Bovine-SNP50-v2.0-Bead-Chips genotypisiert wurden. Unter Verwendung der direkten Zuchtwerte (Referenzpopulation: 30.000 Tiere aus dem EuroGenomics Consortium) und der pedigree-basierten Zuchtwerte wurde eine genomische Zuchtwertschätzung durchgeführt. Die GZW wies eine hohe Variabilität auf, was auf unterschiedliche genetische Potenziale der Tiere hinsichtlich der Methanproduktion hindeutet. Pszczola et al. (2019) betonen, dass eine selektive Zucht zur Methanreduktion jedoch grundsätzlich möglich sei.

Manzanilla-Pech et al. (2020) schätzten genomische Zuchtwerte für das Methanmerkmal Methankonzentration [ppm], basierend auf Daten, die mittels Sniffer-Technik erfasst wurden. Insgesamt wurden 1.962 Kühe genotypisiert. Mittels einer zehnfachen Kreuzvalidierung wurde die Vorhersagegenauigkeit der GZW im BLUP- und ssBLUP-Verfahren geprüft. Im Basisszenario, das ausschließlich Methandaten enthielt, erreicht die Vorhersagegenauigkeit 0,42 im ssBLUP-Verfahren. Unter Einbeziehung der Merkmale Lebendmasse [kg] und ECM [kg] konnte die Genauigkeit der GZW verbessert werden. Die Studie von Manzanilla-Pech et al. (2020) zeigt, dass die Vorhersagegenauigkeit für Methan durch Mehrmerkmalsmodelle gesteigert werden kann.

3 Datenmaterial und Datenerfassung

Das Ausgangsmaterial für diese Arbeit besteht aus in den Jahren 2018 bis 2021 durchgeführten Messungen von Methanemissionen mit dem LMD an 1.393 Milchkühen in zehn verschiedenen Betrieben. Insgesamt wurden 2.076 Messungen für diese Arbeit berücksichtigt. Die Methanmessungen dienen, ergänzt mit Daten des „Vereinigtes Informationssystem Tier w.V.“ (VIT) und Genomdaten aus Haarproben, als Grundlage für genetisch-statistische und genomische Auswertungen.

3.1 Betriebscharakteristika

Die an dieser Forschungsarbeit beteiligten Milchviehbetriebe waren lokalisiert in den Bundesländern Hessen, Rheinland-Pfalz und Brandenburg. Sie unterschieden sich hinsichtlich Haltungsform, Größe und Produktionssystem. Sechs der zehn Betriebe wirtschafteten nach ökologischen Richtlinien, während vier konventionell produzierten. Die Herdengröße variierte von 40 bis 790 melkenden Kühen. Drei Betriebe waren Lehr- und Versuchsbetriebe ihrer jeweiligen Bundesländer.

Die Auswahl erfolgte nach den Kriterien einer geeigneten Betriebsstruktur (z. B. Fressfanggitter zur Tierfixierung), der vorhandenen Datengrundlage (z. B. Fütterungsinformationen, Milchleistungsprüfung) sowie der Bereitschaft, Tiere und Betriebsdaten für die Untersuchungen bereitzustellen. Zudem wurde bewusst auf unterschiedliche Haltungsformen geachtet, um mögliche Abweichungen der Emissionen detektieren zu können, darunter Liegeboxenlaufställe, Kompostierungsställe, Tiefstreuställe oder Kombinationen daraus. Die Reinigung der planbefestigten Flächen oder Spaltenböden erfolgte manuell oder automatisiert über V- bzw. U-Schieber, mit Intervallen von zweimal täglich bis einmal pro Stunde. Unterschiede bestanden ebenfalls in der Fütterung: Während die ökologisch wirtschaftenden Betriebe überwiegend grasbetonte Rationen mit niedrigerer Energiedichte einsetzten, ergänzt durch individuelle Kraftfuttergaben (z. T. über Kraftfutterautomaten), arbeiteten die konventionellen Betriebe mit energiereichen Total-Mischrationen (TMR) auf Maisbasis und hohem Kraftfutteranteil. Die durchschnittliche 305-Tage-Milchleistung der Betriebe lag

zum Erhebungszeitpunkt bei 7.750 kg Milch und variierte zwischen 4.500 kg und 11.000 kg. Gemolken wurde in allen Betrieben im Melkstand, meistens zweimal, teils dreimal täglich.

Betriebsbeschreibungen:

- Betrieb 1 (biologisch, ~80 laktierende HF-Kühe): Liegeboxenlaufstall mit Spaltenboden mit Weidegang. Gemolken wurde zweimal täglich im 12er-Tandem-Melkstand. Grasbetonte Ration mit individueller Kraftfuttergabe über Futterautomaten.
- Betrieb 2 (konventionell, ~120 laktierende HF-Kühe): Liegeboxenlaufstall mit planbefestigtem Gummiboden, zweimal tägliches Melken im Hybrid-Melkstand (8er-Fischgräten-, 12er-Side-by-Side-Stand). Kühe wurden vor dem Melken gewogen. Maisbetonte TMR nach Leistungsgruppen, diese wurde mehrmals täglich nachgeschoben. Ventilatoren und Wasservernebelungsanlage gegen Hitzestress.
- Betrieb 3 (konventionell, HF-Kühe): Überwiegender Anteil der Kühe in Liegeboxenlaufställen mit automatischen V-Schiebern; Frischmelker (~90 Kühe) und Trockensteher in Kompostierungsstall, dort erfolgten die Untersuchungen. Fütterung: maisbetonte TMR nach Leistungsgruppen. Dreimal tägliches Melken im 12er-Side-by-Side-Melkstand.
- Betrieb 4 (konventionell, HF-Kühe): größter Betrieb der Studie. Datenerhebung im Frischmelker-Abteil des Kompostierungsstalls (~100 Kühe). Restliche Tiere in Liegeboxenlaufställen. Maisbetonte, leistungsangepasste TMR. Dreimal tägliches Melken im Melkkarussell.
- Betrieb 5 (biologisch, ~90 laktierende Kühe): Zweinutzungsrasse Deutsch-Schwarzbuntes Niederungsrand (DSN) mit eigenem Deckbullen. Fütterung ausschließlich mit Gras/Grassilage, Mineralfutter und Salz. Weidegang im Sommer. Haltung: Tiefstreu-Abteil und Liegeboxenlaufstall mit planbefestigtem Boden. Gemolken im 12er Fischgräten-Melkstand.
- Betrieb 6 (biologisch, ~80 laktierende HF-Kühe): grasbetonte Fütterung, ergänzt durch individuelle Kraftfuttergaben über Futter-Automaten. Haltung im Liegeboxenlaufstall mit planbefestigtem Boden und automatischer Abschiebetechnik, Weidegang im Sommer. Zweimal tägliches Melken im 12er-Tandem-Melkstand.

- Betrieb 7 (biologisch, ~100 laktierende HF-Kühe): Neubau (2018) eines Kompostierungsstalls mit angeschlossener Weide. Grasbetonte Fütterung, ergänzt durch individuelle Kraftfuttergaben über Futterautomaten. Zweimal tägliches Melken in einem 12er-Side-by-Side-Melkstand.
- Betrieb 8 (biologisch – Demeter, ~60 laktierende DSN-Kühe): 2021 von Anbindehaltung auf Kompostierungsstall umgestellt. Messungen fanden in Anbindehaltung statt. Fütterung überwiegend mit Heu, ohne Kraftfutter. Weidezugang. Im neuen Kompostierungsstall wird im 8er-Tandem-Melkstand gemolken, Deckbulle vorhanden.
- Betrieb 9 (konventionell, ~750 laktierende DSN-Kühe): zweitgrößter Betrieb. Haltung in Freilaufställen mit Stroheinstreu oder Kompostierungsmaterial. Zweimal tägliches Melken, grasbetonte Fütterung mit individueller Kraftfuttergabe.
- Betrieb 10 (biologisch – Demeter, ~120 laktierende DSN-Kühe): Tiefstreu- und Kompostierungsställe, Weidegang, grasbetonte Ration, ohne Kraftfutterzugabe, zweimal tägliches Melken.

Die Betriebscharakteristika (regionale Zuordnung, Haltungs- und Produktionssystem, Rasse, Herdengröße, Milchleistung, Fütterungssystem, MLP-Daten) sind in Tabelle 18 dargestellt. Insgesamt spiegeln die zehn Betriebe ein breites Spektrum an Produktionssystemen, Haltungsformen und Größen wider. Der kleinste Betrieb hatte 50-60 Kühe, der größte knapp 790 Tiere. Mit 35,6 kg Tagesmilchleistung wies Betrieb 4 die höchste Milchleistung auf, während Betrieb 10 mit 14,3 kg die niedrigste Milchleistung verzeichnete. Ein erheblicher Teil der Betriebe nutzte innovative Haltungssysteme wie Kompostierungsställe. Fütterungssysteme variierten von TMR in größeren Betrieben bis zu PMR mit individueller Kraftfuttergabe in kleineren Betrieben.

Tabelle 18: Betriebscharakteristika der partizipierenden Betriebe mit Milchleistungsprüfungsdaten (kg Milch entspricht der durchschnittlichen tgl. Milchmenge, % Protein und % Fett entsprechen dem Protein- und Fettgehalt je kg Milch)

Betrieb	laktierende Tiere	Rasse	Betriebstyp	Haltungsform	Fütterung	Boden	Region	MLP ¹
1	78	HF ²	Bio	Liegeboxenlaufstall	PMR ³	Spalten	Nordhessen	22,7 kg Milch 4,7 % Fett 3,3 % Protein
2	123	HF	Konventionell	Liegeboxenlaufstall	TMR ⁴ , energiereich	Planbefestigt und Spalten	Rheinland- Pfalz	33,4 kg Milch 4,3 % Fett 3,5 % Protein
3	88 300	HF	Konventionell	Kompostierungsstall Liegeboxenlaufstall	TMR, energiereich	Planbefestigt	Mittelhessen	30,0 kg Milch 4,0 % Fett 3,6 % Protein
4	400 390	HF	Konventionell	Kompostierungsstall Liegeboxenlaufstall	TMR, energiereich	Planbefestigt	Südhessen	35,6 kg Milch 3,9 % Fett 3,5 % Protein
5	46 47	DSN ⁵	Bio	Liegeboxenlaufstall Tiefstreustall	TMR, energiearm	Planbefestigt	Nordhessen	18,5 kg Milch 4,2 % Fett 3,3 % Protein
6	86	HF	Bio	Liegeboxenlaufstall	PMR,	Planbefestigt	Mittelhessen	23,7 kg Milch 4,0 % Fett 3,3 % Protein
7	93	HF	Bio	Kompostierungsstall	PMR	Planbefestigt	Nordhessen	27,2 kg Milch 4,9 % Fett 3,3 % Protein
8	50 60	DSN	Bio	Anbindestall 2020 Kompostierungsstall 2021	TMR, energiearm	Planbefestigt	Mittelhessen	18,0 kg Milch 4,6 % Fett 3,4 % Protein
9	750	DSN	Konventionell	Liegeboxenlaufstall	PMR	Gummiboden	Brandenburg	25,5 kg Milch 4,1 % Fett 3,6 % Protein
10	120	DSN	Bio	Kompostierungsstall Tiefstreustall	TMR, energiearm		Brandenburg	14,3 kg Milch 4,4 % Fett 3,5 % Protein

¹MLP: Milchleistungsprüfung; ²HF: Holstein Friesian; ³PMR: Teil-Mischration mit individueller Kraftfuttergabe; ⁴TMR: Total-Mischration; ⁵DSN: Deutsch schwarzbuntes Niederungsgrind

Tabelle 19 gibt einen Überblick über die durchgeführten Betriebsbesuche innerhalb des dreieinhalbjährigen Studienzeitraums. Durchschnittlich wurden, verteilt über die 53 Besuche, 40 Methanmessungen (Beobachtungen) pro Betriebsbesuch durchgeführt. Zwei Betriebe wurden nur einmal besucht, alle anderen mindestens zweimal. Insgesamt wurden durchschnittlich 207 Beobachtungen je Betrieb erfasst. Die durchschnittliche Kuhanzahl lag bei 139 untersuchten Tieren, je Betrieb.

Tabelle 19: Anzahl an Kühen, Beobachtungen und Betriebsbesuchen, die für die Methanmessungen berücksichtigt wurden, aufgelistet nach den teilgenommenen Betrieben

Betrieb	Kühe	Beobachtungen	Betriebsbesuche
1	89	159	4
2	157	425	27
3	173	217	4
4	179	192	3
5	147	204	4
6	103	181	5
7	104	134	2
8	43	43	1
9	308	395	2
10	126	126	1
Gesamt	1.393	2.076	53

3.2 Tiercharakteristika

Die Datenerhebung umfasste insgesamt 1.393 Tiere, darunter 772 Kühe der Rasse HF sowie 583 DSN-Tiere. Insgesamt wurden 2.076 Einzelbeobachtungen durchgeführt, davon 1.927 Messungen an laktierenden Kühen, 118 Messungen an trockenstehenden Kühen und 31 Messungen an Färsen. Die laktierenden Kühe wurden entsprechend ihrer Laktationsnummer in drei Klassen eingeteilt. 447 Tiere befanden sich in der ersten Laktation, 342 Tiere in der zweiten Laktation und 604 Tiere in der dritten bis zur vierzehnten Laktation. Das durchschnittliche Erstkalbealter (EKA) der Kühe betrug 27 Monate. Zum Zeitpunkt der Datenerhebung lag das mittlere Alter der Tiere bei 4,7 Jahren. Die durchschnittliche Milchleistung der beprobten laktierenden Kühe betrug 28,8 kg Milch, berechnet auf eine 305-Tage-Leistung auf der Basis von MLP-Daten, bei einer mittleren Laktationsdauer von 159 Tagen zum Zeitpunkt der Methanmessung. 448 Tiere wurden mehrfach beprobt, wobei im Mittel 1,4 Methanmessungen pro Tier durchgeführt wurden.

3.3 VIT-Daten

Weitere Daten, die für die statistischen Analysen benötigt wurden, stellte der VIT in Verden zur Verfügung. Diese Dateien enthielten untenstehende Informationen aller Kühe aus den ausgewählten Betrieben der Jahre 1991 bis 2021.

3.3.1 Produktionsmerkmale und weitere Zuchtzielmerkmale

Für die Erstellung des Datensatzes der Produktionsmerkmale wurden die vom VIT zur Verfügung gestellten Testtags-Dateien und Nutzungsdaten-Dateien verwendet. Diese enthielten die Testtags-Ergebnisse der Milchleistungsprüfung (MLP) sowie weitere Daten von Zuchtzielmerkmalen für alle laktierenden Tiere der in Kapitel 3.1 beschriebenen Betriebe. Als Produktionsmerkmale wurden die Milchmenge des Testtages (Mkg), der Fettgehalt der Milch (FPr, Fkg), der Proteingehalt der Milch (PPr, Pkg) sowie die Anzahl der Laktationen (LA) berücksichtigt.

Ein weiteres verwendetes Merkmal war die Zellzahl (SCC = Somatic Cell Count in Tsd.), welche im Rahmen der MLP erfasst wird und Aufschluss über die Eutergesundheit gibt. Dieses Merkmal gehört zu den Gesundheitsindikatoren und wird in den SCS (Somatic Cell Score) umgerechnet. Der SCS stellt ein lineares Merkmal für die Zellzahl dar, indem die Zellzahl log-transformiert wird ($SCS = \log_2(\text{Zellzahl}/100.000)$). Der SCS dient als Hinweis auf eine intramammäre Infektion, da ein Anstieg der Zellzahl in der Milch als Abwehrreaktion gegen pathogene Organismen interpretiert wird (Shook et al., 2017). Je niedriger die somatische Zellzahl, desto besser ist folglich die Eutergesundheit.

Der Fett-Eiweiß-Quotient (FEQ) setzt sich aus den Produktionsmerkmalen FPr und PPr zusammen und ist ein geeigneter Indikator zur Beurteilung des Energiestatus (Stoffwechsel, Energiebilanz) der Kuh (Heuer et al., 1999). Der FEQ zählt zu den Produktionsmerkmalen, kann jedoch auch Hinweise auf Stoffwechselprobleme geben ($FEQ > 1,5$ = Ketosegefahr, $FEQ < 1,2$ = Azidosegefahr), welche zu Erkrankungen der Kuh führen können. Dieses Merkmal wurde daher ebenfalls den Gesundheitsindikatoren zugeordnet.

Die Durchführung der MLP sowie die Aufbereitung der daraus resultierenden Ergebnisse erfolgten nach den Regularien des „International Committee for Animal Recording“ (ICAR). Eine MLP wird im vierwöchigen Rhythmus durch einen offiziellen Probennehmer in Zusammenarbeit mit dem/der Betriebsleiter/in durchgeführt. Damit eine Laktation in den Testtags-Daten als Leistung anerkannt wird, muss die Kuh

während der Laktation mindestens zweimal beprobt worden sein. Dabei darf die erste Probenahme nicht nach dem 75. Laktationstag erfolgen, und der Abstand zwischen den Testtags-Messungen muss 22 bis 37 Tage betragen. Die Ergebnisse für die Testtags-Leistungen liegen zwischen dem 5. und dem 305. Laktationstag (ICAR, 2017).

3.3.2 Fruchtbarkeitsmerkmale

Die Fruchtbarkeitsmerkmale wurden den VIT-Dateien Abkalbedaten, Besamungsdaten und Leistungsdaten Fruchtbarkeit entnommen. Insgesamt standen 454.795 Daten zur Erstellung der Fruchtbarkeitsmerkmale zur Verfügung.

Fruchtbarkeitsmerkmale sind durch die in der Vergangenheit stark leistungsorientierte Zucht genetisch negativ beeinflusst worden, was sich in einer antagonistischen genetischen Korrelation zwischen Milchleistung und Fruchtbarkeit zeigt (z. B. $r_g = -0,31$ zwischen der Non-Return-Rate 56 und der Milchleistung; König et al., 2008). Insulin, welches verstärkt bei einer erhöhten Propionatkonzentration im Stoffwechsel der Kuh gebildet wird, hat als Hormon direkten Einfluss auf die Fruchtbarkeit. Propionat ist eine der im Pansen gebildeten KKFS, ihre Konzentration ist Abhängig vom Stärkegehalt der Ration und sie beeinflusst die methanogenen MO im Pansen, wodurch wiederum die Methanproduktion beeinflusst wird (Garnsworthy et al., 2007; Zhang et al., 2015). Dieser Zusammenhang legt nahe, dass eine Beziehung zwischen Fruchtbarkeitsmerkmalen und Methanmerkmalen vorhanden sein könnte.

3.3.3 Pedigree

Die Pedigree-Informationen für diese Arbeit stammten aus der vom VIT zur Verfügung gestellten Pedigree- und Abstammungsdatei. Die Datei enthielt die verfügbaren Abstammungsinformationen (Vater- und Mutterlinien) über 26 Generationen hinweg mit einem mittleren Inzuchtkoeffizienten von $f = 0,04$. Die Pedigree-Daten wurden für die genetischen Modelle einbezogen, um verwandtschaftliche Beziehungen zwischen den Tieren zu berücksichtigen und die Schätzung genetischer Parameter zu ermöglichen.

3.4 Methanmessungen mit einem Laser-Methan-Detektor

Mithilfe eines Laser-Methan-Detektors (LMD; Laser Methane Mini SA3C32A, Crowcon, Tokyo Gas Engineering Solutions Corporation, Tokyo, Japan) wurden tierindividuelle CH₄-Emissionen erfasst. Das Gerät arbeitet unter Betriebsbedingungen von -17°C bis 50°C und einer relativen Luftfeuchtigkeit von 30 % bis 90 %. Die Nachweisgrenzen liegen zwischen 1 und 50.000 ppm-m, die Messdistanz beträgt 0,5 m bis 30 m. Der LMD hat ein Gewicht von 600 g und Abmessungen von 70 × 179 × 42 mm, wodurch er transportabel einsetzbar ist. Die Messtechnik basiert auf Infrarot-Absorptionsspektroskopie. Dabei wird die Messstrahlung durch einen Laser der Sicherheitsklasse Typ 1 mit einer Wellenlänge von 1653 nm erzeugt. Zusätzlich verfügt das Gerät über einen sichtbaren Führungslichtstrahl (grün, 520-532 nm, Lasertyp 3R), der die Zielerfassung erleichtert (Chagunda et al., 2009b; Tokyo Gas Engineering Co. Ltd., 2015).

Eine methodische Eigenschaft der Methanmessungen mit dem LMD besteht darin, dass die Werte in ppm-m ausgegeben werden. Diese Einheit resultiert aus der Funktionsweise des Gerätes, bei der das Produkt aus Methankonzentration und Pfadlänge erfasst wird (vgl. Abb. 9). Der ausgegebene Wert hängt somit von der Dichte der detektierten Methanwolke ab, nicht jedoch vom Abstand zwischen dem LMD und dem Messobjekt (z. B. Maulbereich der Kuh). Eine direkte Berechnung der Methankonzentration durch Division des Abstandes ist daher nicht möglich (Tokyo Gas Engineering Co. Ltd., 2015).

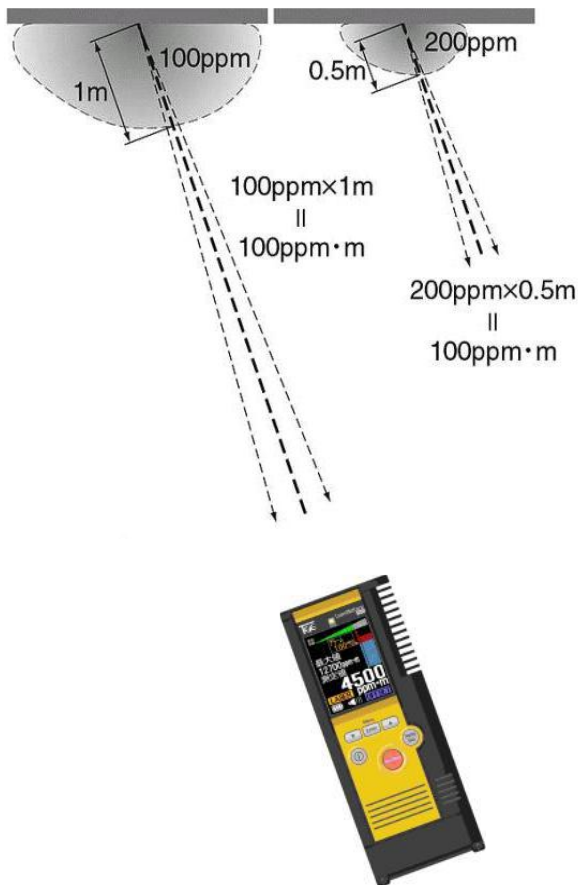


Abbildung 9: Funktionsweise eines Laser-Methan-Detektors. Der angezeigte Messwert wird über die Konzentration und die Größe der Methanwolke bestimmt (Tokyo Gas Engineering Co. Ltd., 2015)

Die in dieser Arbeit durchgeführten Messungen erfolgten an Kühen, die im Fressgitter fixiert waren. Der Messabstand von einem Meter wurde zu Beginn jeder Messung mit einem Entfernungsmesser (Lasermesser Professional GLM 40, Bosch, Stuttgart, Deutschland) bestimmt und überprüft. Anschließend wurde das Flotzmaul der Kuh mit dem sichtbaren grünen Laserstrahl des LMD fokussiert. Jede Einzeltiermessung hatte eine Dauer von drei Minuten. Während dieser Zeit zeichnete der LMD zwei CH_4 -Werte [ppm·m] pro Sekunde auf. Die Daten wurden mit der Gas-Viewer-App als csv-Dateien mit Zeitstempel auf einem über Bluetooth verbundenen Tablet gespeichert. Für jede Beobachtung wurde eine separate csv-Datei erstellt und zur weiteren Verarbeitung auf einen Computer übertragen. Parallel zu den CH_4 -Messungen wurden Temperatur [°C], Luftfeuchtigkeit [%] und Windgeschwindigkeit [m/s] mit einer mobilen Wetterstation (Multifunktions-Messgerät Testo 435, testo SE & Co. KGaA, Lenzkirch, Deutschland) erfasst. Für jede Serie von drei aufeinanderfolgenden Messungen wurde ein Durchschnittswert dieser Parameter notiert. Die Messungen wurden in den Jahren 2018 bis 2021 im Rahmen von 53 Betriebsbesuchen durchgeführt. Insgesamt standen

2.076 tierindividuelle CH₄-Messungen von 1.393 Kühen zur Verfügung. Die Daten wurden anhand folgender Kriterien gefiltert: Einhaltung der Messdauer (drei Minuten), eindeutige Messhäufigkeit pro Tier und Tag, Vorliegen klarer Methanpeaks, Verfügbarkeit von Pedigree-Daten sowie ein maximaler Zeitraum von 40 Tagen zwischen Methanmessung und MLP-Testtag. Letzteres Kriterium war erforderlich, da die MLP nur elf Monate im Jahr durchgeführt wird und der Abstand daher größer als 30 Tage sein konnte. Aus dem Gesamtdatensatz wurden folgende Messungen ausgeschlossen: 13 Messungen von Tieren, die mehr als einmal am selben Tag gemessen wurden; 11 Messungen mit einer Dauer von weniger oder mehr als drei Minuten; sowie eine Messung, die ausschließlich niedrige Methanwerte ohne identifizierbare Emission aufwies. Nach Datenaufbereitung standen 2.051 Beobachtungen von 1.371 Tieren für die Berechnung der Methanmerkmale zur Verfügung. Während des gesamten Untersuchungszeitraums wurden die Messungen von drei unterschiedlichen Beobachtern unter Verwendung von zwei LMD-Geräten, unterschiedlichen Baujahres, durchgeführt.

3.5 Genomdaten

Für dieses Projekt wurden 336 Haarproben zur DNA-Isolierung entnommen. Die Extraktion erfolgte mit dem Macherey-Nagel™ NucleoSpin™ Tissue Kit nach Herstellerprotokoll im molekulargenetischen Labor des Instituts für Tierzucht und Genetik der Justus-Liebig-Universität Gießen. Die DNA wurde mit dem Spektralphotometer Nanodrop 1000 (Pqlab, Erlangen, Deutschland) quantifiziert und auf eine Konzentration von 80-120 ng/μl standardisiert. Nur Proben mit einem Absorptionsverhältnis von 260/280 nm um ~1,8, was auf eine hohe Reinheit hinweist, wurden berücksichtigt. Die Qualität der extrahierten DNA wurde zusätzlich mittels Agarosegelelektrophorese und Nanodrop 1000 überprüft. Anschließend wurden die 336 DNA-Proben auf 40-60 ng/μl eingestellt, in 15-μl-Röhrchen aliquotiert und an das Labor für Molekulare Diagnostik des Veterinärmedizinischen Instituts der Universität Göttingen übergeben. Dort erfolgte die Genotypisierung mit dem Illumina-Bovine-SNP50-BeadChip (Illumina Inc., San Diego, CA). Weiterhin wurden in dem Labor in Göttingen 104 Kühe aus einem anderen Projekt des Instituts (Wagner et al., 2021) mit dem Illumina-Bovine-SNP50-BeadChip genotypisiert. Diese Tiere stammten aus den Betrieben 3 und 4 und konnten in die vorliegende Studie einbezogen werden. Zusätzlich stellte der VIT Daten von 170 Kühen aus teilnehmenden Betrieben zur

Verfügung, die mit einem Chip geringerer Dichte (10k-Genotypen) genotypisiert waren. Diese Daten wurden mithilfe des Algorithmus von Segelke et al. (2012) auf das 50k-Panel imputiert. Ferner standen aus einem weiteren Projekt des Instituts (Wolf et al., 2021) imputierte Vollgenom-Sequenzdaten von 481 DSN-Kühen beteiligter Betriebe zur Verfügung. Alle Genotypdaten wurden einer Qualitätskontrolle unterzogen. Da verschiedene Chips zum Einsatz kamen, wurden ausschließlich überlappende SNPs auf den Autosomen berücksichtigt (41.129 SNPs). Die Qualitätskontrolle erfolgte mit dem Softwarepaket preGSf90 aus der BLUPf90-Familie (Misztal et al., 2018). SNPs mit einer Minor-Allel-Häufigkeit $< 5\%$ oder einer Abweichung vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht $> 0,15$ (Differenz zwischen beobachteter und erwarteter Häufigkeit) wurden ausgeschlossen (Wiggans et al., 2009). Außerdem wurden genotypisierte Töchter mit mendelschen Konflikten gegenüber ihren Müttern sowie doppelte Proben (genomische Beziehung $> 0,9$) eliminiert. Nach der Datenbereinigung blieben 38.613 SNPs von 1.091 Kühen für die genomischen Analysen übrig.

4 Kapitel I: Methanmerkmale

Im folgenden Kapitel wird die Aufbereitung der im Rahmen dieser Arbeit erhobenen CH₄-Messdaten beschrieben. Die Messdaten wurden aufbereitet und zu biologisch und statistisch interpretierbaren Merkmalen transformiert. Ziel dieser Datenanalyse war es, auf Basis der kontinuierlich erfassten Einzelwerte, belastbare Kennzahlen zur Beschreibung der individuellen Methanemissionen der Tiere zu generieren. Hierfür war eine umfassende Aufbereitung der Rohdaten notwendig. Diese umfasste die Anwendung definierter Filterkriterien zur Eliminierung fehlerhafter oder unplausibler Messwerte, die Zuordnung der CH₄-Werte zu spezifischen physiologischen Prozessen (z. B. respiratorische und eruktive Emissionen) sowie die anschließende Verwendung abgeleiteter Methanmerkmale für die statistische Auswertung.

4.1 Aufbereitung der Methanmessdaten

Die aus den LMD-Messungen erfassten CH₄-Rohdaten wurden zur weiteren Analyse in mehreren Verarbeitungsschritten aufbereitet. Dabei orientierte sich das Vorgehen an den methodischen Kriterien von Ricci et al. (2014), welche eine standardisierte Trennung und Bewertung der gemessenen CH₄-Werte ermöglichten.

Die Datenverarbeitung erfolgte mit der Statistiksoftware R (Version 4.0; R Core Team, 2020). Im Rahmen der Aufbereitung wurden Routinen zur Datenbereinigung, Filterung und Ableitung definierter Methanmerkmale implementiert, um eine konsistente und reproduzierbare Datenbasis für die anschließenden statistischen Auswertungen zu gewährleisten.

4.1.1 Datenfilterung und Plausibilitätsprüfung

Zunächst wurde der erste und letzte Messwert jeder Aufzeichnung einer Methanmessung auf Null gesetzt, da keine Informationen über den Methanausstoß vor bzw. nach der Messung vorlagen und diese Werte daher nicht dem Methanausstoß des Tieres zugeordnet werden konnten. Fehlwerte infolge unzureichender Reflektionsintensität, die vom Gerät als „Error“ gekennzeichnet waren, wurden aus den CH₄-Messprofilen entfernt.

Anschließend wurden nur Messungen mit einer Dauer von drei Minuten berücksichtigt, um sicherzustellen, dass ausreichend Messwerte für ein repräsentatives Profil

vorliegen und mindestens ein Ruktus aufgezeichnet wurde. Diese Messdauer wurde in Anlehnung an Sorg et al. (2017a) gewählt, die keinen signifikanten Unterschied zwischen Messungen von zwei bis fünf Minuten feststellen konnten.

Im letzten Verarbeitungsschritt wurde der niedrigste CH₄-Wert jedes Messprofils von allen weiteren Werten subtrahiert, da dieser als Hintergrundkonzentration des in der Umgebungsluft enthaltenen Methans interpretiert wurde.

4.1.2 Definition der Methan-Peaks

Da die CH₄-Werte aus Atemluft von Wiederkäuern generiert wurden, wurde der natürliche Atemrhythmus der Tiere als Grundlage für die Merkmalsaufbereitung herangezogen (Ricci et al., 2014, Chagunda et al., 2013, Reintke et al., 2020, Sorg et al., 2018 und Mühlbach, 2022). In diesem Zusammenhang illustriert Abbildung 10 ein CH₄-Messprofil einer laktierenden Kuh. Zu sehen sind hier die einzelnen aufgezeichneten Messwerte einer Messung, dargestellt als Punkte. Jeder Punkt stellt einen gemessenen Methanwert [ppm-m] dar. Die roten Punkte zeigen höhere Werte (Peaks) an und sind Messwerte des ausgestoßenen und ausgeatmeten Methans. Sie wurden wie folgt definiert: Wenn der zu betrachtete Methanwert (x_i) größer ist als der davor gemessene Wert (x_{i-1}) und der nachfolgend gemessene Wert (x_{i+1}), dann ist der Wert x_i ein Peak: $x_i = \text{Peak}$, wenn $x_i > x_{i-1}$ und $x_i > x_{i+1}$. Ist diese Bedingung nicht erfüllt, werden zwei nachfolgende Werte betrachtet. Wenn beide nachfolgenden Werte kleiner x_i sind, dann ist x_i ein Peak, also $x_i = \text{Peak}$, wenn $x_i > x_{i+1}$ und $x_i > x_{i+2}$. Alle Werte, die diese Bedingungen nicht erfüllen, werden als Trough (Tal) gekennzeichnet. Diese Troughs, welche in Abbildung 10 als Kreise dargestellt sind, sind niedrige Messwerte. Sie entstehen aufgrund der Diffusion des abgegebenen Methans mit der Umgebungsluft und wurden für die Erstellung der Methanmerkmale nicht weiter berücksichtigt, da sie als nicht neu durch das Tier produziertes Methan gewertet wurden.

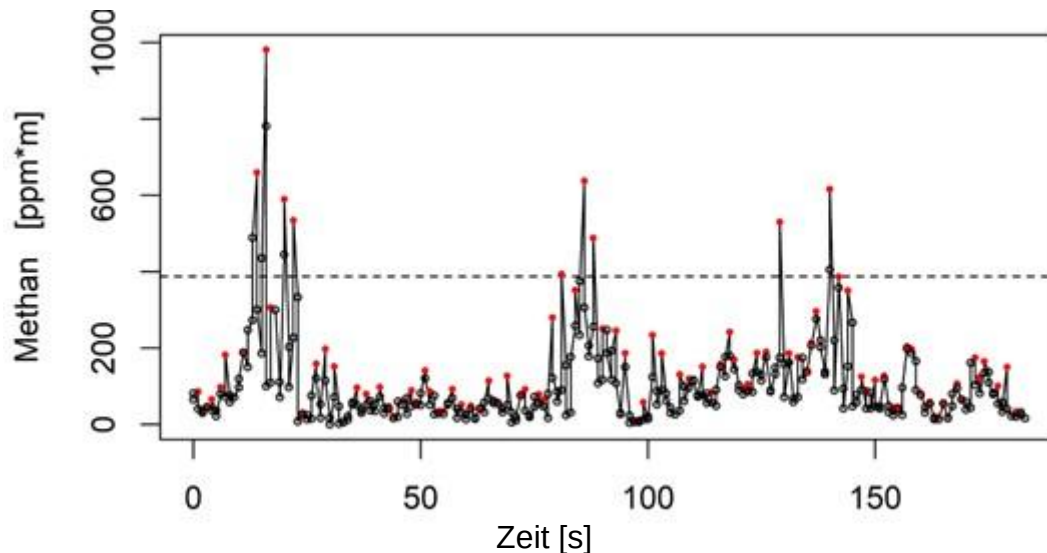


Abbildung 10: Beispiel eines CH_4 -Profils eines Tieres über eine Messperiode von drei Minuten; rote Punkte (Peaks) = Methanausstoß der Kuh, schwarze Kreise (Täler) = diffundiertes Methan in der Umgebungsluft, welches nicht als erneuter Methanausstoß des Tieres gewertet wird. Gestrichelte Linie = berechneter Schwellenwert, Anhäufungen roter Punkte über der gestrichelten Linie = Ruktus-Ereignis ($\text{CH}_4_{\text{erucevent}}$)

4.1.3 Physiologische Einordnung der Emissionsereignisse

Nur die Peaks wurden als produziertes Methan der Tiere gewertet und für die Bildung der CH_4 -Merkmale verwendet (Chagunda et al., 2009b). Die Anzahl der Peaks pro Minute entsprach etwa der Atemfrequenz einer Kuh (24-36/min), was die Aufbereitungsmethode nach Ricci et al. (2014) bestätigt. Der natürliche Atemrhythmus wurde in den Messungen reflektiert, sodass die CH_4 -Werte den tatsächlichen Methanausstoß des Tieres abbildeten. Bereiche mit einer Häufung von Peaks kennzeichneten Ruktus-Ereignisse, während derer eine große Menge an Pansengas, welches bis zu 40 % aus Methan bestehen kann, freigesetzt wurde (Oertel et al., 2018). Diese Peak-Anhäufung bildete das Merkmal $\text{CH}_4_{\text{erucevent}}$.

4.1.4 Schwellenwertbestimmung und Differenzierung der Fraktionen

Auf Grundlage der im CH_4 -Messprofil erkennbaren physiologischen Muster, insbesondere des natürlichen Atemrhythmus (Respiration) und der periodisch auftretenden Ruktus-Ereignisse (Eruktion), wurde in dieser Arbeit angenommen, dass die gemessenen Methanwerte ihren jeweiligen Entstehungsorten zugeordnet werden können. Methan, das während des Ruktus freigesetzt wurde, wurde der Eruktionsfraktion (Fraktion 1) zugeordnet. Für diese Fraktion wurden folgende Merkmale definiert: $\text{CH}_4_{\text{erucevent}}$, $\text{CH}_4_{\text{erucmean}}$, $\text{CH}_4_{\text{erucsum}}$, $\text{CH}_4_{\text{erucmax}}$, $\text{CH}_4_{\text{erucper}}$.

Methan, das während der Atmung abgegeben wurde, wurde der Respirationsfraktion (Fraktion 2) zugeordnet, der die Merkmale $\text{CH}_4_{\text{respmean}}$, $\text{CH}_4_{\text{respsum}}$, $\text{CH}_4_{\text{respmax}}$, $\text{CH}_4_{\text{respper}}$ zugewiesen wurden. Die Zuordnung orientierte sich an den methodischen Ansätzen von Ricci et al. (2014), Chagunda et al. (2013), Reintke et al. (2020), Sorg et al. (2018) und Mühlbach (2022).

Die Unterteilung der Methanwerte in zwei Fraktionen erfolgte mithilfe eines rechnerisch bestimmten Schwellenwertes und basierte somit auf einer Annahme, die die physiologischen Eigenschaften von Wiederkäuern berücksichtigte. Zur Festlegung dieses Schwellenwertes wurden physiologische Erkenntnisse zur Methanbildung und -abgabe beim Rind herangezogen: Etwa 87 % des im Verdauungstrakt von Wiederkäuern produzierten Methans entstehen im Pansen, während rund 13 % im hinteren Darmabschnitt gebildet werden. Nach Murray et al. (1976) werden etwa 95 % der im Pansen entstehenden Gase während einer Pansenkontraktion über den Ruktus ausgestoßen. Diese Annahme konnte jedoch für Rinder nicht bestätigt werden. Mehrere Studien (Berends et al., 2014; Dougherty & Cook, 1962; Colvin et al., 1956) zeigen, dass der überwiegende Teil des Pansengases zunächst über die Luftröhre in die Lunge gelangt und anschließend mit der Ausatmung abgegeben wird. Nur ein kleinerer Anteil wird direkt über den Ruktus an die Umgebung abgegeben, während etwa 5 % des Methans in den Blutkreislauf resorbiert werden (Berends et al., 2014). Das im hinteren Verdauungstrakt gebildete Methan (≈ 13 %) wird zu etwa 89 % in den Blutkreislauf aufgenommen und über die Lunge abgeatmet. Der verbleibende Anteil (≈ 11 %) wird über den Enddarm ausgeschieden. Demnach entspricht die Methanabgabe über Flatulenz nur etwa 1-2 % der gesamten Methanproduktion (Murray et al., 1976).

Diese physiologischen Überlegungen dienten der Festlegung des Schwellenwertes, damit die CH_4 -Werte entsprechend ihrer Entstehungswege differenziert werden konnten. Daraus ergab sich, dass der größere Anteil der gemessenen Werte (≈ 75 %) der Respirationsfraktion und der kleinere Anteil (≈ 25 %) der Eruktionsfraktion zugeordnet wurde (Dougherty & Cook 1962). Der Schwellenwert kann entweder individuell für jedes Messprofil berechnet werden, um tierindividuelle Unterschiede zu berücksichtigen, oder als konstanter Durchschnittswert für alle Messungen festgelegt werden. Letzteres ermöglichte eine einheitliche Bewertung, konnte jedoch individuelle Abweichungen weniger gut abbilden und führte potenziell zu geringerer Präzision einzelner Messungen.

4.2 Definition der Methanmerkmale

Zur Ableitung aussagekräftiger Methanmerkmale aus den LMD-Messungen wurden vier in der Literatur beschriebene Berechnungsverfahren geprüft und hinsichtlich ihrer Eignung für die vorliegenden Datensätze bewertet. Grundlage dieser Auswahl bildeten die methodischen Ansätze aus bisherigen Studien und die Ergebnisse der in dieser Arbeit durchgeführten Auswertungen. Die Methode, die unter Berücksichtigung statistischer Stabilität, biologischer Interpretierbarkeit und praktischer Anwendbarkeit die besten Ergebnisse erzielte, wurde für die weitere Analyse verwendet. Tabelle 20 fasst die geprüften Berechnungsverfahren zusammen und zeigt, in welchen Studien diese bereits Anwendung fanden.

Tabelle 20: Studien, die Methanmerkmale aus LMD-Messungen generiert haben

Methode zur Berechnung von Methamerkmale	Studien, in denen die jeweilige Methode angewandt wurde
Bimodale Normalverteilung	Ricci et al. (2014); Reintke et al. (2020)
Boxplot	Sorg et al. (2018); Mühlbach (2022)
Standardabweichung	Rooke et al. (2013); Chagunda et al. (2013)
Quantile	Chagunda (2013)

Nachfolgend sind alle in dieser Studie generierten Merkmale aufgezählt, definiert und beschrieben.

Die zwei folgenden Merkmale betrachten das gesamte CH₄-Messprofil:

- Das Merkmal CH_{4_allmean} beschreibt den Mittelwert aller gemessenen Methanwerte (Peaks) eines CH₄-Profils unabhängig vom Schwellenwert.
- Das Merkmal CH_{4_allsum} addiert alle relevanten gemessenen Methanwerte (Peaks) eines CH₄-Profils.

Die nächsten vier Merkmale befassen sich mit den Werten des CH₄-Messprofils, die dem Atemzyklus der Kuh, also der Respiration zugeordnet werden, auch als 2. Fraktion bezeichnet. Sie werden der Merkmalskategorie Respiration zugeordnet:

- Das Merkmal CH_{4_respmean} beschreibt den Mittelwert der Methanwerte, die unterhalb des Schwellenwertes liegen, also der Respiration zugeordnet werden.
- Das Merkmal CH_{4_respsum} addiert die Methanwerte der Respirations-Fraktion (alle Werte, die unterhalb des Schwellenwertes liegen).

- Das Merkmal $\text{CH}_4_{\text{respper}}$ stellt den prozentualen Anteil der Methanwerte eines CH_4 -Profils dar, welche zur Respiration gezählt werden.
- Das Merkmal $\text{CH}_4_{\text{respmax}}$ gibt den höchsten gemessenen Wert der 2. Fraktion (Respiration) an.

Die nachstehenden fünf Merkmale befassen sich mit den Werten des CH_4 -Messprofils, die aufgrund des Ruktus einer Kuh entstehen, also der Eruktion, auch als 1. Fraktion bezeichnet, zugeordnet werden. Sie gehören zur Merkmalskategorie Eruktion:

- Das Merkmal $\text{CH}_4_{\text{erucmean}}$ gibt den Mittelwert der Methanwerte, die oberhalb des Schwellenwertes eines jeden CH_4 -Profils liegen, an.
- Das Merkmal $\text{CH}_4_{\text{erucsum}}$ addiert die Methanwerte oberhalb des Schwellenwertes eines CH_4 -Profils, also die Werte, die der 1. Fraktion, dem direkten Ausstoß des Methans aufgrund/während des Ruktus, zugeordnet werden.
- Das Merkmal $\text{CH}_4_{\text{erucper}}$ gibt den prozentualen Anteil der Methanwerte eines CH_4 -Profils an, welche zur 1. Fraktion (Eruktion) gezählt werden.
- Das Merkmal $\text{CH}_4_{\text{erucmax}}$ gibt den höchsten Wert eines CH_4 -Profils an.
- Das Merkmal $\text{CH}_4_{\text{erucevent}}$ gibt die Anzahl an Ruktus-Ereignissen der Kuh während einer Messung an.

Zur Übersicht sind die oben beschriebenen Merkmale in Tabelle 21 zusammenfassend aufgelistet.

Tabelle 21: Definition der Methanmerkmale und ihre Einteilung in die verschiedenen Bereiche: Eruktion, Respiration und Gesamtausstoß

Merkmalsdefinition	Eruktion	Respiration	Gesamtausstoß
Maximaler Wert	$\text{CH}_4_{\text{erucmax}}$	$\text{CH}_4_{\text{respmax}}$	
Mittelwert	$\text{CH}_4_{\text{erucmean}}$	$\text{CH}_4_{\text{respmean}}$	$\text{CH}_4_{\text{allmean}}$
Addierte Werte	$\text{CH}_4_{\text{erucsum}}$	$\text{CH}_4_{\text{respsum}}$	$\text{CH}_4_{\text{allsum}}$
%-Verteilung	$\text{CH}_4_{\text{erucper}}$	$\text{CH}_4_{\text{respper}}$	
Anzahl an Ruktus-Ereignissen während einer Messung	$\text{CH}_4_{\text{erucevent}}$		

Im folgenden Kapitel werden die vier Ansätze zur Generierung der Methanmerkmale beschrieben und ihre Anwendbarkeit wurde anhand der in dieser Arbeit erhobenen

Daten geprüft. Dabei wurden sowohl die Berechnungsgrundlagen als auch die erzielten Ergebnisse dargestellt und miteinander verglichen.

4.3 Vergleich methodischer Ansätze zur Generierung der Methanmerkmale

In diesem Abschnitt werden vier unterschiedliche Methoden zur Generierung der Methanmerkmale beschrieben und anhand der daraus resultierenden Ergebnisse bewertet. Die Beurteilung der einzelnen Berechnungsansätze erfolgte auf Grundlage definierter Kriterien, die sich aus physiologischen und methodischen Überlegungen ergaben.

Für die Bewertung der Methanmerkmale dienen folgende Kriterien:

- Verteilung der Methanfreisetzung nach Ursprungsquelle:
Basierend auf den Befunden von Dougherty & Cook (1962) sowie Berends et al. (2014) wird ein durchschnittlicher Anteil von etwa 77,5 % für die Respiration und 22,5 % für die Eruktion angenommen. Diese Aufteilung wird in den Merkmalen $\text{CH}_4_{\text{respper}}$ und $\text{CH}_4_{\text{erucper}}$ abgebildet.
- Anzahl der Ruktus-Ereignisse je Messung:
Unter Berücksichtigung der Verdauungsphysiologie der Wiederkäuer gilt eine Frequenz von ein bis zwei Ruktus-Ereignissen pro drei Minuten als physiologisch plausibel (Oertel et al., 2018). Dieses Kriterium spiegelt sich im Merkmal $\text{CH}_4_{\text{erucevent}}$ wider. Für jede Messung sollte dabei ein realistischer, d. h. nicht nullwertiger, Wert ermittelt werden.
- Anteil verwertbarer Messungen:
Messungen mit $\text{CH}_4_{\text{erucevent}} = \text{Null}$ gelten als physiologisch nicht plausibel und werden in den nachfolgenden Analysen ausgeschlossen. Eine gute Berechnungsmethode sollte daher möglichst wenige Nullwerte für dieses Merkmal aufweisen.

Ziel war es, eine möglichst hohe Anzahl an Messungen zu erhalten, bei denen für das Merkmal $\text{CH}_4_{\text{erucevent}}$ ein gültiger ($\neq \text{Null}$) Wert berechnet werden konnte.

Zur Berechnung der Schwellenwerte und Trennung der Methanpeaks wurden die folgenden Ansätze angewendet (vgl. Tbl. 20):

- Boxplot-Methode
- Methode der bimodalen Normalverteilung
- Methode der Standardabweichung
- Quantil-basierte Methode

4.3.1 Schwellenwertbestimmung mittels Boxplot-Analyse

In Anlehnung an die Arbeiten von Sorg et al. (2018) und Mühlbach (2022) wurde zur Definition des Schwellenwertes (Threshold) eine Methode verwendet, welche diesen, basierend auf der Berechnung eines Boxplots, ermittelt. Nachfolgend wird diese Berechnung als „Boxplot-Methode“ bezeichnet.

Abbildung 11 beschreibt den Aufbau eines Boxplots. Sie zeigt die standardisierte Verteilung numerischer Werte mit Hilfe eines Box-and-Whisker-Diagramms. Die Box enthält alle Daten zwischen dem unteren Quartil ($Q1 = 25\%$ aller Werte) und dem oberen Quartil ($Q3 = 75\%$ aller Werte). Die Höhe der Box wird als Interquartilsabstand (IQR) bezeichnet und zeigt die Streuung der mittleren 50 % der Daten. Der IQR wird wie folgt berechnet:

$$IQR = Q3 - Q1$$

25 % der Daten sind unterhalb $Q1$ und 75 % der Daten liegen unter $Q3$. Der Median ($Q2$) stellt die Grenze dar, an der 50 % der Werte oberhalb $Q2$ und 50 % der Werte unterhalb $Q2$ liegen. Die Enden der Whisker (Antennen) zeigen den kleinsten Wert (Minimum) sowie den größten Wert (Maximum) der ausgewerteten Daten an, wobei die Länge der Whisker einer variablen Definition unterliegen kann. Klassischerweise wird die Spannweite der Whisker wie folgt beschrieben:

$$Whisker_{unten} = Q1 - 1,5 * IQR$$

$$Whisker_{oben} = Q3 + 1,5 * IQR$$

Werte, die außerhalb des Whisker-Bereiches liegen, werden als Ausreißer bezeichnet.

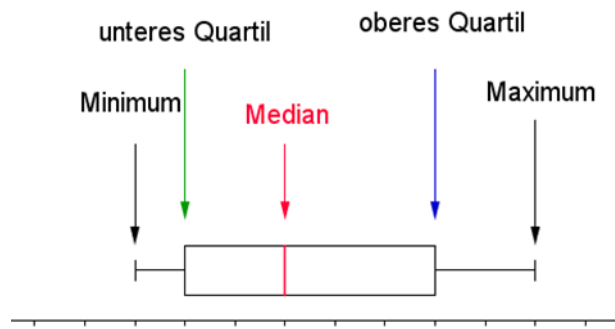


Abbildung 11: Standardisierte Aufteilung der Werte eines Boxplots, Minimum: Kleinster Wert im Datensatz, unteres Quartil: Stellt den unteren Rand der Box dar, von hier bis zum oberen Quartil sind 50 % der Werte in der Box enthalten, Median: Markiert die Grenze, an der 50 % der Werte oberhalb und 50 % der Werte unterhalb liegen, oberes Quartil: Stellt den oberen Rand der Box dar, unterhalb dieses Quartils liegen 75 % der Werte, Maximum: Größter Wert des Datensatzes (Duden Learnattack GmbH, o.J.)

In dieser Arbeit wurden Vielfache des Interquartil-Abstandes verwendet. Die grundsätzliche Einteilung der Werte entsprach dabei der Boxplot-Methode (vgl. Abb. 11). Die hier ermittelten statistischen Kenngrößen für Methanmerkmale sind in Tabelle 22 und Tabelle 23 dargestellt. Diese Tabellen zeigen die prozentuale Verteilung der beiden Methanfraktionen, die in den Merkmalen $\text{CH}_4_{\text{respper}}$ (Anteil der Methanfreisetzung über die Respiration) und $\text{CH}_4_{\text{erucper}}$ (Anteil der Methanfreisetzung über die Eruktion) ausgedrückt werden. Die ermittelte Verteilung sollte dabei möglichst mit den in Kapitel 4.1 beschriebenen Literaturwerten übereinstimmen.

Ferner wurde das Merkmal $\text{CH}_4_{\text{erucevent}}$ herangezogen, welches die Anzahl der Ruktus-Ereignisse pro Messung beschreibt. Der Mittelwert dieses Merkmals sollte im physiologisch plausiblen Bereich von ein bis zwei Ereignissen pro dreiminütige Messung liegen (Oertel et al., 2018). Zudem wurde überprüft, wie viele Messungen für $\text{CH}_4_{\text{erucevent}}$ den Wert Null aufwiesen, da solche Fälle eine unphysiologische Einteilung der Messprofile aufzeigen, demnach hätte kein Ruktus stattgefunden. Damit würden diese Messprofile nicht für weitere Analysen verwendet.

Tabelle 22 zeigt die Ergebnisse der Methanmerkmale auf Grundlage eines gemeinsamen Schwellenwertes, der unter Verwendung unterschiedlicher Interquartilsabstände (IQR) berechnet wurde. Dabei wurde deutlich, dass die Anwendung eines gemeinsamen Schwellenwertes zu erheblichen Datenverlusten im Merkmal $\text{CH}_4_{\text{erucevent}}$ führte.

Dies resultiert in einem hohen Anteil an Messungen mit dem Wert Null, was auf eine unzureichende Trennschärfe der Methode und damit auf eine ungeeignete Merkmalsdefinition hinwies. Folglich würde durch diese Vorgehensweise ein erheblicher Anteil der Messdaten für die weiteren Analysen verloren gehen.

Tabelle 22: Statistische Kenngrößen für die Boxplot-Berechnung mit einem gemeinsamen Schwellenwert ermittelt anhand unterschiedlicher Interquartilsabstände (IQR)

IQR¹	CH₄_respper	CH₄_erucper	CH₄_erucevent	Nullwerte CH₄_erucevent
0,1	53%	47%	4	160
0,2	59%	41%	3	232
0,3	66%	34%	3	336
0,4	72%	28%	2	494
0,5	79%	21%	1	687

¹IQR: Interquartilsabstand, CH₄_respper und CH₄_erucper werden in % angegeben, CH₄_erucevent gibt die Anzahl an Ruktus-Ereignissen/Messung wieder und in der Spalte Nullwerte CH₄_erucevent ist die Anzahl an Messungen, für welche aufgrund der Berechnungsmethode kein Ruktus verzeichnet werden konnte

In Tabelle 23 sind die Ergebnisse der Boxplot-Methode unter Verwendung eines individuellen Schwellenwertes dargestellt. Im Vergleich zu den Ergebnissen mit dem gemeinsamen Schwellenwert (vgl. Tbl. 22) zeigt sich eine verbesserte Merkmalsdarstellung. Die Anzahl an Nullwerten im Merkmal CH₄_erucevent ist zu Beginn deutlich geringer. Mit zunehmenden Vielfachen des Interquartilsabstandes (IQR) steigt jedoch der Anteil der Nullwerte im Merkmal CH₄_erucevent deutlich an. Die Verwendung eines 0,5 IQR als Schwellenwert erfüllt die Kriterien für eine physiologisch plausible Unterteilung der Merkmale. Gleichzeitig galt zu beachten, dass diese Einstellung mit einem Verlust von über 300 Messungen einher ging, was in dieser Arbeit etwa 15 % der verfügbaren Messungen entsprechen würde.

Tabelle 23: Statistische Kenngrößen für die Boxplot-Berechnung mit einem individuellen Schwellenwert ermittelt anhand unterschiedlicher Interquartilsabstände (IQR)

IQR¹	CH₄_respper	CH₄_erucper	CH₄_erucevent	Nullwerte CH₄_erucevent
0,1	48%	52%	4	0
0,2	54%	46%	3	9
0,3	60%	40%	3	53
0,4	65%	35%	2	140
0,5	71%	29%	2	307

¹IQR: Interquartilsabstand, CH₄_respper und CH₄_erucper werden in % angegeben, CH₄_erucevent gibt die Anzahl an Ruktus-Ereignissen/Messung wieder und in der Spalte Nullwerte CH₄_erucevent ist die Anzahl an Messungen, für welche aufgrund der Berechnungsmethode kein Ruktus verzeichnet werden konnte

Abschließend ließ sich festhalten, dass mit der Boxplot-Methode auf Basis der in dieser Arbeit erhobenen Daten die angestrebte prozentuale Verteilung der Methanfraktionen

nicht erreicht werden konnte. Zudem zeigte sich, dass mit steigendem Vielfachen des Interquartilsabstandes (IQR) ein erheblicher Verlust von Werten im Merkmal $\text{CH}_4_{\text{erucevent}}$ auftrat. Dies entsprach dem Ausbleiben von Ruktus-Ereignissen während einer dreiminütigen Messung, was dem physiologischen Verdauungsprozess des Rindes widerspricht und somit auf eine unzureichende Eignung dieser Methode für die Merkmalsdefinition hindeutete.

4.3.2 Schwellenwertbestimmung über eine bimodale Normalverteilung

Die Methode der bimodalen Normalverteilung wurde in den Studien von Ricci et al. (2014) und Reintke et al. (2020) angewandt, um die mit dem LMD erfassten Methanwerte in zwei Fraktionen zu unterteilen. Die Grundannahme dieses Ansatzes ist, dass bei natürlichen Merkmalen – in diesem Fall dem Methanausstoß – und einer ausreichend großen Datenbasis eine Normalverteilung der Messwerte vorlag. Da der Methanausstoß in die beiden physiologisch unterschiedlichen Fraktionen Respiration und Eruktion getrennt werden kann, wurde angenommen, dass für jede dieser Fraktionen eine eigene Normalverteilung vorlag. Diese Annahme führte zu einer sogenannten bimodalen Normalverteilung. Zwischen den Verteilungen, welche respiratorische und eruktive Werte enthielten, bestand jedoch keine scharfe Trennlinie, sodass sich die beiden Kurven überlagern (vgl. Abb. 12). Zur Bestimmung des Schwellenwertes zwischen den beiden Fraktionen wurde daher eine kumulative Wahrscheinlichkeit herangezogen. Während Ricci et al. (2014) eine 99 %-kumulative Wahrscheinlichkeit für Schafe und Bullen verwendeten, nutzten Reintke et al. (2020) eine 95 %-kumulative Wahrscheinlichkeit für Schafe. In der vorliegenden Arbeit wurden sowohl individuelle Schwellenwerte pro Messung, als auch ein gemeinsamer Schwellenwert für alle Messungen auf Basis einer 90 %-, 95 %- und 99 %-kumulativen Wahrscheinlichkeit der unteren Normalverteilung bestimmt.

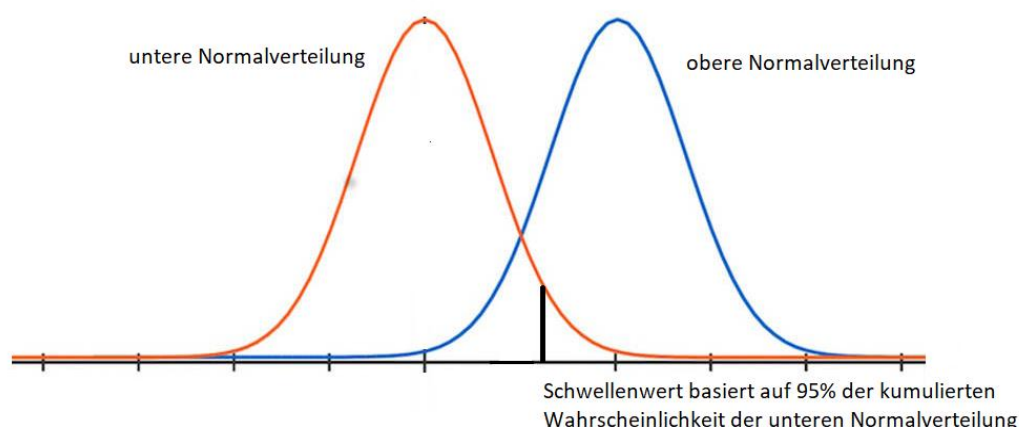


Abbildung 12: Darstellung des Schwellenwertes mittels kumulativer Wahrscheinlichkeit, bei Annahme einer bimodalen Normalverteilung für das Merkmal „Methanausstoß“, welches unterteilt wird in eine Respiration- und Eruktionfraktion. Die untere Normalverteilung spiegelt die Werte der Respiration wider, wohingegen die obere Normalverteilung die Werte der Eruktion enthält. Der Schwellenwert wird so definiert, dass 95 % der gemessenen Werte unterhalb dieses Schwellenwertes liegen. Alle Werte unterhalb dieser Schwelle zählen zur Respiration, auch wenn sie sich in der oberen Normalverteilung (Eruktion) befinden. Dieser überlappende Bereich der Normalverteilungen stellt die kumulative Wahrscheinlichkeit der beiden Fraktionen für das Merkmal „Methanausstoß“ dar

Die Ergebnisse dieser Berechnungen sind in Tabelle 24 und Tabelle 25 dargestellt. Es zeigt sich, dass mit dieser Methode die angestrebte prozentuale Verteilung der Merkmale $\text{CH}_4_{\text{respper}}$ und $\text{CH}_4_{\text{erucper}}$ nicht erreicht werden konnte. Der höchste erzielte Wert für $\text{CH}_4_{\text{respper}}$ lag bei lediglich 47 %, womit die in der Literatur beschriebene Verteilung von etwa 77,5 % ($\text{CH}_4_{\text{respper}}$) zu 22,5 % (Dougherty & Cook, 1962; Berends et al., 2014) deutlich verfehlt wurde.

Tabelle 24: Statistische Kenngrößen für die bimodale Normalverteilung mit einem gemeinsamen Schwellenwert ermittelt anhand unterschiedlicher kumulativer Wahrscheinlichkeiten

Kumulative Wahrscheinlichkeit	$\text{CH}_4_{\text{respper}}$	$\text{CH}_4_{\text{erucper}}$	$\text{CH}_4_{\text{erucevent}}$	Nullwerte $\text{CH}_4_{\text{erucevent}}$
90%	15%	85%	6	9
95%	22%	88%	6	15
99%	42%	58%	5	80

$\text{CH}_4_{\text{respper}}$ und $\text{CH}_4_{\text{erucper}}$ werden in % angegeben, $\text{CH}_4_{\text{erucevent}}$ gibt die Anzahl an Ruktus-Ereignissen/Messung wieder und in der Spalte Nullwerte $\text{CH}_4_{\text{erucevent}}$ ist die Anzahl an Messungen, für welche aufgrund der Berechnungsmethode kein Ruktus verzeichnet werden konnte

Tabelle 25: Statistische Kenngrößen für die bimodale Normalverteilung mit einem individuellen Schwellenwert ermittelt anhand unterschiedlicher kumulativer Wahrscheinlichkeiten

Kumulative Wahrscheinlichkeit	CH ₄ _respper	CH ₄ _erucper	CH ₄ _erucevent	Nullwerte CH ₄ _erucevent
90%	20%	80%	5	56
95%	36%	64%	5	104
99%	47%	53%	4	409

CH₄_respper und CH₄_erucper werden in % angegeben, CH₄_erucevent gibt die Anzahl an Ruktus-Ereignissen/Messung wieder und in der Spalte Nullwerte CH₄_erucevent ist die Anzahl an Messungen, für welche aufgrund der Berechnungsmethode kein Ruktus verzeichnet werden konnte

Zusammenfassend wurde festgestellt, dass die Methode der bimodalen Normalverteilung auf Basis der in dieser Arbeit erhobenen Daten keine physiologisch plausible Trennung der Methanfraktionen ermöglichte. Die resultierenden Schwellenwerte führten zu einer unausgewogenen Verteilung zwischen respiratorischen und eruktiven Anteilen, wodurch die Annahmen der Verdauungsphysiologie von Wiederkäuern nicht hinreichend abgebildet werden konnten.

Im folgenden Abschnitt wird daher die Standardabweichungsmethode vorgestellt, die einen alternativen Ansatz zur Bestimmung eines geeigneten Schwellenwertes zwischen den Methanfraktionen bietet.

4.3.3 Schwellenwertbestimmung auf Basis der Standardabweichung

Die Standardabweichung (SD) beschreibt die durchschnittliche Abweichung der beobachteten Werte vom Mittelwert und dient somit als Maß für die Streuung innerhalb einer Verteilung. Zur Bestimmung des Schwellenwertes zwischen den Methanfraktionen wurde diese Methode bereits in mehreren Studien erfolgreich angewandt. Chagunda et al. (2013) nutzten dabei ein zweifaches SD-Maß, während Rooke et al. (2013) den Schwellenwert mithilfe der einfachen SD definierten. In beiden Fällen wurde der ermittelte Schwellenwert durch Addition der SD zum Mittelwert der Methanmessung berechnet. Rooke et al. (2013) erzielten mit diesem Ansatz eine Aufteilung von 81-93 % CH₄ aus der ersten Fraktion (Eruktion) und 7-19 % CH₄ aus der zweiten Fraktion (Respiration). Diese Ergebnisse standen jedoch im Gegensatz zu den Befunden von Berends et al. (2014), die den überwiegenden Anteil des Methanausstoßes der Respiration zuschreiben.

Es wurden daher verschiedene Vielfache der Standardabweichung zur Definition des Schwellenwertes untersucht, um die Methanwerte in physiologisch plausible

Fraktionen zu unterteilen. Die entsprechenden Kenngrößen sind in Tabelle 26 und Tabelle 27 dargestellt. Tabelle 26 zeigt die Resultate der Berechnung mit einem gemeinsamen Schwellenwert, während Tabelle 27 die Kenngrößen mit individuell für jedes Messprofil berechnetem Schwellenwert darstellt. Es wurde deutlich, dass bei beiden Ansätzen ein erheblicher Anteil an Messprofilen keinen Wert für das Merkmal $CH_4_{erucevent}$ aufwiesen. Diese Verluste in der Erfassung der Ruktus-Ereignisse deuteten auf eine unzureichende Trennschärfe dieser Methode hin.

Tabelle 26: Statistische Kenngrößen für die Methode der Standardabweichung (SD) zur Ermittlung eines gemeinsamen Schwellenwerts mit Vielfachen der Standardabweichung

SD	$CH_4_{respper}$	$CH_4_{erucper}$	$CH_4_{erucevent}$	Nullwerte $CH_4_{erucevent}$
1-fach	42%	58%	3	217
1,5-fach	81%	19%	1	217
2-fach	95%	5%	1	1.407
2,5-fach	100%	0%	1	1.544

$CH_4_{respper}$ und $CH_4_{erucper}$ werden in % angegeben, $CH_4_{erucevent}$ gibt die Anzahl an Ruktus-Ereignissen/Messung wieder und in der Spalte Nullwerte $CH_4_{erucevent}$ ist die Anzahl an Messungen, für welche aufgrund der Berechnungsmethode kein Ruktus verzeichnet werden konnte

Tabelle 27: Statistische Kenngrößen für die Methode der Standardabweichung (SD) zur Ermittlung eines individuellen Schwellenwerts mit Vielfachen der Standardabweichung

SD	$CH_4_{respper}$	$CH_4_{erucper}$	$CH_4_{erucevent}$	Nullwerte $CH_4_{erucevent}$
1-fach	55%	45%	3	7
1,5-fach	75%	25%	1	393
2-fach	90%	10%	1	1.214
2,5-fach	96%	4%	1	1.494

$CH_4_{respper}$ und $CH_4_{erucper}$ werden in % angegeben, $CH_4_{erucevent}$ gibt die Anzahl an Ruktus-Ereignissen/Messung wieder und in der Spalte Nullwerte $CH_4_{erucevent}$ ist die Anzahl an Messungen, für welche aufgrund der Berechnungsmethode kein Ruktus verzeichnet werden konnte

In Abbildung 13 ist exemplarisch ein CH_4 -Messprofil dargestellt, das mithilfe der SD in die beiden Fraktionen Respiration und Eruktion unterteilt wurde. Die durchgezogene Linie markiert den Mittelwert aller relevanten Messwerte des Profils, während die gestrichelte Linie den auf Basis der einfachen SD berechneten individuellen Schwellenwert kennzeichnet. Diese Darstellung verdeutlicht das Prinzip der SD-Methode, bei der Messwerte oberhalb des Schwellenwertes der eruktiven und Werte unterhalb des Schwellenwertes der respiratorischen Fraktion zugeordnet werden.

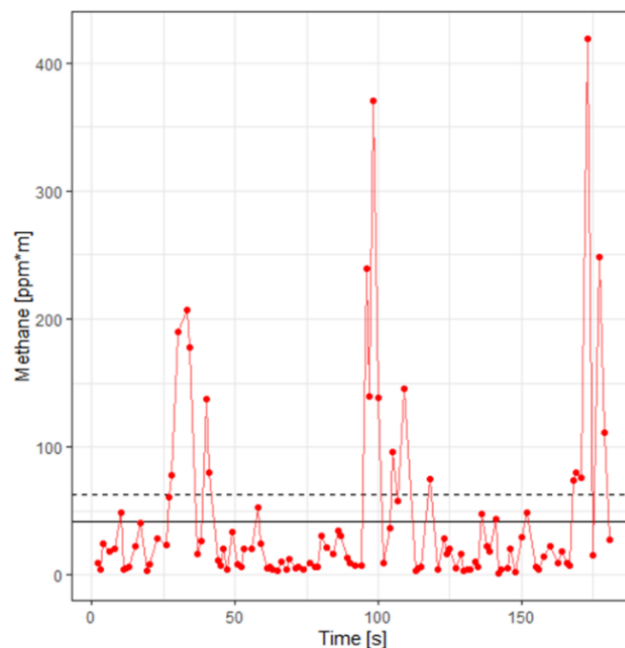


Abbildung 13: CH_4 -Messprofil mit individuellem Schwellenwert, welcher mit einer einfachen Standardabweichung ermittelt wurde. Schwellenwert: Gestrichelte Linie; Mittelwert: Durchgezogene Linie

Zusammenfassend zeigte sich, dass die Anwendung der Standardabweichungs-Methode zur Definition eines Schwellenwertes zwar eine nachvollziehbare und einfach umsetzbare Trennung der CH_4 -Fraktionen ermöglichte, jedoch mit einer hohen Anzahl unphysiologischer Nullwerte im Merkmal $\text{CH}_4_{\text{erucevent}}$ einherging. Zudem konnte die erwartete prozentuale Verteilung zwischen respiratorischen und eruktiven Anteilen nicht erreicht werden.

Im folgenden Abschnitt wird daher die Quantil-Methode vorgestellt, die auf einer statistisch robusten Abgrenzung extremer Wertebereiche basiert und somit eine alternative Möglichkeit zur Definition der Methanmerkmale bietet.

4.3.4 Schwellenwertbestimmung durch Quantilsberechnung

Als letzte Methode zur Unterteilung der Methanwerte wurde die Berechnung auf Grundlage der Einteilung in Quantile durchgeführt. Chagunda (2013) nutzte in seiner Arbeit das 75 %-Quantil zur Abgrenzung der Methanwerte. Dies bedeutet, dass der Schwellenwert so festgelegt wurde, dass 75 % der Werte unterhalb dieses Schwellenwertes lagen und der Respiration zugeordnet wurden, während die

verbleibenden 25 % der Werte oberhalb des Schwellenwertes den Anteil des Eruktions-Methans bildeten.

In der vorliegenden Arbeit wurde die Unterteilung der Methanwerte mit einem 10 %-, 50 %-, 60 %-, 70 %-, 80 %- und 90 %-Quantil durchgeführt – jeweils sowohl mit einem gemeinsamen als auch mit einem individuell berechneten Schwellenwert. Die Kenngrößen dieser Berechnungen sind in Tabelle 28 und Tabelle 29 dargestellt. In Tabelle 28 zeigt sich, dass die Verwendung eines gemeinsamen Schwellenwertes keine zufriedenstellenden Ergebnisse liefert. Das 90 %-Quantil erzielte zwar mit einer Verteilung von 70 % CH₄_{respper} zu 30 % CH₄_{erucper} eine vielversprechende Aufteilung, und auch der Mittelwert des Merkmals CH₄_{erucevent} mit drei Ruktus-Ereignissen lag im physiologisch erwarteten Bereich (Oertel et al., 2018). Allerdings wies diese Berechnung eine hohe Anzahl an Nullwerten im Merkmal CH₄_{erucevent} auf, was das Fehlen eines Ruktus-Ereignisses während der Messung aufzeigte. Da dies unphysiologisch ist, müssten diese Messungen bei der weiteren Merkmalsberechnung ausgeschlossen werden. Folglich wäre der Datenverlust bei dieser Berechnungsmethode erheblich.

Tabelle 28: Statistische Kenngrößen für die Quantil-Methode mit einem gemeinsamen Schwellenwert ermittelt anhand unterschiedlicher Quantile

Quantil [%]	CH ₄ _{respper}	CH ₄ _{erucper}	CH ₄ _{erucevent}	Nullwerte CH ₄ _{erucevent}
10%	3%	97%	5	0
50%	20%	80%	6	13
60%	29%	71%	6	37
70%	39%	61%	5	65
80%	52%	48%	4	160
90%	70%	30%	3	427

CH₄_{respper} und CH₄_{erucper} werden in % angegeben, sie ergänzen sich auf 100 %. CH₄_{erucevent} gibt die Anzahl an Ruktus-Ereignissen/Messung wieder und in der Spalte Nullwerte CH₄_{erucevent} ist die Anzahl an Messungen, für welche aufgrund der Berechnungsmethode kein Ruktus verzeichnet werden konnte

Die mit einem individuellen Schwellenwert (vgl. Tbl. 29) berechneten Kenngrößen zeigen hingegen deutlich bessere Werte, als die Kenngrößen, welche mit einem gemeinsamen Schwellenwert berechnet wurden (vgl. Tbl. 28). Die Anzahl der Nullwerte im Merkmal CH₄_{erucevent} konnte deutlich reduziert werden, und der Mittelwert von zwei Ruktus-Ereignissen entsprach den physiologisch erwarteten Werten.

Unter Berücksichtigung aller zuvor definierten Bewertungskriterien (vgl. Kapitel 4.3) stellte die Berechnung des Schwellenwertes mit dem 90 %-Quantil auf individueller Basis die beste Methode dar, um aus den vorliegenden LMD-Messdaten

aussagekräftige Methanmerkmale zu generieren. Zur weiteren Überprüfung wurden zusätzlich die 85 %-, 91 %- und 92 %-Quantile berechnet, die jedoch keine Verbesserung der Ergebnisse zeigten.

Tabelle 29: Statistische Kenngrößen für die Quantil-Methode mit einem individuellen Schwellenwert ermittelt anhand unterschiedlicher Quantile

Quantil [%]	CH ₄ _respper	CH ₄ _erucper	CH ₄ _erucevent	Nullwerte CH ₄ _erucevent
50%	20%	80%	8	0
60%	28%	72%	7	0
70%	37%	63%	6	0
80%	49%	51%	4	0
85%	57%	43%	3	0
90%	67%	33%	2	23
91%	68%	32%	2	45
92%	70%	30%	2	88

CH₄_respper und CH₄_erucper werden in % angegeben, sie ergänzen sich auf 100 %. CH₄_erucevent gibt die Anzahl an Ruktus-Ereignissen/Messung wieder und in der Spalte Nullwerte CH₄_erucevent ist die Anzahl an Messungen, für welche aufgrund der Berechnungsmethode kein Ruktus verzeichnet werden konnte

4.4 Evaluierung und Auswahl der optimalen Methode

In Tabelle 30 sind die Ergebnisse der vier Berechnungsmethoden, welche die definierten Bewertungskriterien bestmöglich erfüllten, gegenübergestellt. Es wurden ausschließlich Resultate der Berechnungen mit individuell bestimmten Schwellenwerten dargestellt, da die Ansätze mit einem gemeinsamen Schwellenwert insgesamt deutlich schlechtere Ergebnisse lieferten.

Die Auswertung zeigte, dass die Berechnung des individuellen Schwellenwertes auf Basis des 90 %-Quantils die besten Evaluierungskenngrößen, mit einer Verteilung von 67 % CH₄_respper, 33 % CH₄_erucper und einem Mittelwert von Zwei im Merkmal CH₄_erucevent, wobei nur 23 Messprofile keinen Wert für dieses Merkmal erzielen konnten, in Bezug auf die ausgewählten Kriterien (vgl. Kapitel 4.1.3 & 4.1.4) erzielte.

Tabelle 30: Die besten Evaluierungskenngrößen, aus den vier verschiedenen Methoden zur Berechnung eines individuellen Schwellenwertes, welcher für die Erstellung physiologischer Methanmerkmale notwendig ist, gegenübergestellt

Methode		CH ₄ _respper	CH ₄ _erucper	CH ₄ _erucevent	Nullwerte CH ₄ _erucevent
Boxplot	0,5	71%	29%	2	307
Bimodale Normalverteilung	99%	47%	53%	4	409
Standardabweichung	1,5-fach	55%	45%	3	7
Quantile	90%	67%	33%	2	23

CH₄_respper und CH₄_erucper werden in % angegeben, sie ergänzen sich auf 100 %. CH₄_erucevent gibt die Anzahl an Ruktus-Ereignissen/Messung wieder und in der Spalte Nullwerte CH₄_erucevent ist die Anzahl an Messungen, für welche aufgrund der Berechnungsmethode kein Ruktus verzeichnet werden konnte

Schlussfolgernd wurden die Methanmerkmale dieser Arbeit auf Grundlage eines individuell für jedes CH₄-Messprofil berechneten Schwellenwertes mittels des 90 %-Quantils generiert. Dies bedeutet, dass 90 % der gemessenen CH₄-Werte eines Messprofils unterhalb des Schwellenwertes liegen und der Respiration zugeordnet werden, während die restlichen 10 % der Werte oberhalb des Schwellenwertes liegen und den Anteil des Eruktions-Methans darstellen.

Insgesamt 23 Messungen, für die mit dieser Methode kein CH₄_erucvent berechnet werden konnte, wurden aus dem Datensatz ausgeschlossen. Nach dieser Bereinigung verblieben 2.028 valide Messungen für die weiteren Analysen.

4.5 Phänotypische Merkmalscharakterisierung der generierten Methanmerkmale

Zur Charakterisierung der aufbereiteten und definierten Methanmerkmale wurde zunächst eine deskriptive Statistik erstellt. In Tabelle 31 sind die Mittelwerte, Mediane, Standardabweichungen sowie die Minimal- und Maximalwerte der Methanmerkmale dargestellt.

Der niedrigste Mittelwert wurde für das Merkmal CH₄_respmean mit 59,68 ppm-m ermittelt, gefolgt von CH₄_allmean mit 79,21 ppm-m. Das höchste Mittel wies das Merkmal CH₄_erucmean mit 248,80 ppm-m auf. Die maximal und minimal gemessenen Methanwerte zeigten deutliche Unterschiede zwischen den Fraktionen: Während der höchste Wert mit 10.345,00 ppm-m beim Merkmal CH₄_erucmax auftrat, lag der niedrigste Wert mit 5,24 ppm-m bei CH₄_respmean.

Diese Verteilung spiegelte den bekannten physiologischen Unterschied zwischen der kontinuierlichen Methanfreisetzung über die Respiration und dem kurzzeitig hohen Methanausstoß während der Eruktion wider. Das Merkmal CH₄_erucevent zeigte einen Mittelwert von Zwei Ereignissen pro Messung. Insgesamt wurden 2.028 Messungen in die Auswertung einbezogen.

Tabelle 31: Deskriptive Statistik der CH₄-Merkmale (n = 2.028 Messungen, Mittelwert (MW), Median, Standardabweichung (SD), Minimum (Min.) und Maximum (Max.))

Merkmal	MW	Median	SD	Min.	Max.
CH ₄ _erucevent	1,98	2,00	0,72	0,00	5,00
CH ₄ _allmean	79,21	73,07	40,38	8,25	385,50
CH ₄ _allsum	6.966,00	6.424,00	3.306,00	734,00	37.779,00
CH ₄ _respmean	59,68	53,50	33,65	5,24	252,20
CH ₄ _respsum	4.672,00	4.201,00	2.414,00	419,00	19.606,00
CH ₄ _respmax	160,80	151,00	79,21	14,00	917,00
CH ₄ _respper	0,67	0,67	0,08	0,21	0,82
CH ₄ _erucmean	248,80	231,80	126,50	26,11	2.024,00
CH ₄ _erucsum	2.294,00	2.132,00	1.200,00	235,00	20.241,00
CH ₄ _erucmax	437,70	366,00	417,60	38,00	10.345,00
CH ₄ _erucper	0,33	0,33	0,08	0,18	0,79

In Tabelle 32 sind die phänotypischen Korrelationen (r_p) zwischen den Methanmerkmalen dargestellt. Es zeigten sich sehr hohe positive Korrelationen ($r_p = 0,89-0,97$) zwischen den Merkmalen CH₄_allmean, CH₄_allsum, CH₄_respmean, CH₄_respsum und CH₄_respmax. Demgegenüber korrelierten die Eruktionsmerkmale (CH₄_erucmean, CH₄_erucsum, CH₄_erucmax) ebenfalls positiv miteinander, jedoch nur moderat mit den respiratorischen Merkmalen. Auffällig war die negative Korrelation zwischen CH₄_respper und CH₄_erucper ($r_p = -1,00$), die sich erwartungsgemäß aus der komplementären Berechnung dieser beiden Merkmale ergab.

Diese Ergebnisse (vgl. Tbl. 32) belegten insgesamt eine klare Trennschärfe der generierten Methanmerkmale und zeigten, dass die mit der 90 %-Quantil-Methode abgeleitete Schwellenwertdefinition eine physiologisch sinnvolle und statistisch stabile Abbildung der Methanemissionen von Rindern ermöglichte.

Tabelle 32: Phänotypische Korrelationen (r_p) zwischen den Methanmerkmalen

	CH ₄ _allmean	CH ₄ _allsum	CH ₄ _respmean	CH ₄ _respsum	CH ₄ _respmax	CH ₄ _respper	CH ₄ _erucmean	CH ₄ _erucsum	CH ₄ _erucmax	CH ₄ _erucper
CH ₄ _allmean										
CH ₄ _allsum	0,95									
CH ₄ _respmean	0,97	0,89								
CH ₄ _respsum	0,95	0,95	0,96							
CH ₄ _respmax	0,95	0,91	0,91	0,89						
CH ₄ _respper	0,39	0,29	0,57	0,52	0,32					
CH ₄ _erucmean	0,83	0,86	0,66	0,68	0,81	-0,10				
CH ₄ _erucsum	0,69	0,81	0,50	0,59	0,69	-0,25	0,95			
CH ₄ _erucmax	0,43	0,51	0,22	0,27	0,35	-0,38	0,79	0,84		
CH ₄ _erucper	-0,39	-0,29	-0,57	-0,52	-0,32	-1	0,10	0,25	0,38	

Insgesamt lagen für alle 2.028 Messungen Methanmerkmale (vgl. Tbl. 31) vor. Zwischen den Merkmalen innerhalb einer Fraktion bestanden hohe Korrelationen. Zwischen den Merkmalen unterschiedlicher Fraktionen traten hingegen geringere oder negative Zusammenhänge auf. Die Mittelwerte der Merkmale variierten zwischen den Betrieben. In Abbildung 14 ist exemplarisch die Verteilung des Methanmerkmals CH₄_allmean anhand der untersuchten Betriebe dargestellt. Die rote Linie markiert den Gesamtmittelwert über alle Messungen und Betriebe. Abbildung 14 und Tabelle 33 geben erste Hinweise auf betriebliche Unterschiede in den Methanmessungen. In Betrieb 5 und Betrieb 8 lagen die Mittelwerte der Methanemissionen im oberen Bereich der Gesamtverteilung. Beide Betriebe hielten die Rasse DSN und wirtschafteten ökologisch. In Betrieb 3 wurde ein überdurchschnittlich hoher CH₄-Wert gemessen.

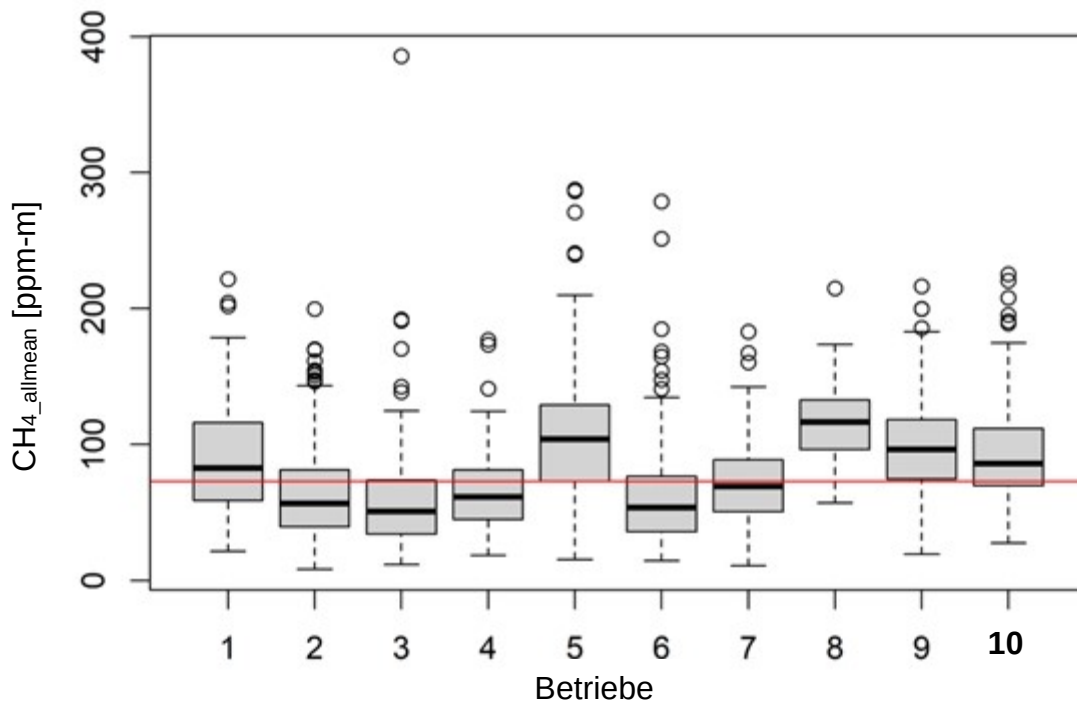


Abbildung 14: Die Werte des Methanmerkmals $CH_4_allmean$ für jeden Betrieb in einem Boxplot dargestellt. Die rote Linie markiert den Durchschnittswert aller durchgeführten Messungen über alle Betriebe hinweg für das Merkmal $CH_4_allmean$

Die Mittelwerte der Methanmerkmale pro Betrieb sind in Tabelle 33 zusammengefasst. Für das Merkmal $CH_4_allmean$ lagen die Werte zwischen 58,7 ppm-m (Betrieb 3) und 117,5 ppm-m (Betrieb 8). Auch für die Merkmale CH_4_allsum , $CH_4_respmean$ und $CH_4_respsum$ zeigten sich betriebliche Unterschiede in ähnlicher Größenordnung. Die höchsten Einzelwerte innerhalb der Fraktionen wurden für $CH_4_respmax$ mit 219,7 ppm-m (Betrieb 8) und für $CH_4_erucmax$ mit 566,4 ppm-m (Betrieb 3) festgestellt.

Tabelle 33: Mittelwerte der Methanmerkmale [ppm-m] für jeden Betrieb

	$CH_4_allmean$	CH_4_allsum	$CH_4_respmean$	$CH_4_respsum$	$CH_4_respmax$	$CH_4_erucmean$	$CH_4_erucsum$	$CH_4_erucmax$
Betrieb 1	92,5	8.472,8	71,3	5.843,7	187,4	276,1	2.629,1	437,5
Betrieb 2	63,4	5.949,0	45,3	3.802,9	139,4	221,5	2.146,0	383,0
Betrieb 3	58,7	5.895,8	39,1	3.488,0	118,9	230,6	2.407,8	566,4
Betrieb 4	64,8	5.990,9	46,8	3.872,1	135,4	221,3	2.118,8	391,2
Betrieb 5	105,0	8.710,9	83,6	6.213,5	204,8	289,4	2.497,5	456,8
Betrieb 6	61,3	5.921,7	42,3	3.644,8	128,2	227,5	2.276,9	501,5
Betrieb 7	71,8	6.810,6	53,3	4.535,5	146,8	233,4	2.275,1	417,1
Betrieb 8	117,5	9.039,4	96,7	6.664,9	219,7	293,0	2.374,5	426,4
Betrieb 9	97,2	7.857,9	77,4	5.597,5	189,2	268,5	2.260,5	412,8
Betrieb 10	95,7	7.291,9	74,8	5.104,4	192,0	275,8	2.187,5	432,2

Auf Grundlage der in Kapitel 4.5 dargestellten Methanmerkmale erfolgte im nächsten Schritt die statistische Modellierung zur Analyse möglicher Einflussfaktoren. Hierzu wurden die berechneten Merkmale als abhängige Variablen in verschiedenen linearen, gemischten Modellen verwendet. Ziel war es, die ermittelten Methanmerkmale hinsichtlich ihrer Stabilität und Eignung für weiterführende genetisch-statistische Analysen zu prüfen, sowie die Wirkung externer Einflussgrößen zu quantifizieren.

4.6 Statistische Aufbereitung und Modellentwicklung

Für die nachfolgende statistische Auswertung war eine Normalverteilung der Methanmerkmale erforderlich. Wie bei biologischen Merkmalen zu erwarten, sollten die ermittelten Methanmerkmalen normalverteilt vorliegen. In diesem Fall lag jedoch zunächst keine Normalverteilung vor (vgl. Abb. 15, links). Durch eine Quadratwurzel-Transformation der Merkmale konnte eine annähernde Normalverteilung erreicht werden (vgl. Abb. 15, rechts). Die Histogramme in Abbildung 15 zeigen exemplarisch die Häufigkeitsverteilung der Messwerte für das Merkmal $\text{CH}_4_{\text{allmean}}$ vor und nach der Transformation.

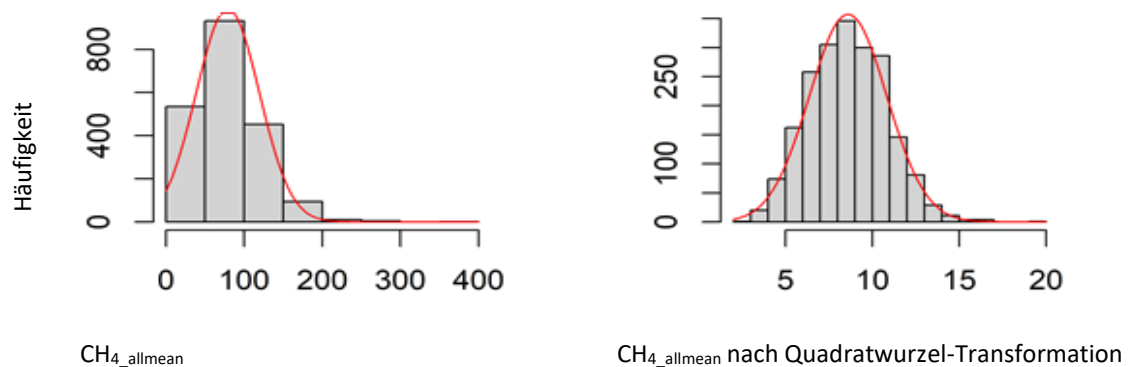


Abbildung 15: Histogramme des Merkmals $\text{CH}_4_{\text{allmean}}$ im Originalzustand (links) sowie nach Quadratwurzel-Transformation (rechts) zur Annäherung an die Normalverteilung

Zur Analyse der annähernd normalverteilten Methanmerkmale wurden univariate gemischte lineare Modelle verwendet. Diese Modellstruktur ermöglichte die gleichzeitige Berücksichtigung fixer und zufälliger Effekte. Ziel der Modellierung war die Trennung genetischer und nicht-genetischer (z.B. umweltbedingter) Einflüsse, um das statistische Verhalten der abhängigen Methanmerkmale präzise zu beschreiben.

Zudem wurde damit die Grundlage für mögliche zukünftige genetische Auswertungen geschaffen, um Verwandtschaftsdaten (Pedigree) als zusätzlichen zufälligen Effekt berücksichtigen zu können.

4.7 Statistisches Modell zur Identifikation signifikanter Einflussfaktoren

Für die nachfolgenden Analysen wurden ausschließlich die Methanmerkmale nach der Quadratwurzel-Transformation verwendet.

In das univariate gemischte lineare Modell (Modell I) wurden folgende Effekte aufgenommen: Lufttemperatur, Windgeschwindigkeit und Luftfeuchtigkeit (Klimaparameter), Tageszeit der Messung sowie das LMD-Gerät in Kombination mit dem jeweiligen Beobachter.

Das statistische Modell (Modell I) wurde wie folgt spezifiziert:

$$Y_{ijklm} = \mu + Temp_i \times W_j \times H_k + Time_l + LMD_Beob_m + e_{ijklm}$$

mit

Y_{ijklm}	=	Methanmerkmal (CH ₄ _allmean, CH ₄ _allsum, CH ₄ _respmean, CH ₄ _respsun, CH ₄ _erucmean, CH ₄ _erucsum, CH ₄ _respmax, CH ₄ _erucmax)
μ	=	Allgemeiner Mittelwert
$Temp_i$	=	Fixe lineare Regression für die Temperatur [°C] (Legendre Polynome 4. Ordnung)
W_j	=	Fixe lineare Regression für die Windgeschwindigkeit [m/s] (Legendre Polynome 3. Ordnung)
H_k	=	Fixe lineare Regression für die Luftfeuchtigkeit [%] (Legendre Polynome 3. Ordnung)
$Time_l$	=	Fixer Effekt der l-ten Tageszeit (Klasse 1-5)
LMD_Beob_m	=	Fixer Effekt des m-ten LMD kombiniert mit Beobachter (Klasse 1-4)
e_{ijklm}	=	Zufälliger Resteffekt

Das Modell wurde in R (Version 4.0) unter Verwendung des Paketes „lmer“ (Version 3.3.1) implementiert.

Zur Beurteilung der Modellgüte wurden die Restvarianz, der AIC-Wert (Akaike Information Criterion) sowie der Kreuzvalidierungsfehler (CV-Error) herangezogen.

Das Modell mit den geringsten Gütekennzahlen wurde als optimal bewertet:

- Restvarianz = 304,65
- AIC = 8.261
- CV-Error = 3,3

Der AIC berücksichtigt neben der Anpassungsgüte auch die Modellkomplexität und wird wie folgt berechnet:

$$AIC = (-2) * \log(Likelihood) + 2 * \text{Anzahl geschätzter Parameter}$$

Zu komplexe Modelle erhalten einen höheren AIC-Wert. Er spiegelt die Balance zwischen der Präzision und der Einfachheit eines Modells wider.

Die Restvarianz ergibt sich aus folgender Formel:

$$\text{Restvarianz} = \frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2}{n - p}$$

wobei y_i den beobachteten Wert der abhängigen Variable für die i-te Beobachtung, während $\hat{y}_i$ den durch das Modell vorhergesagten Wert darstellt. Die Differenz $(y_i - \hat{y}_i)$ wird als Residuum bezeichnet und stellt die Abweichung zwischen Beobachtung und Schätzung dar. Die Summe ist die Summe der quadrierten Residuen. n ist die Anzahl der Beobachtungen und p die Anzahl der im Modell geschätzten Parameter.

Die Restvarianz ist ein Maß für die Güte der Modellanpassung. Sie zeigt die durchschnittliche Größe der Fehler im Modell an. Eine kleine Restvarianz bedeutet, dass das Modell die enthaltenen Daten gut beschreibt.

Der Kreuzvalidierungsfehler (CV-Error) wurde mit folgender Formel berechnet:

$$CV_{Error} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^k Fehler_i$$

Er ist ein Maß für die Genauigkeit eines Modells. Je kleiner der Wert, desto genauer das Modell. Ein niedriger CV-Error zeigt eine hohe Vorhersagegenauigkeit des Modells an. Ein kleiner CV-Error bedeutet, dass das Modell gut anpassungsfähig für neue, unabhängige Daten ist.

Die einzelnen Einflussgrößen (Lufttemperatur, Windgeschwindigkeit, Luftfeuchtigkeit, Tageszeit, LMD-Gerät und Beobachter) wurden zunächst separat und anschließend gemeinsam auf ihren Einfluss auf die Methanmerkmale getestet. Der statistische Einfluss wurde bei einem Signifikanzniveau von $\alpha = 0,05$ bewertet.

Alle in Modell I enthaltenen Effekte zeigten einen signifikanten Einfluss ($p < 0,05$) auf die untersuchten Methanmerkmale. Dabei waren die Effekte Beobachter und LMD-Gerät nur in Kombination signifikant. Die Klimaparameter Temperatur, Windgeschwindigkeit und Luftfeuchtigkeit verbesserten die Modellanpassung insbesondere, wenn sie als interagierende Polynomfunktionen in das Modell integriert wurden. Das Modell mit Polynomfunktionen erzielte den niedrigsten AIC-Wert und wurde daher für die weiteren Berechnungen verwendet.

4.8 Analyse der signifikanten Einflussgrößen auf die Methanemission

Die mittels Modell I generierten Evaluierungskriterien umfassten die *predicted values* und die *residual values* der Methanmerkmale.

Die *predicted values* entsprachen den vom Modell I geschätzten Werten der abhängigen Variablen (Methanmerkmale) auf Basis der einbezogenen erklärenden Variablen und enthielten somit die durch äußere Einflüsse erklärbaren Anteile.

Die *residual values* repräsentierten die Abweichungen zwischen den gemessenen und den vorhergesagten Werten und beschrieben die nicht durch Umweltfaktoren erklärbaren Anteile der Methanproduktion.

Die Residuen (*residual values*) wurden als tierindividuelle Komponente betrachtet und für die nachfolgenden genetischen Analysen verwendet und als Residuen-Methanmerkmale bezeichnet.

Ziel von Modell I war es, externe, nicht tierbedingte Einflüsse zu eliminieren, um den tierabhängigen Anteil der Methanproduktion isoliert betrachten zu können.

4.8.1 Klimatische Bedingungen (Temperatur, Windgeschwindigkeit und Luftfeuchtigkeit)

Die Klimaparameter Temperatur [°C], Windgeschwindigkeit [m/s] und Luftfeuchtigkeit [%] wurden während der Methanmessungen mittels mobiler Wetterstation erfasst.

Tabelle 34 zeigt die deskriptive Statistik der erfassten Klimadaten. Die mittlere Temperatur betrug 14,1°C (Spanne: -4,3-27,4°C), die mittlere Windgeschwindigkeit 0,4 m/s (Spanne: 0,1-2,5 m/s) und die mittlere Luftfeuchtigkeit 71,7 % (Spanne: 28,0-97,9 %).

Tabelle 34: Deskriptive Statistik der Klimaparameter mit Mittelwert, Standardabweichung (SD), kleinstem (Min. Wert) und größtem (Max. Wert) Wert

	Mittelwert	SD¹	Min. Wert	Max. Wert
Temp ² [°C]	14,1	6,1	-4,3	27,4
Wind ³ [m/s]	0,4	0,3	0,1	2,5
H ⁴ [%]	71,7	15,7	28,0	97,9

¹SD: Standardabweichung; ²Temp: Temperatur in °C; ³Wind: Windgeschwindigkeit in m/s; ⁴H: Luftfeuchtigkeit in %

Die durchschnittlichen Klimaparameter je Betrieb sind in Tabelle 35 dargestellt. Betrieb 9 wies die höchste mittlere Temperatur auf, Betrieb 7 die niedrigste. Die höchste mittlere Windgeschwindigkeit wurde in Betrieb 3 gemessen, die niedrigste in Betrieb 8. Die durchschnittlich höchste Luftfeuchtigkeit wurde in Betrieb 7, die niedrigste in Betrieb 6 erfasst.

Tabelle 35: Durchschnittswerte der Klimaparameter je Betrieb (Temp (Temperatur in °C), Wind (Windgeschwindigkeit in m/s), H (Luftfeuchtigkeit in %))

Betrieb	Ø Temp [°C]	Ø Wind [m/s]	Ø H [%]
1	14,27	0,33	73,91
2	15,32	0,32	67,08
3	11,15	0,84	73,19
4	9,27	0,57	73,49
5	11,31	0,26	73,30
6	18,32	0,55	49,03
7	6,15	0,23	81,34
8	10,69	0,07	74,33
9	18,66	0,51	69,32
10	15,35	0,27	63,13

Da zwischen den Klimaparametern Interdependenzen bestehen – beispielweise sinkt die relative Luftfeuchtigkeit physikalisch bedingt bei steigender Temperatur – erfolgte die statistische Modellierung unter Berücksichtigung dieser Abhängigkeiten. Um die optimale Abbildung der Umwelteffekte zu ermitteln, wurden verschiedene Modellierungsvarianten evaluiert: Die Einbindung als einfache Kovariablen, als fixe Effekte, zusammengefasst im Temperatur-Luftfeuchte-Index (THI) sowie die Berücksichtigung als Interaktionseffekte.

Die beste Modellanpassung (niedrigster AIC, geringste Restvarianz) ergab sich bei Verwendung von Temperatur als Polynomfunktion 4. Grades, Luftfeuchtigkeit als Polynomfunktion 3. Grades und Windgeschwindigkeit als Polynomfunktion 3. Grades. Abbildung 16 zeigt beispielhaft die Regressionsverläufe des Merkmals $CH_4_allmean$ in Abhängigkeit von der Temperatur bei linearer (links) und polynomieller Modellierung (rechts).

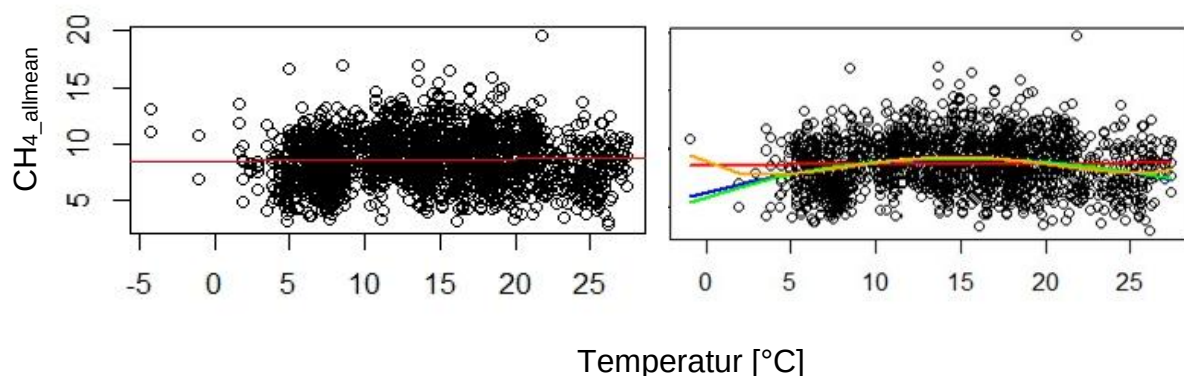


Abbildung 16: Lineare Regression der Abhängigkeit von $CH_4_allmean$ zur gemessenen Temperatur [°C] (links), fixe lineare Regression der Abhängigkeit von $CH_4_allmean$ zur gemessenen Temperatur [°C] als Polynomfunktion der 4. Ordnung (rechts)

Die phänotypischen Korrelationen zwischen den Klimaparametern und ausgewählten Methanmerkmalen sind in Tabelle 36 dargestellt. Die Windgeschwindigkeit korrelierte negativ mit $CH_4_allmean$ ($r_p = -0,24$) und CH_4_allsum ($r_p = -0,20$). Die Luftfeuchtigkeit zeigte eine schwach positive Korrelation, während die Temperatur keine signifikante direkte Beziehung zu den Methanmerkmalen aufwies.

Tabelle 36: Phänotypische Korrelationen zwischen CH₄-Merkmalen und Klimaparametern (Temp (Temperatur in °C), Wind (Windgeschwindigkeit in m/s), H (Luftfeuchtigkeit in %))

	CH ₄ _allmean	CH ₄ _allsum	Temp [°C]	Wind [m/s]	H [%]
CH ₄ _allmean					
CH ₄ _allsum	0,96				
Temp [°C]	0,02	-0,03			
Wind [m/s]	-0,24	-0,20	-0,04		
H [%]	0,14	0,16	-0,48	-0,14	

4.8.2 Tageszeit

Die Methanmessungen wurden zwischen 07:00 Uhr und 17:00 Uhr durchgeführt.

Die meisten Messungen erfolgten zwischen 11:01 Uhr und 13:00 Uhr (Klasse: Time3).

Getestet wurde die Tageszeit, benannt als Merkmal Time, als fixer Effekt eingeteilt in fünf Klassen zu je zwei Stunden (vgl. Tbl. 37) und als fixer Effekt, mit 24 Klassen, wobei jede Stunde eine Klasse (1-24 h) darstellte. Im Modell angewandt wurde die Tageszeit als fixer Effekt mit fünf Klassen.

Tabelle 37: Häufigkeitsverteilung der Beobachtungen von Methanmessungen nach Tageszeitintervallen (Effekt Time)

Klasse	Time1	Time2	Time3	Time4	Time5
Tageszeit	7:00-9:00	9:01-11:00	11:01-13:00	13:01-15:00	15:01-17:00
Beobachtungen	159	519	854	387	109

Abbildung 17 zeigt die *least squares means* (LSMeans) des Merkmals CH₄_allmean in Abhängigkeit von der Tageszeit (Time) in Modell I. Zu sehen ist, dass sich die LSMeans im zeitlichen Tagesverlauf verändern. Je später der Tag, desto geringer sind die LSMeans des Methanmerkmals CH₄_allmean.

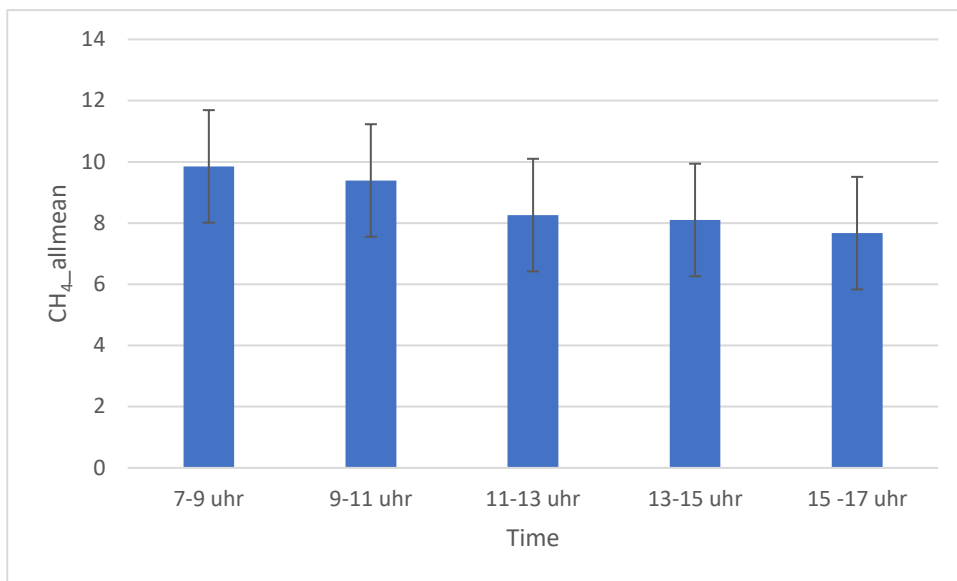


Abbildung 17: Least Squares Means, mit Standardfehler, für das Methanmerkmal $CH_4_allmean$ in Abhängigkeit von verschiedenen Zeitintervallen der Methanmessungen, welche als fixer Effekt „Time“ in Modell I dargestellt sind

4.8.3 Einfluss des Laser-Methan-Detektors und Beobachters

Der kombinierte Effekt aus LMD-Gerät und Beobachter (LMD_Beob) zeigte einen signifikanten Einfluss auf die Methanmerkmale. Einzeln betrachtet waren weder das Gerät noch der Beobachter signifikant, in Kombination jedoch schon.

Abbildung 18 stellt die LSMeans des Merkmals $CH_4_allmean$, in Abhängigkeit zum Effekt LMD_Beob in Modell I, dar. Dabei stehen die Buchstaben „a“ und „b“ für die jeweiligen LMD-Geräte, welche gleichen Modells, jedoch unterschiedlicher Baujahre sind und die Zahlen 1, 2, 3 symbolisieren die unterschiedlichen Personen (Beobachter), welche Methan gemessen haben. Abbildung 18 zeigt, dass die LSMeans für das Methanmerkmal $CH_4_allmean$ für Beobachter „3“ mit LMD „b“ am höchsten ausfallen, wohingegen die LSMeans für Beobachter „1“ mit dem LMD „b“ am niedrigsten ausfallen.

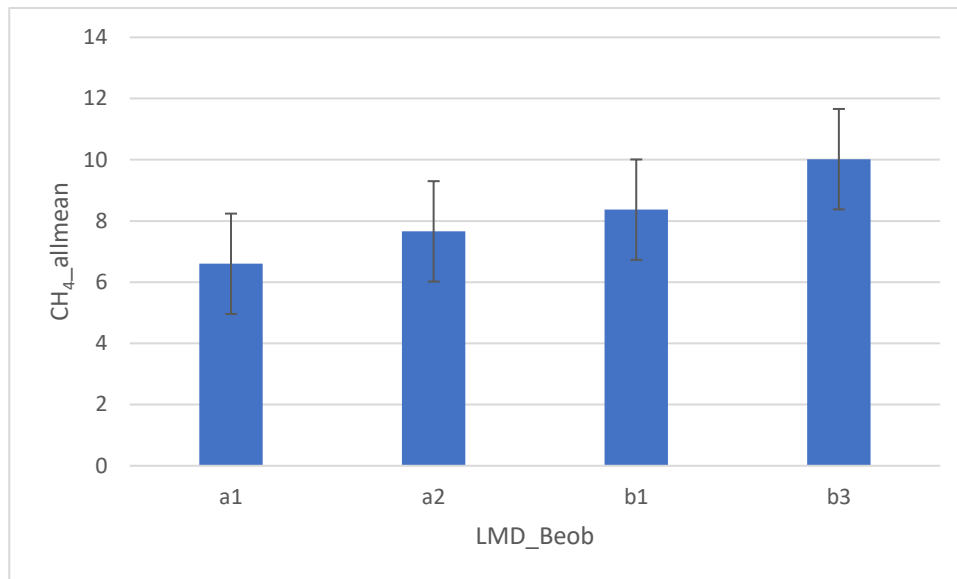


Abbildung 18: Least Squares Means, mit Standardfehler, für das Methanmerkmal $CH_4_{allmean}$ in Abhängigkeit von dem kombinierten fixen Effekt Laser-Methan-Detektor mit Beobachter (LMD_Beob) aus Modell I; wobei die Buchstaben a und b den jeweiligen Laser-Methan-Detektor wiedergeben und die Zahlen 1-3 die Beobachter repräsentieren

Tabelle 38 gibt die Werte der LSMeans und Standardfehler aus Abbildung 18 an. Es sind dementsprechend die LSMeans für das Methanmerkmal $CH_4_{allmean}$ im Bezug zum fixen Effekt LMD_Beob dargestellt. Die Spalte der Signifikanz enthält unterschiedliche Buchstaben, welche einen signifikanten Unterschied in den LSMeans für den Effekt LMD_Beob aufzeigen. Ein signifikanter Unterschied besteht u. a. zwischen den LSMeans der Effekte LMD_Beob „a2“ und „b3“.

Tabelle 38: Least Squares Means und Standardfehler (SE) für das Methanmerkmal $CH_4_{allmean}$ in Abhängigkeit von dem kombinierten fixen Effekt Laser-Methan-Detektor mit Beobachter aus Modell I

LMD_Beob ¹	LSMeans	SE	Signifikanz ²
a1	6,6	1,1	ab
a2	7,6	0,3	a
b1	8,4	0,2	b
b3	10,0	0,2	c

¹LMD_Beob: kombinierter fixer Effekt aus Laser-Methan-Detektor und Beobachter, wobei die Buchstaben a und b den jeweiligen Laser-Methan-Detektor wiedergeben und die Zahlen 1-3 die Beobachter repräsentieren;

²Signifikanz: Mittelwerte mit unterschiedlichen Buchstaben unterscheiden sich signifikant voneinander ($p < 0,05$)

4.8.4 Residuen der Methanmerkmale

Für die weiteren phänotypischen, genetischen und genomischen Analysen wurden die Residuen aus Modell I verwendet. Diese spiegeln die tierabhängigen Unterschiede

in den Methanmerkmalen wider, stellten die Residuen der Methanmerkmale dar und waren auf alle weiteren Modelleffekte korrigiert.

Tabelle 39 zeigt die Zuordnung der Merkmale zu den entsprechenden Residuen-Methanmerkmalen.

Tabelle 39: Definitionen der Methanmerkmale und der aus Modell I resultierenden Residuen, welche als Residuen-Methanmerkmale bezeichnet werden

Merkmalsdefinition	Methanmerkmale		Residuen-Methanmerkmale aus Modell I
<i>Eruption (1. Fraktion)</i>			
Maximalwert	CH ₄ _erucmax	→	resCH ₄ _erucmax
Mittelwert	CH ₄ _erucmean	→	resCH ₄ _erucmean
Summe	CH ₄ _erucsum	→	resCH ₄ _erucsum
<i>Respiration (2. Fraktion)</i>			
Maximalwert	CH ₄ _respmax	→	resCH ₄ _respmax
Mittelwert	CH ₄ _respmean	→	resCH ₄ _respmean
Summe	CH ₄ _respsum	→	resCH ₄ _respsum
<i>Gesamtausstoß (1. & 2. Fraktion)</i>			
Mittelwert	CH ₄ _allmean	→	resCH ₄ _allmean
Summe	CH ₄ _allsum	→	resCH ₄ _allsum

Die deskriptive Statistik der Residuen-Methanmerkmale (vgl. Tbl. 40) zeigte geringe Unterschiede in den Mittelwerten zwischen den Merkmalen, jedoch eine deutliche individuelle Streuung in den Extremwerten Minimum und Maximum.

Tabelle 40: Deskriptive Statistik der Residuen-Methanmerkmale (Mittelwert (MW), Standardabweichung (SD), Minimum (Min.), Maximum (Max.))

Merkmale	MW	Median	SD	Min.	Max.
resCH ₄ _allsum	-0,03	-0,75	16,43	-53,8	112,0
resCH ₄ _allmean	-0,01	-0,10	1,80	5,8	11,0
resCH ₄ _respsum	0,00	-0,77	14,24	-45,0	75,6
resCH ₄ _respmean	0,00	-0,09	1,64	5,3	7,3
resCH ₄ _respmax	0,00	-0,07	2,56	-9,4	18,2
resCH ₄ _erucsum	-0,04	-0,42	9,92	-33,8	95,2
resCH ₄ _erucmean	-0,02	-0,21	3,21	-10,6	29,7
resCH ₄ _erucmax	-0,03	-0,76	5,82	-16,3	72,7

Diese Residuen-Methanmerkmale bildeten die Grundlage für die weiterführenden Analysen in Kapitel II und III.

4.9 Diskussion der methodischen Aufbereitung und der Einflussfaktoren auf die Methanemission

Die Erfassung des Methanausstoßes von Milchkühen mit einem LMD bringt methodische Herausforderungen mit sich. Sowohl die Kurzzeitmessungen als auch die anschließende Datenaufbereitung und Merkmalsberechnung unterliegen zahlreichen Einflussfaktoren, die einen Vergleich zwischen Studien erschweren. Ziel dieser Arbeit war es daher, möglichst tierbezogene Methanmerkmale zu entwickeln, die weitgehend unabhängig von äußeren Einflüssen waren.

4.9.1 Bewertung der Datenaufbereitung

Die Aufbereitung der Rohdaten orientierte sich an den Protokollen von Ricci et al. (2014) und Reintke et al. (2020). Neben der Identifikation von Ruktus-Ereignissen ($\text{CH}_4_{\text{erucent}}$) und der Bestimmung von Peak-Werten wurde die Einteilung der Messwerte in zwei Fraktionen vorgenommen – ein Schritt, der nicht in allen Methanstudien erfolgt ist. Diese Unterteilung berücksichtigte jedoch tierindividuelle Unterschiede und verbesserte die Aussagekraft der Merkmale.

4.9.2 Evaluation der Methodik zur Merkmalsgenerierung

Vier Methoden zur Merkmalsberechnung wurden aus der Literatur übernommen und auf die eigenen Daten angewandt. Die Methode, die die besten Resultate für den eigenen Datensatz lieferte, wurde für die weitere Merkmalsbildung genutzt. Die Anwendung der Methoden zur Merkmalsberechnung beruht auf physiologischen Besonderheiten der Methanproduktion bei Wiederkäuern sowie in den unterschiedlichen Entweichungswegen des Methans, wie in Kapitel 4.1 beschrieben. Hier besonders zu beachten, waren die Unterschiede der Entweichungswege von Methan zwischen Schafen und Rindern (Dougherty & Cook, 1962). Dougherty & Cook (1962) stellten fest, dass der Methanausstoß bei Rindern nicht mit dem beschriebenen Ausstoß von Schafen, nach Murray et al. (1976) und Blaxter & Joyce (1963) übereinstimmt.

Die unterschiedlichen Berechnungsmethoden für Methanmerkmale zeigen, dass bisher keine einheitliche Definition für Methanmerkmale existiert. Dies erschwert eine zusammenfassende Bewertung einzelner Methanmerkmale und den Aufbau größerer, vergleichbarer Datensätze. Für die LMD-Messungen wären eine standardisierte Vorgehensweise nach dem Protokoll von Sorg (2022) sowie eine einheitliche

Merkmalsdefinition wünschenswert, um die Vergleichbarkeit zukünftiger Studien zu verbessern.

4.9.3 Bewertung der Methanmerkmale

Die in dieser Arbeit entwickelten Merkmale waren nur eingeschränkt mit anderen Studien vergleichbar. Am besten stimmten $\text{CH}_4_{\text{allmean}}$ [ppm-m] und $\text{CH}_4_{\text{erucmean}}$ [ppm-m] mit den Merkmalen anderer Autoren überein, da sie dort gleich definiert wurden (Sorg et al. 2018; Mühlbach 2022; Herold 2023). Tabelle 41 zeigt die vergleichbaren Ergebnisse.

Die betrachteten Merkmale aus der Studie von Sorg et al. (2018) waren die Merkmale p_{mean} , welches dem Merkmal $\text{CH}_4_{\text{allmean}}$ entsprach, und erp_{mean} , welches dem Merkmal $\text{CH}_4_{\text{erucmean}}$ entsprach. Die Merkmale aus der Studie von Sorg et al. (2018) wurden mit der Boxplot-Methode berechnet. Mit dem 1,5-fachen IQR erhielten sie für $p_{\text{mean}} = 129$ ppm-m und für $\text{erp}_{\text{mean}} = 350$ ppm-m. Mühlbach (2022) hatte die Merkmale in gleicher Weise wie Sorg et al. (2018) aufbereitet und für das Merkmal p_{mean} , welches dem Merkmal $\text{CH}_4_{\text{allmean}}$ entspricht einen Wert von 120 ppm-m erhalten. Für das Merkmal rp_{mean} , welches mit dem Merkmal $\text{CH}_4_{\text{erucmean}}$ verglichen wurde, berechnete sie 291 ppm-m. Herold (2023) hatte die Methanmerkmale nach Ricci et al. (2014) mit Anwendung einer bimodalen Normalverteilung aufbereitet und erhielt für das Merkmal $\text{allmean} = 114$ ppm-m und für das Merkmal $\text{erucmean} = 278$ ppm-m, basierend auf 356 Beobachtungen. Die Mittelwerte aus der hiesigen Studie ($\text{CH}_4_{\text{allmean}} = 79$ ppm-m; $\text{CH}_4_{\text{erucmean}} = 248$ ppm-m) lagen unter den Werten der anderen genannten Arbeiten. Ursache könnte die abweichende Schwellenwertbildung sein: Hier wurde das 90 %-Quantil als individueller Schwellenwert je Messung verwendet. Diese Methode erwies sich als am besten geeignet für die vorliegenden Daten. Eine Harmonisierung der Daten mehrerer Arbeiten wäre denkbar und könnte im Rahmen einer weiterführenden Untersuchung zur Validierung der hier genutzten Methodik beitragen.

Tabelle 41: Vergleichbare Methanmerkmale, aufgrund gleicher Messmethode (Laser-methan-Detektor), ähnlicher Transkription der Rohwerte zu Methanmerkmalen mit gleicher Eineinheit

Studie	Bezeichnung der Methanmerkmale	Werte der Methanmerkmale [ppm-m]
Sorg et al. (2018)	p_mean	129 ppm-m
Sorg et al. (2018)	erp_mean	350 ppm-m
Mühlbach (2022)	pmean	120 ppm-m
Mühlbach (2022)	rpmean	291 ppm-m
Herold (2023)	allmean	114 ppm-m
Herold (2023)	erucmean	278 ppm-m
Fehmer (2026)	CH ₄ _allmean	79 ppm-m
Fehmer (2026)	CH ₄ _erucmean	248 ppm-m

p_mean, pmean, allmean, CH₄_allmean: Methanmerkmale, aus den Mittelwerten der einzelnen Methanmessungen generiert; erp_mean, rpmean, erucmean, CH₄_erucmean: Methanmerkmale aus den Mittelwerten der definierten Eruptions-Fraktion abgeleitet

Viele Studien geben die Methanproduktion in g/d an. Obwohl diese Werte auf den ersten Blick vergleichbar erscheinen, unterscheiden sich die zugrunde liegenden Berechnungsmethoden teils erheblich. Sorg et al. (2018) entwickelten eine Umrechnungsformel von LMD-Spotmessungen auf die tägliche Methanproduktion, die auf gleichzeitig durchgeführten GF- und LMD-Messungen basierte.

Die Umrechnung wurde anhand der folgenden Formel durchgeführt:

$$CH_4\left(\frac{g}{d}\right) = 150,00(\pm 22,10) + 2,20(\pm 0,07) \times P_{MEAN}(ppm * m)$$

Eine Übertragung auf andere Datensätze wäre jedoch problematisch, da die Werte dieser Formel auf spezifischen Messbedingungen und ausgewählten Tieren basieren. Auch eine Hochrechnung von Spotmessungen auf eine tägliche Methanproduktion setzt eine konstante Emission über 24 Stunden voraus, was aufgrund tageszeitlicher und aktivitätsabhängiger Schwankungen der Methanemissionen nicht gegeben ist (Chagunda et al., 2009b). Eine Hochrechnung von Spotmessungen könnte zu einer Über- bzw. Unterschätzung der Methanproduktion von Rindern führen.

Die Methanmerkmale innerhalb einer Fraktion korrelierten stark miteinander ($r_p = 0,79-0,97$), was auf die gemeinsame Datenbasis zurückzuführen ist. Daher ist eine getrennte Betrachtung aller Merkmale nicht erforderlich. Die Merkmale CH₄_respper und CH₄_erucper wiesen hingegen eine perfekte negative Korrelation ($r = -1$) auf und wurden nur zur Plausibilitätsprüfung eingesetzt. Sie wurden daher für die weiteren Analysen nicht verwendet.

4.9.4 Einflussfaktoren und deren Korrekturpotenzial im statistischen Modell

Zur Berücksichtigung bereits bekannter Einflüsse auf Methanmessungen wurde ein vorangestelltes statistisches Modell (Modell I) entwickelt. Die Messung von Methan im landwirtschaftlichen Kontext kann durch verschiedene Störfaktoren beeinflusst werden, und um deren Auswirkungen auf die nachfolgenden Analysen zu minimieren, wurden diese Einflüsse im Modell I statistisch korrigiert. Ziel dieser Vorgehensweise war es, ausschließlich tierindividuelle Effekte auf die Methanemissionen zu erfassen. Natürlichen Merkmalen, wozu der Methanausstoß von Milchkühen zählt, wird unterstellt, dass sie normalverteilt vorliegen. Die Merkmale in dieser Studie zeigten diese Verteilung nicht. Damit sie dem Verhalten natürlicher Merkmale entsprechen, wurden die Quadratwurzel gezogen. Erst nach diesem Schritt wurden statistische Auswertungen durchgeführt. Diese Anpassung der Methanmerkmale zu normalverteilten Merkmalen wurde in anderen Studien nicht beschrieben. Dies ist demnach ein kritischer Punkt dieser Arbeit. Die besseren Gütekriterien des Modells I sprechen für die Sinnhaftigkeit dieser Vorgehensweise.

Der Einfluss des LMD-Gerätes, sofern mehrere Geräte im Versuchsaufbau verwendet wurden, wurde in einem speziell dafür angelegten Versuchsaufbau durch Sorg et al. (2017a) ermittelt. In dem hier beschriebenen Versuchsaufbau wurden zwei baugleiche LMD-Geräte unterschiedlichen Baujahres verwendet. Sie haben geringgradig unterschiedliche Werte gemessen. Die Korrelation der beiden LMD-Geräte lag bei $r = 0,97$. Die geringgradig abweichenden Messwerte könnten aufgrund eines leichten Drifts des älteren Gerätes zustande gekommen sein. Aufgrund dieser möglichen Unterschiede gleicher Geräte sollten, wie in Kapitel 4.7.1 beschrieben, die verwendeten LMD-Geräte während der jeweiligen Messungen erfasst werden. Auch der Beobachter sollte erfasst werden, hier hat Mühlbach (2022) signifikante Unterschiede ($p < 0,05$) zwischen einzelnen Beobachtern festgestellt.

In dieser Arbeit wurden die verschiedenen Beobachter und die verwendeten LMD-Geräte erfasst. Diese Parameter hatten einzeln keinen signifikanten Einfluss auf die untersuchten Methanmerkmale. Da nicht jeder Beobachter mit jedem LMD-Gerät gemessen hat, wurden sie in Modell I als kombinierter Effekt angewendet. In Abbildung 18 (vgl. Kapitel 4.8.3) sind die LSMeans für das Merkmal LMD_Beob dargestellt. Die Ergebnisse bestätigen den signifikanten Einfluss von Beobachter und LMD-Gerät auf die Methanmessungen. Dies könnte daran liegen, dass beide Effekte

zusammengenommen ihren Einfluss im Modell verstärken, sodass es zu einer Signifikanz dieses Effektes kommt. Es ist zu beachten, dass die Kategorien des Merkmals LMD_Beob unterschiedlich stark besetzt sind, was die beobachteten Unterschiede teilweise verstärken könnte. Abgesehen vom Merkmal „a1“ fielen die Standardfehler gering aus. Dies deutet auf eine hohe Reproduzierbarkeit der Schätzwerte hin, die auch bei erhöhter Stichprobenanzahl eine hohe Stabilität aufweisen.

Die drei Klimaparameter wurden in Modell I berücksichtigt, obwohl einzeln getestet nur der Effekt Wind als Kovariable einen signifikanten Einfluss ($p < 0,05$) auf die Methanmessungen hatte und auch negativ mit den Methanemissionen korrelierte ($r = -0,24$). Ein signifikanter Zusammenhang zwischen Methan und der Windgeschwindigkeit wird auch in anderen Studien bestätigt (Mühlbach, 2022; Chagunda et al., 2013). Die Modellgüte von Modell I wurde jedoch durch das Verwenden aller drei Klimaparameter verbessert, was auf eine Interaktion dieser Effekte hindeutet und weswegen alle drei Effekte als interagierende Polynomfunktionen im Modell I verblieben sind. Der Vorteil, die Merkmale in einer Polynomfunktion auszudrücken, anstatt als Kovariable, welche einen linearen Verlauf des Merkmals voraussetzt, liegt darin, dass Polynomfunktionen höheren Grades (z. B. 4. Grades) nicht lineare Zusammenhänge zwischen einer kontinuierlichen unabhängigen und der abhängigen Variable (Methan) besser darstellen können. Der Verlauf der Klimaparameter konnte so flexibler und besser angepasst an die tatsächlichen Daten reflektiert werden.

Die Durchschnittswerte der Klimaparameter sind in Kapitel 4.8.1 beschrieben. Betrieb 7 wies mit $6,15^{\circ}\text{C}$ die niedrigste Durchschnittstemperatur auf. Da dieser Betrieb aufgrund betrieblicher Gegebenheiten ausschließlich in den Wintermonaten beprobt werden konnte, erklärt sich die niedrige Durchschnittstemperatur. Für eine homogenere Datengrundlage wäre eine Verteilung der Betriebsbesuche auf mindestens zwei verschiedene Jahreszeiten zielführender gewesen.

Betrieb 8 zeigte mit $0,07 \text{ m/s}$ die geringste Windgeschwindigkeit. Dies lässt sich auf die zum Zeitpunkt der Messungen bestehende Haltungsform zurückführen: Die Tiere wurden in einem geschlossenen Altgebäude in Anbindehaltung gehalten. Wünschenswert wäre eine Wiederholung der Messungen im neu errichteten Kompostierungsstall gewesen, um die Umwelteinflüsse auf die Methanmessungen zu relativieren. Wiederholte Beobachtungen derselben Tiere unter unterschiedlichen

Haltungsbedingungen hätten zudem eine solide Grundlage zur Identifikation genetischer Einflüsse geschaffen. Die höchste Windgeschwindigkeit wurde mit 0,84 m/s in Betrieb 3 gemessen. Ursache hierfür könnte die bauliche Situation sein, da der Futtertisch in diesem Betrieb an der Außenseite des Stallgebäudes lag und somit keinem Witterungsschutz durch Wände oder Dach vorlag. Die niedrigste Luftfeuchtigkeit wurde in Betrieb 6 festgestellt. Diese Beobachtung lässt sich vermutlich auf die Tageszeit der Messungen zurückführen: Aufgrund betrieblicher Abläufe fanden die Erhebungen dort erst ab den Mittagsstunden statt, zu denen die Luftfeuchtigkeit typischerweise am geringsten ist.

Für die Temperatur konnte keine Korrelation mit den Methanmerkmalen festgestellt werden. Ein denkbares Szenario wäre dennoch, dass mit steigender Temperatur die Aktivität der Kühe abnimmt, was zu einer reduzierten Futteraufnahme und folglich zu einer geringeren Fermentationsleistung des Pansens sowie einer verminderten Methanproduktion führen könnte (Ngwabie et al., 2011; Silanikove, 2000). Dem entgegen stehen jedoch die in vielen Betrieben etablierten Hitzeschutzmaßnahmen, wie Ventilatoren oder Sprinkleranlagen, die häufig in der Nähe des Futtertisches installiert sind. Diese führen zu einer erhöhten Anlaufhäufigkeit der Tiere am Futtertisch und tragen dazu bei, eine ausreichende Futteraufnahme sicherzustellen. Dies ist von Bedeutung, um Energiedefizite, mögliche Stoffwechselstörungen und damit einhergehende Leistungseinbußen an heißen Tagen zu vermeiden.

Die negative Korrelation der Methanmerkmale mit der Windgeschwindigkeit lässt sich durch die erhöhte Luftaustauschrate erklären, die mit steigender Windgeschwindigkeit einhergeht. Bei hoher Windgeschwindigkeit kommt es zu einem verstärkten Diffusionseffekt mit der Umgebungsluft, wodurch der Hintergrundmethanwert sinkt. Lüftungssysteme mit hoher Luftaustauschrate tragen nicht nur zur Reduktion von Treibhausgasemissionen bei, sondern verbessern zugleich das Stallklima. Wie Joo et al. (2015) zeigen, beeinflusst die Luftzirkulation in natürlich belüfteten Laufställen maßgeblich die Konzentration klimarelevanter Gase. In geschlossenen Ställen mit geringer Luftbewegung hingegen kann sich Methan stärker in der Stallluft anreichern. Dies war beispielsweise in Betrieb 8 der Fall, bei dem die Messungen in einem dreiseitig geschlossenen Altgebäude mit niedrigen Decken durchgeführt wurden (Joo et al., 2015; Wu, 2016).

Die Tageszeit als äußerer Einflussfaktor auf die Methanmessungen spielt eine doppelte Rolle: Zum einen ermöglicht sie die Beobachtung des tageszeitlichen

Verlaufs der Methanwerte, zum anderen sind die Klimaparameter eng mit der Tageszeit verknüpft. Dieser Zusammenhang wurde im Modell I durch die Einbeziehung des Effektes der Tageszeit berücksichtigt. Die Messungen erfolgten stets zwischen zwei Melkzeiten und überwiegend nach der Frischfuttermvorlage. In der vorliegenden Arbeit zeigte sich, dass die Methanwerte mit zunehmender Tageszeit geringfügig abnahmen (vgl. Abb. 17).

Bell et al. (2018) konnten in ihren Untersuchungen kein tageszeitliches Muster der Methanemissionen feststellen; bei konstantem Fütterungsregime blieben die Emissionen über den Tagesverlauf hinweg weitgehend stabil. Im Gegensatz dazu beobachteten Eckert et al. (2018) ein ausgeprägtes tageszeitliches Muster: Die Methanemissionen waren in den frühen Morgenstunden (05:00-09:00 Uhr) am niedrigsten und erreichten ihren Höhepunkt zwischen 17:00 und 21:00 Uhr. Nach ihren Ergebnissen hängt der Verlauf der Methanemissionen im Tagesverlauf maßgeblich von Zeitpunkt, Häufigkeit und Menge der Futteraufnahme ab. Aufgrund dieser Vielzahl an Einflussfaktoren besteht jedoch kein übergeordneter Effekt auf die durchschnittlichen täglichen CH₄-Emissionen (Eckert et al., 2018).

Die in dieser Arbeit beobachteten geringen tageszeitlichen Veränderungen der Methanwerte könnten darauf zurückzuführen sein, dass die Kühe in den Morgenstunden nach der Frischfuttermvorlage tendenziell mehr Futter aufnehmen als im weiteren Tagesverlauf, was einen leichten Anstieg der Methanemissionen am Morgen erklären würde. Insgesamt sind die tageszeitlichen Schwankungen jedoch gering, da in allen beteiligten Betrieben eine ad-libitum-Fütterung praktiziert wurde. Dadurch stand den Kühen rund um die Uhr Futter zur Verfügung, was eine gleichmäßige Futteraufnahme über den Tag hinweg begünstigt und somit die Beobachtungen von Bell et al. (2018) sowie Eckert et al. (2018) stützt.

Im Gegensatz dazu zeigen andere Studien, dass Methanemissionen von Rindern einem tageszeitlichen Verlauf folgen, der eng mit dem Zeitpunkt der Futteraufnahme verknüpft ist. Diese Arbeiten berichten, dass der Methanausstoß nach der Futteraufnahme deutlich ansteigt und nach etwa ein bis zwei Stunden ein Maximum erreicht (Wang et al., 2015). Dieses sogenannte „postprandiale Emissionsmaximum“ wurde auch durch Modelle der Verdauungsphysiologie bestätigt, die den zeitlichen Verlauf der Pansenfermentation simulieren (Crompton et al., 2010). Letztere zeigten, dass die Methanproduktion etwa zwei bis vier Stunden nach der Fütterung ihren

Höhepunkt erreicht, was auf die mikrobielle Aktivität und die Passagegeschwindigkeit des Futters im Pansen zurückgeführt wird (Crompton et al., 2010).

Die bereits genannten Effekte Windgeschwindigkeit (Wind), Temperatur (Temp), Luftfeuchtigkeit (H), Tageszeit (Time) sowie der kombinierte Effekt aus LMD-Gerät und Beobachter (LMD_Beob) zeigten alle einen signifikanten Einfluss auf die berechneten Methanmerkmale. Im Gegensatz dazu hatte der Abstand zwischen LMD-Gerät und Flotzmaul der Kuh keinen signifikanten Einfluss. Ein Messabstand im Bereich von 0,4 bis 2,5 m beeinflusste die Messergebnisse nicht signifikant. Der Auftreffwinkel des Laserstrahls auf das Flotzmaul hingegen wurde in der Studie von Sorg et al. (2017a) als signifikanter Einflussfaktor beschrieben. In der vorliegenden Arbeit konnte der Auftreffwinkel nicht berücksichtigt werden, was als methodische Limitation zu bewerten ist. Aufgrund der praktischen Gegebenheiten während der Datenerhebung sowie der hohen Anzahl an Einzelmessungen war es nicht möglich, die jeweiligen Messwinkel systematisch zu erfassen und den entsprechenden Methanmesswerten eindeutig zuzuordnen. Entsprechend standen keine Daten zur Winkelkorrektur für die Integration in Modell I zur Verfügung. Der Auftreffwinkel des Laserstrahls beeinflusst nachweislich die Größe der erfassten Methanwolke vor dem Flotzmaul und kann dadurch zu systematischen Messabweichungen führen, insbesondere zu einer potenziellen Unterschätzung der tatsächlichen Methanproduktion. Mehrere Studien betonen daher die Bedeutung einer standardisierten Erfassung des Messwinkels, insbesondere bei LMD-Messungen, die naturgemäß anfälliger für äußere Störeinflüsse sind als stationäre Messverfahren wie Sniffer- oder Kopfboxsysteme (Garnsworthy et al., 2012).

4.9.5 Reflexion der Residuen-Methanmerkmale

In dieser Arbeit wurde entschieden, die weiteren statistischen Analysen auf Basis der Residuen der Methanmerkmale durchzuführen. Residuen beschreiben die Differenz zwischen den beobachteten Werten und den durch das Modell vorhergesagten Werten (*predicted values*) und geben somit die Abweichung zwischen den tatsächlichen Datenpunkten und den durch Modell I erklärten Werten an. Sie enthalten demnach den Anteil der Messwerte, welche durch die in Modell I berücksichtigten Effekte nicht erklärt werden konnten.

Modell I erfasste vordergründig Faktoren, die die Methanmessung beeinflussen und zu variierenden Messwerten führen könnten und welche nicht durch das Tier selbst

verursacht wurden. Ziel der Verwendung der Residuen war es daher, die tierbezogenen Methanwerte zu isolieren, die nicht durch äußere Einflüsse moduliert werden. Dadurch können die unterschiedlichen Messwerte auf die individuelle Methanproduktion der Tiere zurückgeführt werden.

Die Residuen aus Modell I stellen neue Methanphänotypen dar, welche um die Effekte aus Modell I bereits korrigiert wurden. Die neuen Methanphänotypen sind demnach bereits um die Effekte, die in Modell I eingeflossen sind, korrigiert. Die Begründung für diese Vorgehensweise und damit für die Verwendung der Residuen als Methanmerkmale, liegt darin, dass durch die Vorkorrektur Umwelteinflüsse bereits berücksichtigt wurden und für die genetischen Analysen die verbleibende Varianz, welche vorwiegend die genetischen Unterschiede enthält, verwendet wurde. Eine Überschätzung der Umweltvarianz wird vermieden und somit kann eine präzisere Bestimmung des genetischen Anteils der Merkmale erfolgen. Ein weiterer Vorteil ist, dass das Modell für die genetischen Analysen „schlanker“ ausfallen kann, weil die Effekte aus dem Vorkorrektur-Modell nicht mehr berücksichtigt werden müssen. Für die Berechnung der genomischen Assoziationen ist die Verwendung von Residuen sinnvoll, da dadurch eindeutig der Fokus auf der Schätzung der additiv-genetischen Varianz liegt. Des Weiteren wurden auch in anderen Studien Residuen für statistische Analysen von Methan herangezogen, beispielsweise von Donoghue et al. (2013, 2016) und Richardson et al. (2021).

5 Kapitel II: Phänotypische und genetische Analysen der Methanmerkmale

Die in Abschnitt 4.8.3 von Kapitel I entwickelten Methanmerkmale in Form der Residuen dienen in diesem Kapitel als Grundlage für die Analyse ihrer phänotypischen Beziehungen und die Schätzung ihrer genetischen Parameter. Insgesamt flossen 2.028 Beobachtungen von 1.371 Tieren in die nachfolgenden statistischen Modelle ein, um die individuelle Variabilität und das genetische Potenzial der Methanproduktion zu untersuchen.

5.1 Analyse potenzieller Einflussgrößen auf die Methanmerkmale

Für die Entwicklung des statistischen Modells, um die phänotypischen Beziehungen der Methanemissionen zu evaluieren, wurden verschiedene unabhängige Variablen getestet, welche in diesem Kapitel beschrieben werden.

In einem ersten Schritt wurden einzelne Effekte mithilfe eines Welch-t-Tests auf Signifikanz geprüft.

Die Rationen der untersuchten Tiere wurden zunächst nach Energiegehalt in drei Stufen eingeteilt:

- Ration 1: TMR mit hohem Energiegehalt, für hochleistende Kühe.
- Ration 2: PMR mit individueller Kraftfuttergabe, angepasst an die Milchleistung.
- Ration 3: Ration mit niedrigem Energiegehalt, auf Gras bzw. Grassilage basierend, geeignet auch für trockenstehende Kühe.

Ferner wurden zwei Sonderfütterungen, nur für die Welch-t-Tests innerhalb der Betriebe, berücksichtigt:

- Ration 4: Spezielle Fütterung in Betrieb 2, stickstoff- und phosphorreduziert.
- Ration 5: Sommerfütterung in Betrieb 1, bei der die Kühe anstelle einer PMR nur frisches Gras erhielten.

Abbildung 19 zeigt die Verteilung des Merkmals $\text{resCH}_4_{\text{allmean}}$ als Boxplot in Abhängigkeit der fünf beschriebenen Rationen. Die Anzahl der Beobachtungen je Ration ist in Tabelle 42 dargestellt. Erkennbar war, dass Kühe, die TMR (Ration 1) bekamen mit 1.042 Beobachtungen am häufigsten untersucht wurden.

Ration 3 wurde in den Betrieben 5, 8 und 11 gefüttert sowie an trockenstehende Kühe in Betrieb 2.

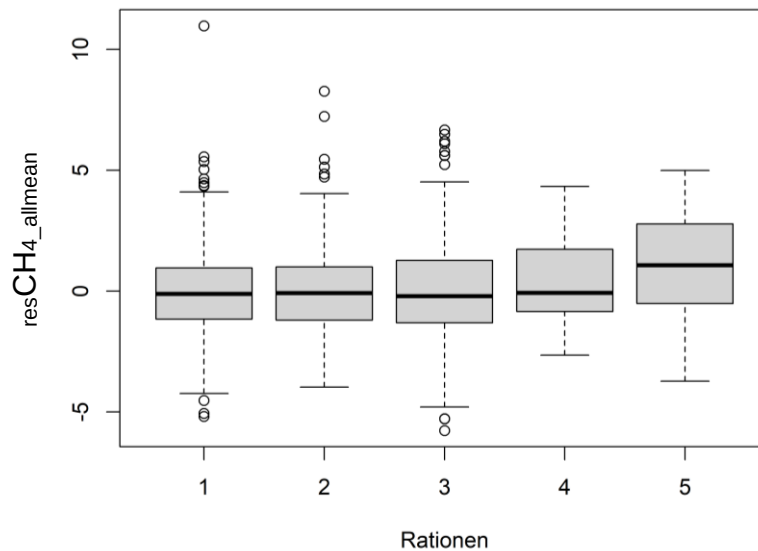


Abbildung 19: Unterschiedliche Ausprägung des Methanmerkmals $resCH_4_{allmean}$ in Abhängigkeit von dem Effekt Ration (1 = hohe Energieration, 2 = mittlere Energieration, 3 = niedrige Energieration, 4 = Stickstoff und Phosphor reduzierte Ration, 5 = Frischgrasfütterung), dargestellt als Boxplotvergleich

Tabelle 42: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) pro Ration

Ration ¹	Beobachtungen
1	1.042
2	388
3	462
4	64
5	72

¹Ration: 1 = hohe Energieration, 2 = mittlere Energieration, 3 = niedrige Energieration, 4 = Stickstoff und Phosphor reduzierte Ration, 5 = Frischgrasfütterung

Als weiterer Effekt wurde die Laktationsnummer (LA) der Kühe betrachtet. Diese wurde in drei Klassen eingeteilt, wobei die 1. Klasse Tiere der 1. Laktation enthielt, die 2. Klasse Tiere der 2. Laktation und die 3. Klasse alle Tiere berücksichtigte, die sich zum Zeitpunkt der Methanmessung in der 3.-14. Laktation befanden.

Die Verteilung der Beobachtungen der Methanmessungen für LA ist in Tabelle 43 dargestellt, wobei die 3. Klasse am stärksten besetzt ist.

Tabelle 43: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) für die Laktationsnummer

Laktationsnummer	Beobachtungen
1	559
2	534
≥ 3-14	935

Die Laktationstage (DIM_CH₄) wurden als fixer Effekt in vier Klassen eingeteilt. Wobei die Klassengrenzen wie folgt gesetzt wurden: Klasse 1: 5-100 Laktationstage, Klasse 2: 101-200 Laktationstage, Klasse 3: 201-300 Laktationstage und Klasse 4: > 300 Laktationstage. Die Anzahl der Laktationstage bezog sich immer auf den Tag der Methanmessung, nicht auf den Tag an dem die MLP durchgeführt wurde. Die Anzahl der Methanmessungen je Klasse wird in Tabelle 44 gezeigt. Die meisten Beobachtungen wurden an frischmelkenden Kühen (Klasse 1) durchgeführt.

Tabelle 44: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) der Laktationstage zum Zeitpunkt der Methanmessung, eingeteilt in Klassen

Klasse	Grenzen	Beobachtungen
1	5-100 Laktationstage	789
2	101-200 Laktationstage	489
3	201-300 Laktationstage	495
4	> 300 Laktationstage	255

Der Laktationsstatus (TS) der Tiere, beinhaltet laktierende, trockenstehende oder bisher nicht laktierende (Färsen) Tiere (vgl. Tbl. 45). Der Einfluss des TS wurde als fixer Effekt für die Erstellung des statistischen Modells (Model II) verwendet.

Tabelle 45: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) für den Laktationsstatus der untersuchten Tiere

TS	Beobachtungen
Laktierende Kühe	1.894
Trockenstehende Kühe und Färsen	134

Ebenso wurde die Rasse als Einflussgröße untersucht. Es wurden vorwiegend die Rassen HF und DSN untersucht. Die Anzahl der Methanmessungen je Rasse wird in Tabelle 46 gezeigt. Die Rasse HF ist mit 1.223 Beobachtungen am stärksten vertreten.

Tabelle 46: Verteilung der Methanmessungen (Beobachtungen) je Rasse

Rasse	Beobachtungen
HF	1.223
DSN	687
Angler Rotvieh	16
Kreuzungstiere	102

Das Kalbejahr (KJ) der Kühe, welches dem Jahr der letzten Abkalbung entsprach, wurde als fixer Effekt codiert. Phänotypisiert wurden Kühe mit Abkalbungen von 2017-2021, wobei die meisten Beobachtungen auf die Abkalbejahre 2019 und 2020 entfielen (vgl. Tbl. 47).

Tabelle 47: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) für das Kalbejahr (KJ), welches den Abkalbungen in den Jahren 2017-2021 entspricht

Kalbejahr	Beobachtungen
2017	91
2018	495
2019	606
2020	822
2021	14

Aufgrund der unterschiedlichen Jahreszeiten der Methanmessungen und der ungleichmäßigen Verteilung der Messungen über die Betriebe hinweg wurde der Effekt des Betriebes in Kombination mit der Saison (Betrieb*Saison) als fixer Effekt der Zeitgefährtengruppe ZGG_S modelliert. Diese Gruppe setzte sich aus 19 Klassen zusammen, wobei die Saison entsprechend definiert wurde: 1 = Winter, 2 = Frühling, 3 = Sommer, 4 = Herbst.

Das Kalbealter (KA) gab das Alter der Tiere bei ihrer letzten zurückliegenden Abkalbung in Bezug auf den Tag der Methanmessung an. Dieser Effekt wurde als Kovariable in Monaten angegeben. Das KA der Kühe lag zwischen 19 Monaten und 189 Monaten, wobei das durchschnittliche KA 50 Monate betrug.

Alle gängigen Produktionsmerkmale wurden ebenfalls als unabhängige Variablen getestet, sowohl als Kovariable wie auch als fixer Effekt.

Die Milchmenge der Testtage [kg] (Mkg_class) wurde als fixer Effekt in vier Klassen eingeteilt. Tabelle 48 enthält die Beobachtungszahlen für die Methanmessungen verteilt auf die jeweiligen Klassen und die Grenzen (Milchmenge in kg) der einzelnen Klassen. Die 1. Klasse enthält 516 Beobachtungen von Kühen mit einer täglichen Milchleistung von bis zu 20 kg Milch. Die 2. Klasse enthält 686 Beobachtungen von Kühen mit einer Milchleistung von > 20-30 kg Milch und ist die am stärksten besetzte Klasse. Die 3. Klasse enthält 443 Beobachtungen von Kühen, die > 30-40 kg Milch pro Tag produzieren, und die 4. Klasse enthält 383 Beobachtungen von Kühen, die mehr als 40 kg Milch pro Tag produzierten.

Tabelle 48: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) für die tägliche Milchmenge, mit entsprechenden Grenzen zur Klasseneinteilung

Klasse	Grenzen [kg]	Beobachtungen
1	≤ 20 kg	516
2	> 20-30 kg	686
3	> 30-40 kg	443
4	> 40 kg	383

Die Milchmenge (Mkg) und die energiekorrigierte Milchmenge (ECM) wurden des Weiteren als Kovariablen getestet und waren im nachfolgenden Modell (Modell II) signifikant ($p < 0,05$). In Tabelle 49 sind der Mittelwert, der Minimal- und Maximalwert für die beiden o.g. Effekte angegeben. Die Werte unterschieden sich geringfügig, aufgrund der etwas unterschiedlichen Definition der Effekte. Der Mittelwert für Mkg lag bei 27,9 kg und für ECM bei 28,9 kg. Der Minimalwert lag für Mkg bei 4,1 kg und für ECM bei 4,0 kg und der Maximalwert für Mkg bei 68,1 kg respektive für ECM bei 68,5 kg.

Tabelle 49: Deskriptive Statistik: Mittelwert (MW), Minimum (Min.) und Maximum (Max.) der Kovariablen Mkg und ECM in [kg]

Kovariablen	MW	Min.	Max.
Mkg ¹ [kg]	28,8	4,1	68,1
ECM ² [kg]	27,9	4,0	68,5

¹Mkg: Milchmenge; ²ECM: Energiekorrigierte Milchmenge

Das Produktionsmerkmal Fettmenge (Fkg), welches mit folgender Formel bestimmt wird:

$$\text{Fettmenge (kg)} = \frac{\text{tägliche Milchmenge (kg)} \times \text{Fettgehalt (\%)}}{100}$$

und das Produktionsmerkmal Fettgehalt [%] (FPr), welcher im Zuge der MLP mittels Infrarotspektroskopie bestimmt wird, wurden als fixe Effekte in Klassen eingeteilt. Die Klasseneinteilungen sind den Tabellen 50 und 51 zu entnehmen.

Tabelle 50: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) für die Fettmenge [kg] mit entsprechenden Grenzen der Klasseneinteilung

Klasse	Grenzen [kg]	Beobachtungen
1	< 1 kg	766
2	1,1-2 kg	1.104
3	> 2 kg	158

Tabelle 51: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) für den Fettgehalt [%] mit entsprechenden Grenzen zur Klasseneinteilung

Klasse	Grenzen [%]	Beobachtungen
1	≤ 4,25 %	966
2	> 4,25 %	1.062

Das Produktionsmerkmal Proteinmenge (Pkg) wird über folgende Formel bestimmt:

$$Proteinmenge (kg) = \frac{\text{tägliche Milchmenge (kg)} \times \text{Proteingehalt (\%)}}{100}$$

Und das Produktionsmerkmal Proteingehalt [%] (PPr), welches ebenfalls über Infrarotspektroskopie ermittelt wird, wurden als fixe Effekte in Klassen eingeteilt. Die Einteilungen sind in den Tabellen 52 und 53 dargestellt.

Tabelle 52: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) für den Proteinmenge [kg] mit entsprechenden Grenzen zur Klasseneinteilung

Klasse	Grenzen [kg]	Beobachtungen
1	≤ 0,75 kg	556
2	0,76-1,50 kg	990
3	> 1,50 kg	482

Tabelle 53: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) für den Proteingehalt [%] mit entsprechenden Grenzen zur Klasseneinteilung

Klasse	Grenzen [%]	Beobachtungen
1	≤ 3 %	255
2	3,1-3,5 %	778
3	> 3,5-4 %	679
4	> 4 %	316

Das Merkmal Fett-Eiweiß-Quotient (FEQ) zählt nicht zu den klassischen Produktionsmerkmalen, auch wenn es aus zwei Produktionsmerkmalen (FPr und PPr) generiert wird. Schließlich wurde der FEQ als Gesundheitsindikator betrachtet. Er wurde in drei Klassen eingeteilt, wobei Klasse 1 (< 1,2) auf eine mögliche Azidose hinweist, Klasse 2 (1,2-1,5) stoffwechselgesunde Kühe umfasst und Klasse 3 (> 1,5) auf eine katabole Stoffwechsellage bzw. Ketose hindeutet (vgl. Tbl. 54) (Klein et al., 2020).

Tabelle 54: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) für den Fett-Eiweiß-Quotienten mit entsprechenden Grenzen zur Klasseneinteilung

Klasse	Grenzen	Beobachtungen
1	< 1,2	510
2	1,2-1,5	1.310
3	> 1,5	208

5.2 Spezifikation des statistischen Modells zu Methanemissionen

In diesem Kapitel wird das statistische Modell (Modell II) zur Untersuchung der Methanemissionen, welche durch die generierten Residuen-Methanmerkmale repräsentiert wurden, beschrieben. Ziel war es, den Einfluss verschiedener unabhängiger Variablen, insbesondere produktionsbezogener Merkmale, auf die Residuen-Methanmerkmale zu analysieren. Hierzu wurden potenziell relevante Einflussgrößen theoretisch begründet (vgl. Kapitel 5.1) und in das Modell integriert. Anschließend erfolgte eine schrittweise Modellselektion, um ein erklärungskräftiges und zugleich parsimonisches Modell zu identifizieren.

Das finale Modell umfasste ausschließlich signifikante Effekte und bildete die Grundlage für die nachfolgende Interpretation der zentralen Einflussfaktoren auf die Methanemissionen. Für die Modellierung wurde die Funktion `lme4::lmer` (Version 3.1.3) in R (Version 4.0) verwendet. Das resultierende Modell war ein univariat, linear gemischtes Modell (Modell II).

Modell II wurde durch schrittweise Eliminierung nicht signifikanter Effekte ($p > 0,05$) unter Berücksichtigung der Modellgütekriterien erstellt. Dabei wurden insbesondere der AIC-Wert sowie die Residual Sum of Squares (RSS) als zentrale Kennzahlen herangezogen. Der RSS-Wert beschreibt die Ungenauigkeit des Modells und erfasst die Streuung der Beobachtungswerte um die durch das Modell vorhergesagten Werte. Ein niedriger RSS-Wert weist auf eine gute Anpassung des Modells hin, da die Abweichungen zwischen beobachteten und geschätzten Werten gering sind. Die p-Werte wurden mithilfe eines Wald-Chi²-Tests (Type-III-ANOVA) ermittelt.

Alle in Kapitel 5.1 beschriebenen Einflussgrößen wurden zunächst auf Signifikanz getestet. Zusätzlich wurden Betrieb, Saison der Methanmessung, Laktationstage als Kovariable sowie das Alter der Kühe in Monaten und Jahren als potenzielle Einflussgrößen berücksichtigt. Diese Merkmale zeigten jedoch keinen signifikanten Einfluss und wurden daher nicht in Modell II aufgenommen.

Im finalen Modell II wurden die folgenden Effekte aufgrund ihrer Signifikanz berücksichtigt: Laktationsnummer (LA), Kalbealter (KA), Kalbejahr (KJ),

Zeitgefährtengruppe (ZGG_S) (definiert als Kombination aus Betrieb und Saison), Laktationsstatus (TS) sowie Fütterung (R).

Darüber hinaus wurden Produktionsmerkmale einzeln in das Modell aufgenommen und auf Signifikanz überprüft. Hierbei zeigten die Effekte Milchmenge (Mkg) und energiekorrigierte Milchmenge (ECM), jeweils als Kovariablen modelliert, einen signifikanten Einfluss auf die Methanemissionen.

Auf Grundlage des beschriebenen Modellierungsprozesses ergab sich folgendes univariates, linear gemischtes Modell (Modell II):

$$Y_{ijklmnop} = \mu + KA_i + LA_j + ZGG_S_k + KJ_l + TS_m + R_n + X_o + A_p + e_{ijklmnop}$$

mit

$y_{ijklmnop}$	=	Residuen-Methanmerkmale (resCH ₄ _allmean, resCH ₄ _allsum, resCH ₄ _respmean, resCH ₄ _respmean, resCH ₄ _respsum, resCH ₄ _respmax, resCH ₄ _erucmean, resCH ₄ _erucsum, resCH ₄ _erucmax)
μ	=	Allgemeiner Mittelwert
KA_i	=	Kovariablen Kalbealter in Monaten
LA_j	=	Fixer Effekt der j-ten Laktationsnummer (3 Klassen)
ZGG_S_k	=	Fixer Effekt der k-ten Zeitgefährtengruppe aus Betrieb*Saison in der CH ₄ gemessen wurde (19 Klassen)
KJ_l	=	Fixer Effekt des l-en Kalbejahres (5 Klassen)
TS_m	=	Fixer Effekt des m-ten Laktationsstatus (2 Klassen)
R_n	=	Fixer Effekt der n-ten Fütterung (3 Klassen)
X_o	=	Effekte der Zuchtzielmerkmale, die signifikanten Einfluss auf die Methanmerkmale hatten (Mkg als Kovariable, ECM als Kovariable) und FEQ
A_p	=	Tier als zufälliger Effekt
$e_{ijklmnop}$	=	Zufälliger Resteffekt

Nach der Ermittlung signifikanter Einflussgrößen auf die Methanemissionen folgt im nächsten Kapitel die Untersuchung des umgekehrten Zusammenhangs: Es wurde analysiert, inwieweit die Methanemissionen selbst als erklärende Variable auf produktionsrelevante Merkmale wirkten. Diese Betrachtung diente der Bewertung potenzieller Zielkonflikte zwischen Emissionsminderung und Leistungsfähigkeit der Milchkühe.

5.3 Phänotypische Zusammenhänge zwischen Methanmerkmalen und Produktionsmerkmalen

Zur Untersuchung des Einflusses der Methanemissionen auf produktionsrelevante Merkmale wurden die aus Modell I generierten Residuen der Methanmerkmale als Kovariablen in einem weiteren linearen, gemischten Modell (Modell III) berücksichtigt. Ziel war es, mögliche Zusammenhänge zwischen den Methanmerkmalen und den gängigen Produktionsparametern sowie den Gesundheitsindikatoren FEQ und SCS zu quantifizieren.

Für die Modellierung der Produktionsmerkmale (Modell III) wurde die Zeitgefährtengruppe entsprechend angepasst. Anstelle der Saison, in der die Methanmessung erfolgte, wurde der Testtag, an dem die Produktionsdaten erhoben wurden, berücksichtigt. Daraus ergab sich der kombinierte fixe Effekt Betrieb $\times$ Testtag (ZGG_TT). Das Merkmal ZGG_TT umfasst die zehn Betriebe und 69 verschiedene Testtage, wodurch insgesamt 81 Klassen entstanden.

Die Laktationstage wurden ebenfalls auf den Testtag bezogen und als Merkmal DIM_TT im Modell als fixer Effekt in vier Klassen eingeteilt.

Zusätzlich wurde der zeitliche Abstand zwischen Methanmessung und Milchleistungsprüfung (MLP-Testtag) als Kovariable in Tagen in das Modell aufgenommen (Differenz, D). Dieser Abstand beschrieb die zeitliche Differenz zwischen den beiden Messereignissen. Die maximale Differenz betrug 38 Tage, bei 52 Beobachtungen erfolgten Methanmessung und MLP-Test am selben Tag. Der durchschnittliche Abstand zwischen beiden Messungen lag bei 7 Tagen.

5.3.1 Modellierung des Einflusses der Methanemission auf die Produktionsmerkmale

Zur Analyse des Einflusses der Methanmerkmale auf Produktions- und Gesundheitsmerkmale wurde ein univariates, lineares gemischtes Modell verwendet. Die Modellschätzung erfolgte mit der Funktion lme4::lmer (Version 3.1.3) in R (Version 4.0). Es wurden alle Methanmerkmale in Kombination mit allen Produktions- und Gesundheitsmerkmalen getestet.

Das statistische Modell (Modell III) wurde durch folgende Gleichung beschrieben:

$$Y_{ijklmn} = \mu + M_i + D_j + DIM_TT_k + LA_l + ZGG_TT_m + A_n + e_{ijklmn}$$

mit

y_{ijklmn}	=	FEQ, SCS, PPr, Pkg, FPr, Fkg, Mkg, ECM
μ	=	Allgemeiner Mittelwert
M_i	=	Residuen-Methanmerkmale
D_j	=	Kovariable Differenz in Tagen
DIM_TT_k	=	Fixer Effekt der l-ten Laktationstage (4 Klassen)
LA_l	=	Fixer Effekt der m-ten Laktationsnummer (3 Klassen)
ZGG_TT_m	=	Fixer Effekt der n-ten Zeitgefährtengruppe aus Betrieb*Testtag (81 Klassen)
A_n	=	Tier als zufälliger Effekt
e_{ijklmn}	=	Zufälliger Resteffekt

Neben den Produktionsmerkmalen stellten auch Fruchtbarkeitsparameter wichtige Indikatoren für die physiologische Leistungsfähigkeit und das energetische Gleichgewicht von Milchkühen dar. Um den möglichen Zusammenhang zwischen Methanemissionen und reproduktiven Leistungen zu untersuchen, wurde ergänzend ein weiteres Modell entwickelt. In diesem wurden die Residuen der Methanmerkmale als erklärende Variablen für ausgewählte Fruchtbarkeitsmerkmale herangezogen. Ziel war es, zu prüfen, ob die individuellen Unterschiede in der Methanproduktion mit reproduktionsbiologisch relevanten Kenngrößen in Beziehung stehen.

5.4 Phänotypische Zusammenhänge zwischen Methanmerkmalen und ausgewählten Fruchtbarkeitsmerkmalen

Zur Untersuchung des Zusammenhangs zwischen Methanemissionen und Fruchtbarkeitsmerkmalen der Milchkühe wurde ein weiteres univariates, lineares gemischtes Modell (Modell IV) aufgestellt. In Modell IV wurden die Residuen der Methanmerkmale als Kovariablen berücksichtigt, um deren Einfluss auf ausgewählte

Fruchtbarkeitsparameter zu quantifizieren. Die untersuchten Fruchtbarkeitsmerkmale waren Erstkalbealter (EKA), Zwischenkalbezeit (ZKZ) und Rastzeit (RAST).

Das Erstkalbealter (EKA) wurde in Monaten angegeben. In dem vorliegenden Datensatz betrug das durchschnittliche Erstkalbealter 27 Monate, mit einem Wertebereich von 19-37 Monaten. Für dieses Merkmal standen 1.588 Beobachtungen zur Verfügung.

Die Zwischenkalbezeit (ZKZ) beschreibt die Zeitspanne in Tagen zwischen zwei aufeinanderfolgenden Kalbungen und umfasst sowohl die Laktations- als auch die Trockenstehperiode. Der Mittelwert der ZKZ lag bei 396 Tagen. Aufgrund der Datenstruktur konnten für dieses Merkmal nur 209 Beobachtungen in die Analyse einbezogen werden.

Die Rastzeit (RAST) gibt die Anzahl der Tage zwischen der letzten Kalbung und der ersten Besamung an. Im Datensatz betrug die durchschnittliche Rastzeit 85 Tage, basierend auf 1.748 Beobachtungen.

Da nicht für alle Tiere vollständige Datensätze zu allen Fruchtbarkeitsmerkmalen vorlagen, variierte der Stichprobenumfang in Modell IV entsprechend der Datenverfügbarkeit.

Im Rahmen der Modellierung wurden potenzielle Einflussgrößen getestet und bei vorhandener Signifikanz in das Modell IV aufgenommen.

Das Besamungsalter (BA) wurde als fixer Effekt in vier Klassen eingeteilt und in Monaten angegeben (vgl. Tbl. 55). Die Klasse mit den meisten Methanmessungen umfasste Tiere, die zwischen 31 und 50 Monaten alt waren.

Tabelle 55: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) für das Besamungsalter mit entsprechenden Grenzen der Klasseneinteilung

Klasse	Grenzen	Beobachtungen
1	≤ 30 Monate	280
2	31-50 Monate	651
3	51-75 Monate	545
4	> 75 Monate	272

Der Belegungsmonat (BM) gibt den Monat der letzten Besamung oder Deckung an und wurde als fixer Effekt, eingeteilt in zwölf Klassen (Monate: Januar bis Dezember), in das Modell (Modell IV) aufgenommen (vgl. Tbl. 56). Die Anzahl der Klassen entsprach der Anzahl an Monaten eines Jahres. Die meisten Belegungen erfolgten im Monat März mit 206 Beobachtungen für die Methanmessungen.

Tabelle 56: Anzahl der Methanmessungen (Beobachtungen) je Belegungsmonat

Belegungsmonat	Beobachtungen
1	173
2	124
3	206
4	189
5	143
6	156
7	156
8	110
9	98
10	133
11	116
12	144

5.4.1 Modellierung des Einflusses der Methanemissionen auf ausgewählte Fruchtbarkeitsmerkmale

Zur Bestimmung des Einflusses der Methanemissionen auf die Fruchtbarkeitsmerkmale wurde ein univariates lineares gemischtes Modell (Modell IV) angewendet. Die Schätzung der Modelle erfolgte mit der Funktion lme4::lmer (R, Version 4.0).

Das statistische Modell (Modell IV) wurde wie folgt definiert:

$$Y_{ijklmn} = \mu + M_i + BA_j + BM_k + LA_l + ZGG_TT_m + A_n + e_{ijklmn}$$

mit

y_{ijklmn}	=	Fruchtbarkeitsmerkmale (EKA, ZKZ, RAST)
μ	=	Allgemeiner Mittelwert
M_i	=	Residuen-Methanmerkmale
BA_j	=	Fixer Effekt des j-ten Besamungsalters (4 Klassen)
BM_k	=	Fixer Effekt des k-ten Belegungsmonats (12 Klassen)
LA_l	=	Fixer Effekt der l-ten Laktationsnummer (3 Klassen)
ZGG_TT_m	=	Fixer Effekt der m-ten Zeitgefährtengruppe aus Betrieb*Testtag (81 Klassen)
A_n	=	Zufälliger Tiereffekt aufgrund wdh. Messungen innerhalb Tier
e_{ijklmn}	=	Zufälliger Resteffekt

5.5 Schätzung genetischer Parameter der Methanmerkmale

In diesem Kapitel wird das Modell (Modell IIa) beschrieben, welches zur Schätzung genetischer Parameter der Methanemissionen verwendet wurde. Die Modellierung erfolgte mit dem Statistikprogramm R (Version 4.0). Die anschließenden genetischen Analysen, einschließlich der Schätzung von Heritabilitäten, Varianzkomponenten, Zuchtwerten und Korrelationen, wurden mit dem von Madsen und Jensen (2013) entwickelten Programmpaket DMU (Version 6, Ausgabe 5.2) durchgeführt. Die genetischen Analysen basierten auf einem univariaten linearen gemischten Modell, das inhaltlich auf Modell II (Kapitel 5.2) aufbaut. Modell II diente der Erfassung phänotypischer Einflüsse auf die Methanemissionen anhand der generierten Residuen-Methanmerkmale. Für die genetischen Analysen wurde der zufällige Tiereffekt in einen additiv-genetischen Tiereffekt überführt, und zusätzlich wurde ein permanenter Umwelteffekt integriert. Die Modellselektion erfolgte nach denselben Kriterien wie für Modell II dargestellt. Die Berechnungen basierten auf den im vorherigen Kapitel dargestellten Beobachtungs- und Tierzahlen (2.028 Beobachtungen von 1.371 Tieren).

Die Schätzung genetischer Parameter stellte einen zentralen Schritt in dieser Arbeit dar, um das genetische Potenzial zur Reduktion von Methanemissionen bei Milchkühen zu bewerten. Ziel dieses Kapitels war es, die additiv-genetischen Varianzanteile und Heritabilitäten der entwickelten Residuen-Methanmerkmale zu bestimmen und damit die Grundlage für die Zuchtwertschätzung sowie mögliche genetische Selektion auf eine geringere Methanemission zu schaffen.

5.5.1 Erstellung des Modells für genetische Analysen der Methanemission

Den genetischen Analysen lag das folgende Modell (Modell IIa) zugrunde:

$$Y_{ijklmnop} = \mu + KA_i + LA_j + ZGG_S_k + KJ_l + TS_m + R_n + pU_o + a_p + e_{ijklmnop}$$

mit

$y_{ijklmnopq}$	=	Residuen-Methanmerkmale
μ	=	Allgemeiner Mittelwert
KA_i	=	Kovariabel Kalbealter in Monaten
LA_j	=	Fixer Effekt der j-ten Laktationsnummer (3 Klassen)
ZGG_S_k	=	Fixer Effekt der k-ten Zeitgefährtengruppe aus Betrieb*Saison in der CH ₄ gemessen wurde (19 Klassen)
KJ_l	=	Fixer Effekt des l-ten Kalbejahres (5 Klassen)
TS_m	=	Fixer Effekt des m-ten Laktationsstatus (2 Klassen)
R_n	=	Fixer Effekt der n-ten Fütterung (3 Klassen)
pU_o		Zufälliger permanenter Umwelteffekt
a_p	=	Zufälliger additiv-genetischer Tiereffekt
$e_{ijklmnop}$	=	Zufälliger Resteffekt

5.6 Ergebnisse und Diskussion der phänotypischen und genetischen Analysen

Die Ergebnisse der phänotypischen und genetischen Beziehungen zwischen den Residuen-Methanmerkmalen und ausgewählten Zuchtzielmerkmalen werden in diesem Abschnitt besprochen und diskutiert.

5.6.1 Signifikanz von Effekten auf Methanmerkmale

Die phänotypischen Zusammenhänge zwischen den Residuen-Methanmerkmalen und denen im Modell II berücksichtigten fixen Effekte sowie Kovariablen werden im Folgenden dargestellt und diskutiert. Tabelle 57 zeigt die Signifikanzniveaus der einzelnen Effekte, die zur Erklärung der Residuen-Methanvariabilität herangezogen wurden.

Im Modell II wurden acht Residuen-Methanmerkmale in Abhängigkeit von sechs erklärenden Größen analysiert. Dabei handelte es sich um die fixen Effekte

Zeitgefährtengruppe $\times$ Saison (ZGG_S), Kalbejahr (KJ), Laktationsnummer (LA), Laktationsstatus (TS), Ration (R) sowie die Kovariable Kalbealter (KA).

Die Ergebnisse zeigten, dass der Effekt ZGG_S bei allen Residuen-Methanmerkmalen hochsignifikant war ($p < 0,001$). Auch das Kalbejahr (KJ) wies bei nahezu allen Merkmalen signifikante Einflüsse auf. Die übrigen Effekte (LA, TS, R, KA) variierten hinsichtlich ihrer Signifikanz je nach Merkmal, was eine merkmalsabhängige Empfindlichkeit gegenüber diesen Einflussfaktoren nahelegt. Insgesamt verdeutlichten die Resultate (vgl. Tbl. 57), dass die im Modell II berücksichtigten Effekte wesentlich zur Erklärung der Variation in den Methanemissionen beitragen. Besonders konsistent über alle Merkmale hinweg waren die Effekte ZGG_S, KJ, TS und KA.

Tabelle 57: P-Werte der Residuen-Methanmerkmale in Abhängigkeit von den Effekten Zeitgefährtengruppe_Saison (ZGG_S), Abkalbejahr (KJ), Laktationsnummer (LA), Laktationsstatus (TS), Fütterung (R) und Kalbealter (KA) aus Modell II

Methanmerkmale	Fixer Effekt					Kovariable
	ZGG_S	KJ	LA	TS	R	
resCH ₄ allmean	***	***	*	***	**	*
resCH ₄ allsum	***	***	*	***	*	*
resCH ₄ respmean	***	**	n.s.	***	**	*
resCH ₄ respsum	***	**	n.s.	***	**	*
resCH ₄ respmax	***	***	**	***	**	**
resCH ₄ erucmean	***	***	***	**	*	*
resCH ₄ erucsum	***	***	***	*	n.s.	*
resCH ₄ erucmax	**	**	**	n.s.	n.s.	n.s.

*p-Werte: $p < 0,05$: *; $p < 0,01$: **; $p < 0,001$: ***; $p > 0,05$: n.s. (nicht signifikant)*

Alle in Tabelle 57 aufgeführten Einflussgrößen wurden aufgrund ihrer Relevanz im Modell II berücksichtigt. Die Beschreibung und Definition der einzelnen Residuen-Methanmerkmale sind in Kapitel 5.1 dargestellt.

Eine Besonderheit bzgl. des Versuchsdesigns bestand darin, dass in einem Betrieb zwei unterschiedliche Rationen verfüttert wurden und für beide Fütterungssituationen Methanmessungen derselben Tiere vorlagen (kreuzklassifiziertes Versuchsdesign in Bezug auf die Genetik und die Fütterung). Bei einem Vergleich dieser beiden Rationen zeigten sich im t-Test deutlich signifikante Unterschiede zwischen den Residuen-Methanmerkmalen (vgl. Tbl. 58). Abbildung 20 illustriert exemplarisch den Zusammenhang zwischen den Rationen 2 und 5 in Betrieb 1 und dem Merkmal resCH₄ allmean. Ration 5, welche in den Sommermonaten Mai-September verfüttert wurde, bestand aus frisch geschnittenem Grünlandfutter, während Ration 2 eine PMR darstellte, die während der übrigen Monate eingesetzt wurde. Die Unterschiede zwischen diesen beiden Rationen waren für fast alle Residuen-Methanmerkmale

hochsignifikant (vgl. Tbl. 58). Besonders deutlich waren die Differenzen in der Respirations-Fraktion der Methanmerkmale sowie in den Methanmerkmalen, die die gesamte Messperiode abbildeten. Nur $\text{resCH}_4_{\text{erucsum}}$ und $\text{resCH}_4_{\text{erucmax}}$ zeigten keine signifikanten Unterschiede zwischen den beiden Rationen.

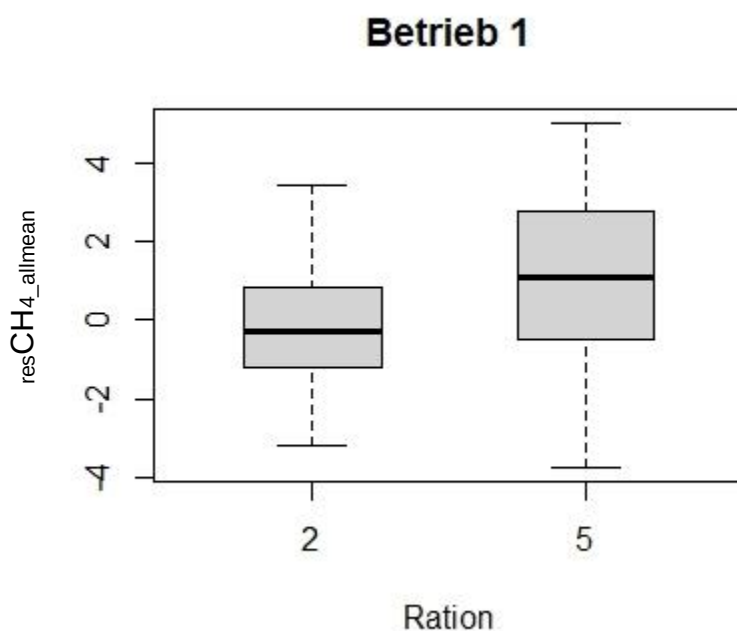


Abbildung 20: Boxplot-Vergleich des Methanmerkmals $\text{resCH}_4_{\text{allmean}}$, dargestellt in Abhängigkeit von den Rationen 2 und 5 in Betrieb 1, wobei Ration 2 = Teil-Mischration mit individueller Kraftfuttergabe und Ration 5 = frisch geschnittenes Grünlandfutter mit individueller Kraftfuttergabe

Tabelle 58: Least Squares Means der Residuen-Methanmerkmale im Vergleich der Rationen 2 und 5, inklusive Signifikanzangaben

Merkmal	Effekt		p-Wert
	Ration 5	Ration 2	
$\text{resCH}_4_{\text{allmean}}$	1,21	-0,10	***
$\text{resCH}_4_{\text{allsum}}$	10,01	-0,45	***
$\text{resCH}_4_{\text{respmean}}$	1,21	-0,13	***
$\text{resCH}_4_{\text{respsum}}$	9,73	-0,70	***
$\text{resCH}_4_{\text{respmax}}$	1,75	-0,09	***
$\text{resCH}_4_{\text{erucmean}}$	1,51	0,06	**
$\text{resCH}_4_{\text{erucsum}}$	3,67	0,42	n.s.
$\text{resCH}_4_{\text{erucmax}}$	1,07	0,01	n.s.

p-Werte: $p < 0,05$: *; $p < 0,01$: **; $p < 0,001$: ***; $p > 0,05$: n.s. (nicht signifikant)

Aus Tabelle 58 geht hervor, dass die Werte der Residuen-Methanmerkmale bei der Fütterung von Ration 5 durchgehend höher ausfielen als bei Ration 2. Besonders

hervorzuheben ist, dass dieser Unterschied im direkten innerbetrieblichen Vergleich bei identischem Tierbestand auftrat. Ration 5 bestand vollständig aus frischem Grünfutter mit einem geringen Trockenmassegehalt (~20 %), was zu einer höheren Futteraufnahme führen kann. Hansen et al. (2022) zeigen, dass Kühe, die junges frisches Gras als Grundfutter erhalten, eine höhere TMA aufweisen im Vergleich zu Tieren, die mit Grassilage gefüttert wurden, obwohl letztere einen höheren Trockenmassegehalt (~40 %) hat.

Ein positiver Zusammenhang zwischen der täglichen TMA und der Methanproduktion wurde in mehreren Studien bestätigt, so auch in der Studie von Ellis et al. (2007) mit einem Bestimmtheitsmaß von $R^2 = 0,64$. Bell et al. (2014a) haben ebenfalls eine leicht positive Korrelation zwischen der durchschnittlichen Methankonzentration [mg/L] und der TMA von $r = 0,22$ ($p < 0,05$) festgestellt. Auch Dijkstra et al. (2011) und Bannik et al. (2011) haben beobachtet, dass mit steigender TMA die CH_4 -Emissionen steigen. Unter der Annahme, dass die Tiere bei Frischgrasfütterung eine höhere TMA aufweisen, könnten die höheren Methanwerte von Ration 5 damit erklärt werden.

Es ist jedoch zu betonen, dass es sich hierbei lediglich um einen t-Test handelt, der keine weiteren Einflussfaktoren berücksichtigt. Eine Überschätzung der Signifikanz ist daher möglich, weshalb die nachfolgende Analyse im Rahmen von Modell II die geeignetere Grundlage für die Bewertung der Zusammenhänge darstellt.

Für die Modellierung wurde die Ration in drei Klassen eingeteilt. Die LSMeans für das Merkmal $\text{res_CH}_4\text{_allmean}$ in Abhängigkeit von der Ration sind in Tabelle 59 dargestellt. Zwischen Ration 1 und Ration 3 ergab sich ein signifikanter Unterschied, während Ration 2 keine signifikante Abweichung zu den beiden anderen Gruppen zeigte. Dies steht im Einklang mit der Klassifizierung der Rationen:

- Ration 1: hoher Energiegehalt
- Ration 2: mittlerer Energiegehalt
- Ration 3: niedriger Energiegehalt

Tabelle 59: Least Squares Means mit Standardfehler (SE), Minimum (Min.) und Maximum (Max.) für das Merkmal $\text{resCH}_4\text{_allmean}$ in Abhängigkeit von der Ration, mit signifikanten Unterschieden für das Merkmal $\text{resCH}_4\text{_allmean}$ zwischen Ration 1 und Ration 3

Ration	$\text{resCH}_4\text{_allmean}$	SE	Min.	Max.	Signifikanz ¹
1	-0,64	0,5	-1,73	0,45	a
2	-1,80	0,7	-3,19	-0,41	ab
3	0,56	0,4	-0,27	1,38	b

¹Signifikanz: Mittelwerte mit unterschiedlichen Buchstaben unterscheiden sich signifikant voneinander ($p < 0,05$)

Die LSMeans aus Tabelle 59 verdeutlichen, dass eine Fütterung mit energiereichem Futter zu einem geringeren Methanausstoß führte. Diese Tendenz war nachvollziehbar, da hochverdauliche Rationen eine kürzere Verweildauer des Futters im Pansen und damit eine höhere Passagerate im Magen-Darm-Trakt haben (Yan et al., 2010). Im Gegensatz dazu wiesen Tiere mit einer rohfaserreichen, energiearmen Ration (ohne Kraftfutter) die höchsten LSMeans für das Merkmal $\text{resCH}_4_{\text{allmean}}$ auf. Der höhere Faseranteil führt zu einer verlängerten Pansenverweildauer und gibt den Mikroorganismen mehr Zeit, Zellulose und Hemizellulose abzubauen, was den Methanbildungsprozess begünstigt.

Ein weiterer signifikanter Faktor war der Laktationsstatus (TS). Abbildung 21 zeigt die Boxplots des Residuen-Methanmerkmals $\text{resCH}_4_{\text{allmean}}$ in Abhängigkeit von TS. Laktierende Kühe wiesen höhere Werte auf als nicht-laktierende Tiere, wobei der Unterschied der Mittelwerte vergleichsweise gering ausfiel. Tabelle 60 bestätigt diese Tendenz. Für nahezu alle Methanmerkmale zeigten sich signifikante Unterschiede zwischen laktierenden und nicht-laktierenden Tieren, mit Ausnahme von $\text{resCH}_4_{\text{erucmax}}$.

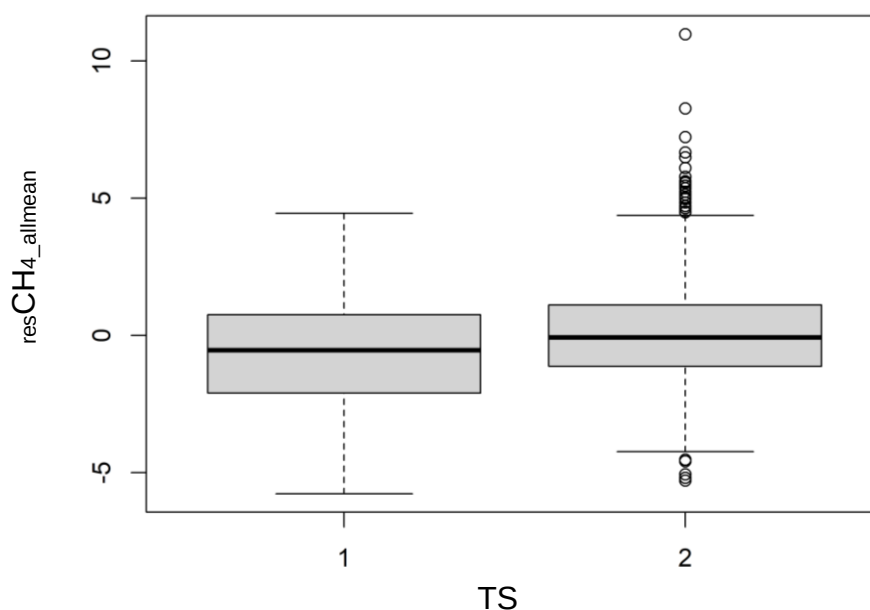


Abbildung 21: Boxplot-Vergleich des Methanmerkmals $\text{resCH}_4_{\text{allmean}}$, dargestellt in Abhängigkeit vom Laktationsstatus (TS), wobei 1 = trockenstehende Kühe & Färsen, 2 = laktierende Kühe

Tabelle 60: Least Squares Means der Residuen-Methanmerkmale im Vergleich des Laktationsstatus, inklusive Signifikanzangabe

Merkmal	Effekt Laktationsstatus (TS)		p-Wert
	1	2	
resCH ₄ _allmean	-0,62	0,04	***
resCH ₄ _allsum	-6,16	0,41	***
resCH ₄ _respmean	-0,62	0,04	***
resCH ₄ _respsum	-5,78	0,41	***
resCH ₄ _respmax	-0,76	0,05	**
resCH ₄ _erucmean	-0,79	0,04	*
resCH ₄ _erucsum	-2,55	0,13	**
resCH ₄ _erucmax	-0,79	0,03	n.S.

*p-Werte: p<0,05: *; p<0,01: **; p<0,001: ***; p>0,05: n.s. (nicht signifikant)*

Die signifikanten Unterschiede in den Methanmerkmalen bezogen auf den Effekt des Laktationsstatus (vgl. Tbl. 60) entsprachen den Erwartungen. Laktierende Kühe weisen aufgrund ihres erhöhten Energiebedarfs und Stoffwechselumsatzes eine höhere Trockenmasseaufnahme auf, was zu einer gesteigerten Methanproduktion führt (Lovett et al., 2005; Azizi et al., 2009). Nicht-laktierende Kühe benötigen hingegen vor allem Energie für den Erhaltungsbedarf, während tragende Tiere zusätzlich ihren Fötus versorgen. Der Energiebedarf dieser Tiere ist somit geringer, was mit niedrigeren Methanemissionen einhergeht (Bell et al., 2010). Breider et al. (2019) berichten eine genetische Korrelation von $r_g = 0,49 \pm 0,12$ zwischen Methanproduktion und Milchleistung, was diese Befunde unterstützt.

Auch Brouček (2014) bestätigt, dass trockenstehende Kühe und Färsen weniger Methan emittieren als laktierende Tiere. Die in Abbildung 22 dargestellten LSMeans verdeutlichen den Einfluss des Laktationsstatus (TS) auf das Methanmerkmal resCH₄_allmean. Die Fehlerbalken kennzeichnen dabei die jeweilige Streuung der Schätzwerte.

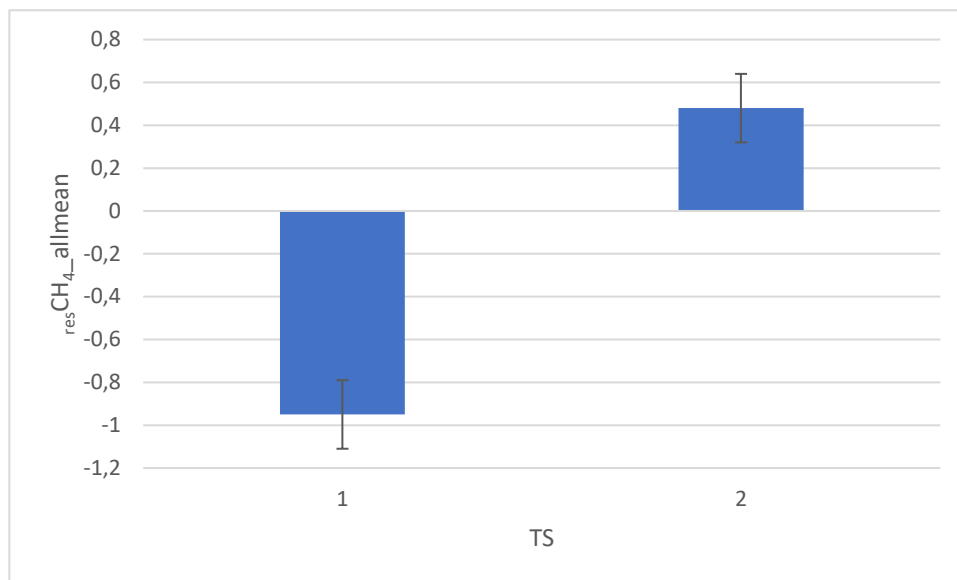


Abbildung 22: Least Squares Means von $\text{resCH}_4\text{_{allmean}}$ in Abhängigkeit vom Laktationsstatus (TS), mit Standardfehler

Der Effekt der Rasse zeigte keine Signifikanz und wurde daher im Modell II nicht berücksichtigt. In der vorliegenden Studie wurden überwiegend Tiere der Rassen HF und DSN untersucht. Auch in der Studie von Dewhurst & Miller (2019) können keine rassespezifischen Unterschiede für Methanemissionen gefunden werden.

Trotz bekannter genetischer Unterschiede zwischen HF und DSN hinsichtlich Produktionsmerkmalen – etwa dem fehlenden Effekt des *DGAT1*-Gens bei DSN-Kühen (Wolf et al., 2021) – zeigte sich kein Hinweis auf rassespezifische Variation in der Methanproduktion. Dies lässt zwei Hypothesen zu: (1) der genetische Einfluss auf die Methanproduktion ist in beiden Populationen ähnlich gering, oder (2) der Anteil genetischer Varianz an der Methanproduktion ist insgesamt sehr niedrig und wird von anderen Faktoren überlagert.

In Tabelle 61 sind die LSMeans für das Residuen-Methanmerkmal $\text{resCH}_4\text{_{allmean}}$ in Abhängigkeit von der Laktationsnummer (LA) dargestellt. Die Analyse zeigte, dass $\text{resCH}_4\text{_{allmean}}$ signifikant durch die LA beeinflusst wird. In Klasse 1 wurde der stärkste negative Mittelwert beobachtet ($-0,63 \pm 0,31$), während Klasse 2 mit $-0,35 \pm 0,31$ den geringsten Rückgang aufwies. Klasse 3 nahm mit $-0,46 \pm 0,31$ eine Zwischenstellung ein. Die LSMeans zeigten, dass Klasse 1 (a) und Klasse 2 (b) signifikant voneinander abwichen, während Klasse 3 (ab) statistisch keine eindeutige Differenz zu den beiden anderen Klassen aufwies. Abbildung 23 zeigt die LSMeans für $\text{resCH}_4\text{_{allmean}}$ in Abhängigkeit von LA. Kühe in der ersten Laktation (Klasse 1) wiesen signifikant geringere Werte auf als Tiere in der zweiten Laktation (Klasse 2). Eine mögliche

Erklärung ist die im Vergleich geringere Milchleistung erstlaktierender Tiere (Vijayakumar et al., 2017; Habibi et al., 2021). Diese Tier-Gruppe (Klasse 1) produzierte durchschnittlich etwa fünf Liter weniger Milch pro Tag als Tiere, die sich in höheren Laktationen befanden. Unter Berücksichtigung der positiven genetischen Korrelation zwischen Methanproduktion und Milchleistung ($r_g = 0,40-0,54$; Breider et al., 2019) ist dies ein plausibler Zusammenhang. Ebenso könnten Anpassungsprozesse des Pansenmikrobioms nach dem Abkalben eine Rolle spielen. Erstlaktierende Tiere müssen sich an das energiereichere Futter gewöhnen, was eine Übergangsphase im mikrobiellen Gleichgewicht verursacht (Difford et al., 2018). Zudem ist die TMA in der ersten Laktation meist geringer, was ebenfalls zur reduzierten Methanbildung beiträgt (Donadia et al., 2023).

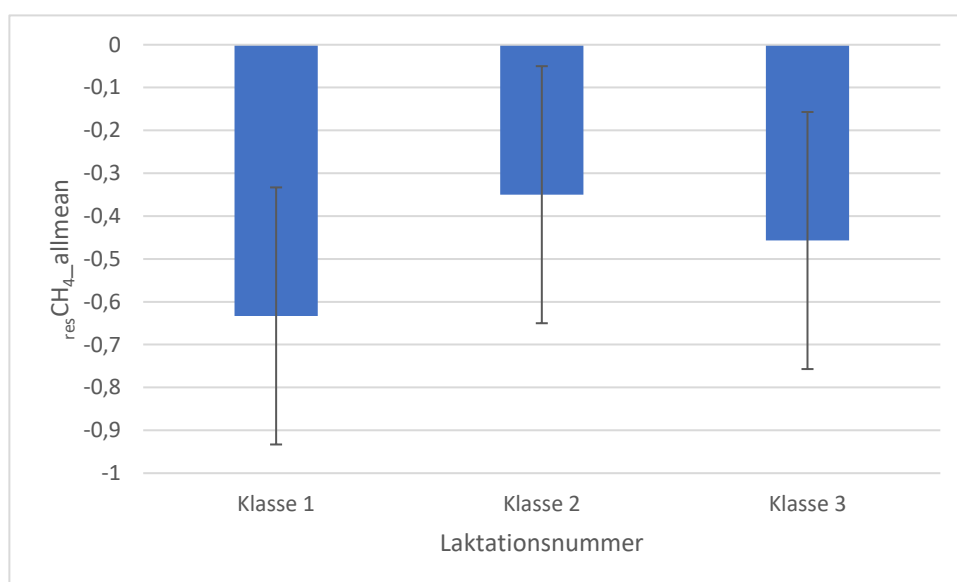


Abbildung 23: Least Squares Means des Methanmerkmals $resCH_4_allmean$ in Abhängigkeit von der Laktationsnummer (LA), mit Standardfehler

Tabelle 61: Least Squares Means mit Standardfehler (SE), Minimum (Min.) und Maximum (Max.) für das Merkmal $resCH_4_allmean$ in Abhängigkeit von der Laktationsnummer (LA), mit signifikanten Unterschieden für das Merkmal $resCH_4_allmean$ zwischen Klasse 1 und Klasse 2

LA	$resCH_4_allmean$	SE	Min.	Max.	Signifikanz ¹
Klasse 1	-0,63	0,31	-1,24	-0,02	a
Klasse 2	-0,35	0,31	-0,96	0,26	b
Klasse 3	-0,46	0,31	-1,07	0,15	ab

¹Signifikanz: Mittelwerte mit unterschiedlichen Buchstaben unterscheiden sich signifikant voneinander ($p < 0,05$)

Der kombinierte Effekt ZGG_S (Zeitgefährtengruppe_Saison) wurde in das Modell aufgenommen, um Unterschiede zwischen Betrieben und saisonalen Bedingungen

simultan zu korrigieren. Da nicht in jeder Saison auf jedem Betrieb Methanmessungen stattfanden ist die Kombination beider Faktoren eine statistisch stabile Korrekturmöglichkeit. Die Verwendung von ZGG_S anstelle der Einzeleffekte Betrieb und Saison verbesserte die Modellgüte, insbesondere in genetischen Analysen (Vasconcelos et al., 2008). Eine weitere Aggregationsebene – etwa die Kombination Betrieb $\times$ Untersuchungstag – hätte zu klein besetzten Klassen und somit zu einer erhöhten Restvarianz geführt (Carabaño et al., 2004). Der Effekt ZGG_S dient somit der Kontrolle betrieblicher und saisonaler Faktoren und gewährleistet eine robustere Schätzung genetischer Parameter (Vasconcelos et al., 2008). Alternativ hätte man die zu niedrig besetzten Klassen aus dem Datensatz eliminieren können. Dies hätte aber zu Informationsverlust für die genetischen Untersuchungen geführt, was nicht erstrebenswert war (Carabano et al., 2004).

5.6.2 Phänotypische Assoziationen mit Zuchtzielmerkmalen

Im vorliegenden Abschnitt wird der Zusammenhang zwischen den generierten Residuen-Methanmerkmalen und ausgewählten Zuchtzielmerkmalen dargestellt und diskutiert. Ziel dieser Analyse war es, mögliche phänotypische Assoziationen zwischen der Methanemission und zentralen Leistungs- sowie Gesundheitsmerkmalen der Milchkühe zu identifizieren.

Für die Untersuchungen wurden die in Abschnitt 5.6.1 beschriebenen Residuen-Methanmerkmale verwendet. Als Zuchtzielmerkmale gingen Milchmenge (Mkg), energiekorrigierte Milch (ECM), Fettmenge (Fkg) und -gehalt (FPr), Proteinmenge (Pkg) und -gehalt (PPr) sowie der FEQ und der SCS in die Analysen ein. Zunächst erfolgte eine deskriptive Auswertung, gefolgt von Analysen mit einem gemischt linearen Modell, in dem die Residuen-Methanmerkmale als abhängige und die Zuchtzielmerkmale als erklärende Variablen modelliert wurden.

Die Ergebnisse aus dem gemischt linearen Modell (Modell II) sind in Tabelle 62 zusammengefasst. Demnach zeigten die Merkmale Mkg, ECM und FEQ für die meisten Residuen-Methanmerkmale signifikante Effekte ($p < 0,05$), während für $\text{resCH}_4_{\text{erucmax}}$ kein signifikanter Zusammenhang festgestellt wurde. Auch $\text{resCH}_4_{\text{erucsum}}$ zeigte keine Beeinflussung durch ECM und FEQ. Für die weiteren Produktionsmerkmale sowie den SCS ergaben sich keine signifikanten Zusammenhänge mit den Methanmerkmalen. Insgesamt deuteten die Ergebnisse auf

eine vergleichsweise geringe Beeinflussbarkeit der untersuchten Produktions- und Gesundheitsmerkmale auf die Residuen-Methanmerkmale hin.

Tabelle 62: P-Werte der Residuen-Methanmerkmale in Abhängigkeit von ausgewählten Produktionsmerkmalen (Milchmenge (Mkg), energiekorrigierte Milchmenge (ECM), Fett-Eiweiß-Quotient (FEQ))

Methanmerkmale	Effekt		
	Mkg	ECM	FEQ
resCH ₄ _allmean	**	*	*
resCH ₄ _allsum	*	*	*
resCH ₄ _respmean	**	*	*
resCH ₄ _respsum	*	*	*
resCH ₄ _respmax	**	*	*
resCH ₄ _erucmean	**	*	n.s.
resCH ₄ _erucsum	**	n.s.	n.s.
resCH ₄ _erucmax	n.s.	n.s.	n.s.

p-Werte: p<0,05: *; p<0,01: **; p<0,001: ***; p>0,05: n.s. (nicht signifikant)

In den Abbildungen 24 und 25 sind die Verteilungen der Methanmerkmale in Abhängigkeit von Mkg und ECM dargestellt. Trotz der teilweise signifikanten Effekte in den statistischen Modellen lässt sich aus der grafischen Darstellung kein klarer linearer Zusammenhang zwischen den Werten der Methanmerkmale (z. B. von resCH₄_allmean) und der Milchmenge ableiten. Dies hebt hervor, dass die statistischen Zusammenhänge zwar vorhanden, aber biologisch nur von geringer Relevanz sind.

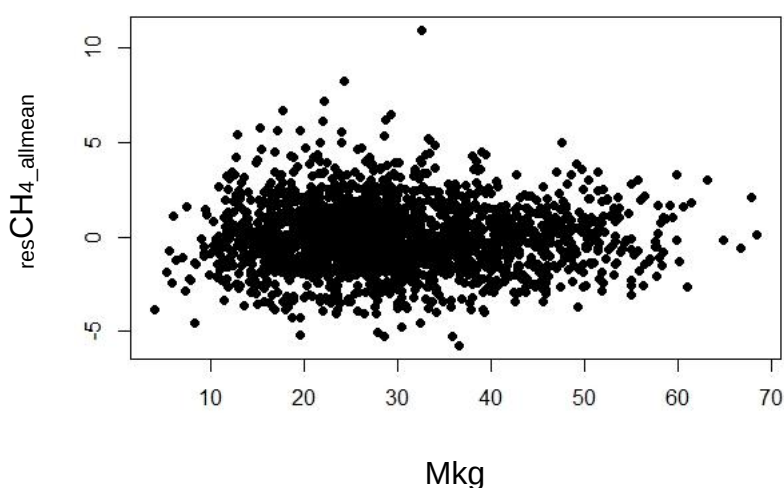


Abbildung 24: Streudiagramm zur Darstellung der Verteilung von resCH₄_allmean in Abhängigkeit von der Milchmenge (Mkg)

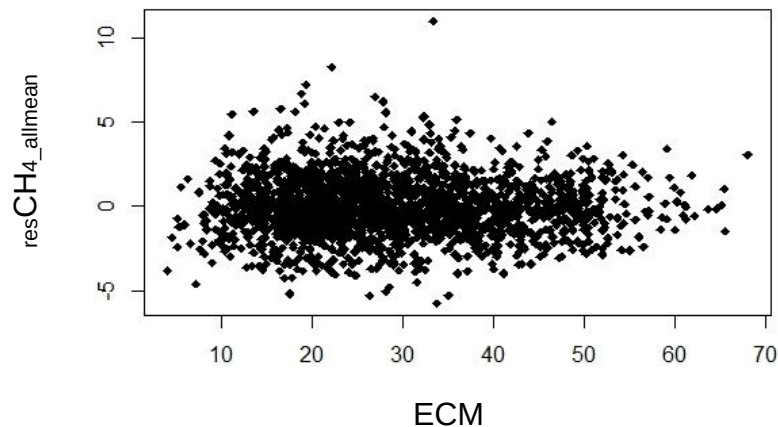


Abbildung 25: Streudiagramm zur Darstellung der Verteilung von $\text{resCH}_4_{\text{allmean}}$ in Abhängigkeit von der energiekorrigierten Milchmenge (ECM)

Wurde die Methanemission jedoch in Relation zur Milchmenge gesetzt, also als Methanintensität [ppm-m/kg Milch] betrachtet, zeigte sich ein deutlicher Zusammenhang zwischen dem Merkmal Methanintensität und der Milchmenge (vgl. Abb. 26). Wie aus Abbildung 26 hervorgeht, besteht eine nicht-lineare Beziehung zwischen der Milchmenge und der Methanintensität. Es ist ersichtlich, dass die methanspezifischen Emissionen pro Kilogramm Milch mit steigender Leistung abnehmen. Besonders im niedrigen Leistungsbereich (links im Diagramm) streuen die Werte stark, was auf eine geringere Effizienz und größere individuelle Unterschiede hindeutet. Im Gegensatz dazu führt eine hohe Milchmenge (rechts im Diagramm) zu einer deutlichen Minimierung und Homogenisierung der Methanintensität. Diese Beobachtung konnte auch von Fresco et al. (2023) bestätigt werden. Der inverse Zusammenhang ($r_p = -0,75$) verdeutlicht, dass zwar die absolute Methanproduktion mit zunehmender Milchleistung steigt (Niu et al., 2018), die Methanemissionsmenge pro Leistungseinheit (Mkg) jedoch sinkt. Ursache hierfür ist der konstante Erhaltungsbedarf der Wiederkäuer, der unabhängig von der Milchproduktion eine gewisse Methanmenge verursacht. Mit steigender Milchleistung verteilt sich die Methanemission des Erhaltungsbedarfs auf mehr Milch, wodurch die Methanintensität sinkt.

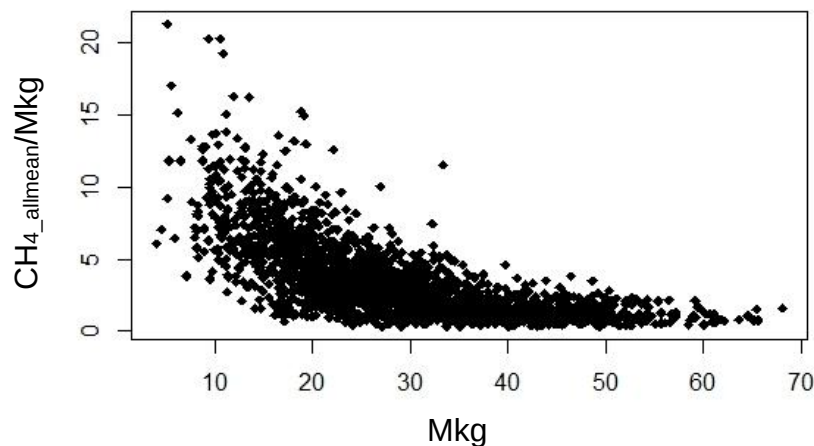


Abbildung 26: Streudiagramm, welches den Zusammenhang zwischen der Methanintensität (CH_4/Mkg) und der Milchmenge (Mkg) darstellt

Die Auswertung zeigte weiter, dass der FEQ als unabhängige Variable einen signifikanten Einfluss auf die meisten untersuchten Residuen-Methanmerkmale ausübte (vgl. Tbl. 62). Die in Abbildung 27 dargestellten LSMeans für das Merkmal $\text{resCH}_4_{\text{allmean}}$ unterscheiden sich deutlich zwischen den FEQ-Gruppen. Kühe mit einem Verdacht auf Ketose ($\text{FEQ} \geq 1,5$) zeigten den niedrigsten Mittelwert ($-0,56 \pm 0,24$) für das Merkmal $\text{resCH}_4_{\text{allmean}}$, während Tiere mit Azidosegefahr ($\text{FEQ} \leq 1,1$) höhere Werte aufwiesen ($-0,30 \pm 0,23$). Die höchsten LSMeans ($-0,23 \pm 0,22$) verzeichneten Tiere mit unauffälligem FEQ (1,2-1,4). Die Gruppen unterschieden sich signifikant ($p < 0,05$): Kühe mit hohem FEQ wiesen signifikant geringere Werte auf als Tiere der unauffälligen FEQ-Gruppe, während die Azidose-Gruppe eine intermediäre Stellung einnahm. Damit zeigt sich, dass der metabolische Status, ausgedrückt durch den FEQ, in enger Beziehung zur individuellen Methanproduktion steht.

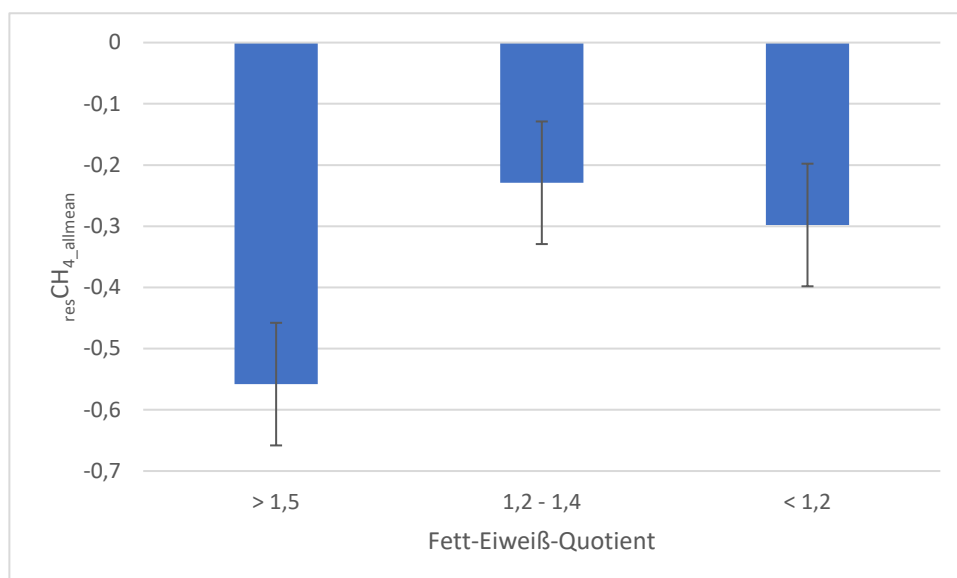


Abbildung 27: Least Squares Means des Methanmerkmals $\text{resCH}_4\text{_{allmean}}$ in Abhängigkeit vom Fett-Eiweiß-Quotienten (FEQ), mit Standardfehler

Tabelle 63: Least Squares Means mit Standardfehler (SE) für das Methanmerkmal $\text{resCH}_4\text{_{allmean}}$ in Abhängigkeit vom Fett-Eiweiß-Quotienten (FEQ-Klassen)

FEQ-Klassen	$\text{resCH}_4\text{_{allmean}}$	SE	Signifikanz ¹
Ketoseverdacht (> 1,5)	-0,56	0,24	a
unauffälliger FEQ (1,2-1,4)	-0,23	0,22	b
Azidosegefahr (< 1,2)	-0,30	0,23	ab

¹Signifikanz: Mittelwerte mit unterschiedlichen Buchstaben unterscheiden sich signifikant voneinander ($p < 0,05$)

Die beobachteten Unterschiede zwischen den FEQ-Klassen lassen sich durch den Einfluss des Energie- und Stoffwechselstatus auf die Pansenfermentation erklären. Ein hoher FEQ ($\geq 1,5$) weist auf eine negative Energiebilanz und mögliche Fettmobilisation in der frühen Laktation hin (Heuer et al., 1999; Butler et al., 2006). In dieser Phase ist die Futteraufnahme häufig eingeschränkt, wodurch die mikrobielle Aktivität im Pansen und die Fermentationsrate sinken (Bannink et al., 2011; Difford et al., 2018b). Eine geringere Substratverfügbarkeit reduziert die Produktion der KKFS (v.a. Essigsäure) und damit die Methanbildung. Diese Stoffwechsellage erklärt den beobachteten niedrigeren LSMean für $\text{resCH}_4\text{_{allmean}}$ bei Tieren mit hohem FEQ (Ketoseverdacht). Tiere mit unauffälligem FEQ (1,2-1,4) befanden sich dagegen in einer ausgeglichenen Energiebilanz, was eine stabile Futteraufnahme und eine aktive mikrobielle Fermentation im Pansen begünstigt. Unter diesen Bedingungen werden mehr Essigsäure und Wasserstoff gebildet – Substrate, die methanogene Archaeen zur Methanproduktion nutzen (Moss et al., 2000; Ellis et al., 2008). Dies führt zu den vergleichsweise höheren LSMeans der Residuen-Methanmerkmale in dieser Gruppe.

Die Azidosegefahr-Gruppe ($FEQ \leq 1,1$) zeigte intermediäre Werte. Bei diesen Tieren ist von einer erhöhten Konzentration leicht fermentierbarer Kohlenhydrate im Futter auszugehen, was die Bildung von Propionsäure fördert und den pH-Wert im Pansen absenkt (Bannink et al., 2011). Dadurch werden die Methanogenen gehemmt, was die mittlere Position dieser Gruppe erklärt.

Die phänotypischen Korrelationen zwischen den Residuen-Methanmerkmalen und den untersuchten Zuchtzielmerkmalen (vgl. Tbl. 64) liegen nahe null und sind somit vernachlässigbar. Ähnliche Werte ergeben sich auch für den FEQ und den SCS. Diese geringen Zusammenhänge deuten darauf hin, dass die Residuen-Methanmerkmale weitgehend unabhängig von den betrachteten Leistungsparametern sind. Dies spricht für ihre Eignung als eigenständige Merkmale in der Zuchtwertschätzung, ohne dass unerwünschte genetische Nebenwirkungen auf Milchleistung oder Inhaltsstoffe zu erwarten sind. Zudem weisen die ähnlichen Korrelationsmuster der verschiedenen Residuen-Methanmerkmale darauf hin, dass eine starke Unterteilung dieser Merkmale nicht zwingend erforderlich ist und ein übergeordnetes Methanmerkmal ausreichen kann, um Zusammenhänge mit Zuchtzielmerkmalen zu untersuchen.

Tabelle 64: Phänotypische Korrelation nach Pearson zwischen den Residuen-Methanmerkmalen und Produktionsmerkmalen, sowie Gesundheitsindikatoren

	resCH ₄ allmean	resCH ₄ allsum	resCH ₄ respmean	resCH ₄ respsum	resCH ₄ erucmean	resCH ₄ erucsum
Produktions- merkmale						
Mkg¹	-0,01	0,00	-0,01	-0,01	0,01	0,02
ECM²	-0,01	-0,01	-0,02	-0,02	0,00	0,01
FPr³	-0,04	-0,05	-0,04	-0,04	-0,04	-0,05
Fkg⁴	-0,02	-0,02	-0,03	-0,03	-0,01	-0,01
PPr⁵	0,00	0,01	-0,00	0,01	0,01	0,02
Pkg⁶	-0,00	0,01	-0,01	-0,00	0,02	0,03
Gesundheits- indikatoren						
FEQ⁷	-0,05	-0,07	-0,04	-0,06	-0,06	-0,07
SCS⁸	-0,03	-0,03	-0,03	-0,03	-0,02	-0,02

¹Mkg: Testtags-Milchmenge [kg]; ²ECM: Energiekorrigierte Milchmenge [kg]; ³FPr: Fettgehalt [%]; ⁴Fkg: Fettmenge [g]; ⁵PPr: Proteingehalt [%]; ⁶Pkg: Proteinmenge [g]; ⁷FEQ: Fett-Eiweiß-Quotient; ⁸SCS: Somatic cell score

Insgesamt bestätigten die Ergebnisse, dass sich die Methanemissionen zwar phänotypisch geringfügig mit der Milchleistung verändern, die Residuen-Methanmerkmale selbst sich jedoch weitgehend unabhängig von den untersuchten Leistungs- und Gesundheitsparametern verhalten. Damit schufen sie eine solide

Grundlage für weiterführende genetische Analysen und Zuchtprogramme, die auf eine Reduktion der Methanemission bei gleichbleibender Produktionsleistung abzielen.

5.6.3 Phänotypische Assoziationen ausgewählter Zuchtzielmerkmale mit den Methanmerkmalen

In den durchgeführten Analysen konnten insgesamt keine deutlichen Abhängigkeiten der untersuchten Produktionsmerkmale von den Residuen-Methanmerkmalen festgestellt werden. Die phänotypischen Zusammenhänge zwischen den Residuen-Methanmerkmalen und den Zuchtzielmerkmalen waren durchweg gering und statistisch nicht signifikant. Eine Ausnahme bildete der adjustierte Phänotyp $\text{resCH}_4\text{_{erucmean}}$, welcher im Modell III für das Merkmal FEQ einen signifikanten Effekt zeigte. Aufgrund der Datenstruktur befanden sich die meisten Beobachtungen allerdings in einem sehr engen FEQ-Bereich zwischen 1,2-1,3 (vgl. Abb. 28). Es wurden hier also nur Kühe mit ausgeglichenem Stoffwechsel verglichen. Die Tendenz in Abbildung 28 zeigt: Je höher der FEQ (hoher FEQ = negative Energiebilanz), desto geringer der Methanwert, jedoch waren die Unterschiede in den LSMeans für den FEQ nicht signifikant (vgl. Tbl. 65).

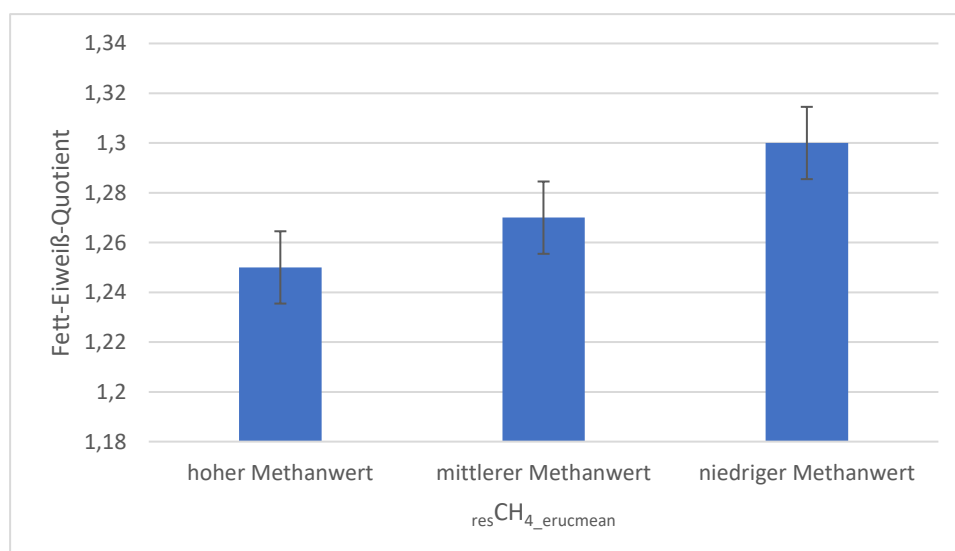


Abbildung 28: Least Squares Means des Fett-Eiweiß-Quotienten in Abhängigkeit von dem Methanmerkmal $\text{resCH}_4\text{_{erucmean}}$, mit Standardfehler

Tabelle 65: Least Squares Means des Fett-Eiweiß-Quotienten mit Standardfehler (SE) in Abhängigkeit vom Merkmal $\text{resCH}_4\text{_{erucmean}}$

Methanmerkmal $\text{resCH}_4\text{_{erucmean}}$	FEQ	SE	Signifikanz
hoher Methanwert	1,25	0,02	a
mittlerer Methanwert	1,27	0,02	a
niedriger Methanwert	1,30	0,02	a

¹Signifikanz: Mittelwerte mit unterschiedlichen Buchstaben unterscheiden sich signifikant voneinander ($p < 0,05$)

Dass der Zusammenhang speziell für $\text{resCH}_4\text{_{erucmean}}$ beobachtet wurde, deutet darauf hin, dass insbesondere die Phase des Ruktus (Eruktion) empfindlich auf kurzfristige metabolische Veränderungen reagiert. Während Mittelwerte über längere Zeiträume (z. B. $\text{resCH}_4\text{_{allmen}}$) stärker den generellen Methanemissionstyp des Tieres abbilden, erfassen Merkmale der 1. Fraktion die dynamischen Spitzen u. a. als Ruktus-Ereignisse. Diese sind unbeständiger und reflektieren eher kurzfristige Unterschiede im Pansenstoffwechsel, in der Futteraufnahme oder im Energiehaushalt (Chagunda et al., 2013; Difford et al., 2018). Die beobachtete Signifikanz von $\text{resCH}_4\text{_{erucmean}}$ im Modell für FEQ könnte somit auf kurzfristige energetische und mikrobielle Anpassungsprozesse im Pansen zurückzuführen sein. Da dieser Zusammenhang jedoch nur punktuell und in keinem anderen Modell bestätigt werden konnte, ist von einer begrenzten biologischen Relevanz auszugehen. Möglicherweise handelt es sich um einen zufälligen Effekt oder um eine spezifische Reaktion auf individuelle Fütterungsbedingungen während der Messung. Für eine abschließende Bewertung wären detailliertere Informationen zur Rationszusammensetzung, Futteraufnahme und Energiebilanz der Tiere erforderlich.

Zusammenfassend lässt sich festhalten, dass die Residuen-Methanmerkmale keinen systematischen Einfluss auf die betrachteten Zuchtzielmerkmale ausüben.

5.6.4 Phänotypische Assoziationen der Methanmerkmale mit ausgewählten Fruchtbarkeitsmerkmalen

Da im Modell II das Kalbealter als signifikanter Einflussfaktor identifiziert wurde und eine wichtige Rolle für die Güte des Modells darstellte (Motlagh et al., 2013), wurde angenommen, dass auch zwischen der Methanproduktion und bestimmten Fruchtbarkeitsmerkmalen ein Zusammenhang bestehen könnte. Um diese Hypothese zu prüfen, wurde ein speziell angepasstes Modell IV entwickelt, in dem die Fruchtbarkeitsmerkmale Erstkalbealter (EKA), Zwischenkalbezeit (ZKZ) und Rastzeit (RAST) als abhängige Variablen berücksichtigt wurden. Ziel war es, mögliche direkte

oder indirekte Beziehungen zwischen den Residuen-Methanmerkmalen und der Reproduktionsleistung zu identifizieren. Die Analyse zeigte jedoch, dass keines der untersuchten Residuen-Methanmerkmale einen signifikanten Einfluss auf die Fruchtbarkeitsmerkmale ausübte. Ebenso ließ sich kein umgekehrter Effekt der Fruchtbarkeitsparameter auf die Residuen-Methanmerkmale in Modell II nachweisen. Damit deuteten die Ergebnisse darauf hin, dass die individuelle Methanproduktion weitgehend unabhängig von der Fruchtbarkeit der Milchkühe ist. Das Fehlen signifikanter Zusammenhänge zwischen Methanemissionen und Fruchtbarkeitsmerkmalen kann durch biologische und methodische Aspekte erklärt werden. Zum einen spiegelt die Methanproduktion in erster Linie die fermentative Aktivität des Pansens und die Futterverwertungseffizienz wider (Hristov et al., 2013). Diese Prozesse sind eng mit dem Energiestoffwechsel verbunden, wirken sich dadurch jedoch nur indirekt auf die Fruchtbarkeit aus. Reproduktionsparameter wie EKA, ZKZ und RAST werden dagegen wesentlich stärker durch hormonelle Regulation, Managementmaßnahmen und einer negativen Energiebilanz nach dem Kalben beeinflusst (Berry et al., 2003; Roche et al., 2009). Weiterhin ist anzunehmen, dass die zeitliche Entkopplung zwischen den Messungen der Methanemission (die auf Tagesbasis während der Laktation erhoben wurden) und den Fruchtbarkeitsparametern (die oft über längere Zeiträume aggregiert werden) potenzielle Beeinflussung abschwächt. Ein weiterer Grund für das Ausbleiben signifikanter Zusammenhänge könnte in der hohen interindividuellen Variation der Fruchtbarkeitsmerkmale liegen. Merkmale wie die Zwischenkalbezeit unterliegen einer Vielzahl von Einflüssen – von Managemententscheidungen bis zu Krankheitsereignissen (z. B. Nachgeburtsverhalten, Zystenbildung) –, die die Varianz stark erhöhen und damit mögliche Zusammenhänge mit Stoffwechselindikatoren wie Methan überlagern (Pryce et al., 2004; Berry et al., 2016). Die Ergebnisse dieser Arbeit stehen im Einklang mit den Beobachtungen von Negussie et al. (2017), die ebenfalls keine signifikanten phänotypischen Korrelationen zwischen Methanemissionen und Reproduktionsleistung detektieren konnten.

Zusammenfassend kann festgestellt werden, dass zwischen der Methanproduktion (Residuen-Methanmerkmale) und den untersuchten Fruchtbarkeitsmerkmalen keine signifikante phänotypische Beziehung besteht. Dies deutet darauf hin, dass eine züchterische Selektion auf reduzierte Methanemissionen keine nachteiligen Effekte auf die Fruchtbarkeit erwarten lässt, sofern die energetischen und reproduktiven Anforderungen der Tiere im Gleichgewicht bleiben.

5.6.5 Schätzung genetischer Parameter

In den nachfolgenden Abschnitten werden die Ergebnisse der Heritabilitäten, sowie der Zuchtwertkorrelationen dargestellt und diskutiert.

5.6.5.1 Heritabilitäten der Methanmerkmale

Im folgenden Kapitel werden die Heritabilitäten (h^2) und Varianzkomponenten der Residuen-Methanmerkmalen sowie ausgewählter Leistungs- und Fruchtbarkeitsmerkmalen präsentiert und diskutiert. Die Schätzung der genetischen Parameter erfolgte mit dem Softwarepaket DMU unter Einbeziehung der additiv-genetischen Verwandtschaftsmatrix. In Tabelle 66 sind die ermittelten Varianzkomponenten und Heritabilitäten für die Residuen-Methanmerkmale (Modell II), Produktionsmerkmale (Modell III) sowie die Fruchtbarkeitsmerkmale (Modell IV) zusammenfassend dargestellt.

Tabelle 66: Heritabilitäten (h^2) mit Standardfehler (SE) und Varianzkomponenten (σ_a^2 = additive genetische Varianz, σ_{pe}^2 = permanente Umweltvarianz, σ_e^2 = Restvarianz) der untersuchten Merkmale

Merkmal	σ_a^2	σ_{pe}^2	σ_e^2	h^2 (SE)
Modell II				
resCH ₄ _allmean	0,01	0,36	2,66	0,002 (0,03)
resCH ₄ _respmean	0,06	0,29	2,26	0,022 (0,03)
resCH ₄ _respsum	4,24	4,38	178,60	0,024 (0,03)
resCH ₄ _erucmean	0,00	0,00	0,03	0,000 (0,04)
Modell III				
Mkg ¹	22,47	14,94	15,21	0,427 (0,09)
ECM ²	18,12	15,91	15,81	0,364 (0,09)
Pkg ³	0,01	0,02	0,02	0,266 (0,09)
Fkg ⁴	0,05	0,02	0,04	0,424 (0,08)
FPr ⁵	0,24	0,08	0,19	0,469 (0,08)
PPr ⁶	0,04	0,02	0,04	0,417 (0,07)
FEQ ⁷	0,02	0,00	0,02	0,439 (0,08)
Modell IV				
ZKZ ⁸	1.267,17	1.669,38	861,66	0,084 (0,06)
RAST ⁹	134,02	1.113,22	340,56	0,009 (0,00)
EKA ¹⁰	4,76	551,39	0,00	0,008 (0,00)

¹Mkg: Testtags-Milchmenge [kg]; ²ECM: Energiekorrigierte Milchmenge [kg]; ³Pkg: Proteinmenge [g]; ⁴Fkg: Fettmenge [g]; ⁵FPr: Fettgehalt [%]; ⁶PPr: Proteingehalt [%]; ⁷FEQ: Fett-Eiweiß-Quotient; ⁸ZKZ: Zwischenkalbezeit [d]; ⁹RAST: Rastzeit [d]; ¹⁰EKA: Erstkalbealter [d]

Die geschätzten Heritabilitäten der Residuen-Methanmerkmale waren insgesamt sehr niedrig. Die höchsten Werte zeigten resCH₄_respsum ($h^2 = 0,024$) und resCH₄_respmean ($h^2 = 0,022$), während resCH₄_allmean ($h^2 = 0,002$) und resCH₄_erucmean ($h^2 = 0,000$) kaum genetische Varianzanteile aufwiesen, vermutlich aufgrund der stark schwankenden

Werte, die hier enthalten sind. Diese Werte liegen deutlich unter den in der Literatur beschriebenen Heritabilitäten für Methanemissionen, die – je nach Messmethode und Datengrundlage – zwischen $h^2 = 0,12$ und $0,44$ variieren (van Engelen et al., 2015; Garnsworthy et al., 2019).

Im Vergleich dazu realisierten die Produktionsmerkmale (z. B. Milchmenge, Fett- und Proteinmenge) Heritabilitäten im Bereich von $h^2 = 0,27$ - $0,47$, während die Fruchtbarkeitsmerkmale (ZKZ, RAST, EKA) erwartungsgemäß geringere Werte zwischen $h^2 = 0,008$ und $h^2 = 0,084$ aufwiesen. Diese liegen im gleichen Bereich anderer Schätzungen (Suzuki & van Vleck, 1994; Dal Zotto et al., 2007; Negussie et al., 2012; Zetouni et al., 2018).

Die im Vergleich zu anderen Studien deutlich geringeren Heritabilitäten der Residuen-Methanmerkmale lassen sich durch mehrere methodische und biologische Faktoren erklären. Ein wesentlicher Einflussfaktor war die geringe Zahl wiederholter Methanmessungen pro Tier. Wiederholungsmessungen tragen maßgeblich zur Reduktion zufälliger Umwelteinflüsse bei und erhöhen die Stabilität individueller Mittelwerte. Studien, in denen gemittelte Methanprofile einzelner Tiere verwendet wurden, zeigten entsprechend höhere Heritabilitäten. So berichtete Mühlbach (2022) für Einzelmessungen Werte zwischen $h^2 = 0,05$ und $h^2 = 0,08$, während durch Mittelung mehrerer Messungen höhere Schätzwerte zwischen $h^2 = 0,07$ und $h^2 = 0,27$ erzielt wurden. Mittelwerte eines Merkmals als abhängige Variable in genetischen Analysen zu verwenden, um höhere Erblichkeiten zu erzielen, ist statistisch allerdings fragwürdig. Dies ist ein wesentlicher Grund, weshalb ein Schwerpunkt dieser Arbeit auf der Merkmalsaufbereitung lag. Ziel war es, eine möglichst realistische Abbildung der genetischen Parameter zu erhalten, um eine Überschätzung der Heritabilitäten auszuschließen.

Ein weiterer zentraler Aspekt betrifft die verwendete Messmethode. In der vorliegenden Studie kam der LMD zum Einsatz, der punktuelle Emissionsmessungen über kurze Zeitintervalle liefert. Diese Methode ist zwar praxisnah und tierfreundlich, erfasst jedoch nur kurzfristige Ausschnitte der Emissionstätigkeit und unterliegt daher einer hohen tageszeitlichen und situativen Variation. In der Literatur wird bei Methanmessungen mit dem LMD regelmäßig von niedrigeren Heritabilitäten berichtet, wie auch Pickering et al. (2015) ($h^2 = 0,05$) und Mühlbach (2022) bestätigten. Dagegen führten Methoden wie die Sniffer-Methode, die SF₆-Tracer-Technologie oder Messungen in Respirationskammern häufig zu höheren Heritabilitätsschätzungen

(Garnsworthy et al., 2019). Diese Unterschiede unterstreichen die Bedeutung der Messmethode für die Schätzung genetischer Parameter.

Des Weiteren können Unterschiede im Wert der Heritabilität aufgrund der Merkmalsdefinition und Merkmalsaufbereitung zustande kommen. In dieser Studie wurde mit den Residuen der Methanphänotypen gearbeitet, um den genetischen Anteil der Methanproduktion herauszuarbeiten. Diese Residuen spiegeln stärker den genetischen Anteil wider, können aber auch zu einer Unterschätzung der genetischen Varianz führen, wenn durch die Korrektur biologische Unterschiede mit eliminiert werden. Andere Studien verwendeten die tägliche Methanproduktion, die Methanintensität oder den Methanertrag als Merkmale. Dies verdeutlicht, die Unterschiede, welche dem Begriff Methanmerkmal unterliegen.

Die Merkmale $\text{resCH}_4_{\text{respsum}}$ ($h^2 = 0,024$) und $\text{resCH}_4_{\text{respmean}}$ ($h^2 = 0,022$) beziehen sich auf die Respirationsphase, die etwa 67 % des Methanausstoßes ausmacht. Diese Phase ist physiologisch konstanter und weniger anfällig für Extremwerte als die Eruktionsphase. Daher sind die Schätzungen dieser Merkmale stabiler und weisen vergleichsweise höhere Heritabilitäten auf als die anderen Merkmale.

Durch den zweistufigen Modellansatz (Modell I und Modell IIa) könnten genetische Varianzanteile teilweise doppelt korrigiert worden sein. Obwohl Modell IIa unabhängig von den festen Effekten aus Modell I aufgebaut wurde, kann eine Überlappung nicht vollständig ausgeschlossen werden, was zu einer Unterschätzung der Heritabilitäten führen könnte.

Die Ergebnisse deuten auf eine geringe züchterische Beeinflussbarkeit der Methanemissionen auf Basis der Residuen-Methanmerkmale hin. Gleichzeitig ist zu berücksichtigen, dass die niedrigen Werte auch methodisch bedingt sein könnten. Es ist denkbar, dass Heritabilitäten aus Studien mit unbereinigten phänotypischen Werten tendenziell überschätzt werden. Für eine Verbesserung der Schätzgenauigkeit wären mehrfache Wiederholungsmessungen pro Tier und vereinheitlichte Mess- und Definitionsprotokolle für die Merkmalerstellung empfehlenswert. Diese Ansätze könnten die Stabilität der Methanmerkmale erhöhen und zu realistischeren genetischen Parametern führen.

5.6.5.2 Zuchtwertkorrelationen zwischen Methan- und Zuchtzielmerkmalen

Die Analyse der Zuchtwertkorrelationen diene der Beurteilung, ob eine züchterische Selektion auf eine Reduktion der Methanemissionen potenziell unerwünschte genetische Zusammenhänge mit etablierten Zuchtzielmerkmalen aufweisen würden.

Hierzu wurden die mit DMU aus dem Modell IIa geschätzten Zuchtwerte für die in Tabelle 67 dargestellten Residuen-Methanmerkmale mit den ebenfalls in DMU ermittelten Zuchtwerten für Produktions-, Gesundheits- und Fruchtbarkeitsmerkmale korreliert. Grundlage der Analyse bildeten 126 Bullen, für die jeweils mindestens fünf Töchterleistungen vorlagen.

Tabelle 67: Zuchtwertkorrelationen zwischen den Residuen-Methanmerkmalen und ausgewählten Zuchtzielmerkmalen, n = 126 Bullen mit mindestens 5 Töchterleistungen

Zuchtziel- merkmale	Methanmerkmale			
	resCH4_respsum	resCH4_allmean	resCH4_respmean	resCH4_erucmean
Mkg ¹	0,02	-0,02	-0,01	-0,02
ECM ²	0,02	0,00	0,03	-0,10
Pkg ³	0,11	0,01	0,06	-0,12
Fkg ⁴	0,05	0,05	0,10	-0,10
FPr ⁵	-0,05	0,02	0,05	-0,08
PPr ⁶	0,16	0,02	0,04	-0,04
FEQ ⁷	-0,16	0,03	0,07	-0,09
SCS ⁸	0,03	0,07	0,06	0,09
RAST ⁹	-0,15	-0,10	-0,10	-0,07
EKA ¹⁰	0,36	0,27	0,33	0,02

¹Mkg: Testtags-Milchmenge [kg]; ²ECM: Energiekorrigierte Milchmenge [kg]; ³Pkg: Proteinmenge [g]; ⁴Fkg: Fettmenge [g]; ⁵FPr: Fettgehalt [%]; ⁶PPr: Proteingehalt [%]; ⁷FEQ: Fett-Eiweiß-Quotient; ⁸SCS: Somatic cell score; ⁹RAST: Rastzeit [d]; ¹⁰EKA: Erstkalbealter [d]

Die Ergebnisse zeigten, dass Methan – sofern es als neues Zuchtzielmerkmal eingeführt würde – keine negativen genetischen Zusammenhänge mit den bereits etablierten Zuchtzielmerkmalen aufweisen würde. Die in Tabelle 68 dargestellten Korrelationskoeffizienten belegten, dass zwischen den Residuen-Methanmerkmalen (resCH4_allmean, resCH4_respmean, resCH4_respsum) und dem EKA moderate positive Korrelationen von $r_p = 0,27-0,36$ bestanden. Diese Korrelation verdeutlicht, dass Kühe mit höherem Erstkalbealter tendenziell mehr Methan emittieren. Umgekehrt stoßen Tiere, die früher kalben, geringere Mengen Methan aus. Da das Erstkalbealter bekanntermaßen negativ mit der Milchleistung korreliert (Pirlo et al., 2000; Ruiz-Sánchez et al., 2007), erscheint es nicht sinnvoll, die beobachtete positive Korrelation zwischen den Residuen-Methanmerkmalen und dem EKA im Sinne einer indirekten Selektion auf reduzierte Methanemissionen zu nutzen.

Für die übrigen untersuchten Merkmale – insbesondere die Produktionsmerkmale (Mkg, ECM, Pkg, Fkg, FPr, PPr) sowie Gesundheitsindikatoren und Fruchtbarkeitsmerkmale (SCS, FEQ, RAST) – konnten nur schwache bis sehr geringe Korrelationen beobachtet werden. Damit bestehen keine Hinweise auf genetisch

antagonistische Beziehungen zwischen den Residuen-Methanmerkmalen und den derzeitigen Zuchtzielen.

Insgesamt heben die vorliegenden Ergebnisse hervor, dass eine züchterische Selektion auf geringere Methanemissionen keine nachteiligen genetischen Koppelungen mit Leistungs-, Gesundheits- oder Fruchtbarkeitsmerkmalen erwarten lässt und somit kompatibel mit bestehenden Zuchtzielen wäre.

6 Kapitel III: Genomweite Assoziationsstudien

In diesem Kapitel wird die genomweite Assoziationsstudie (Genome Wide Association Study, GWAS) adressiert. Die GWAS dient dazu SNPs potenzieller Kandidatengene zu identifizieren, deren Eigenschaften mit der Methanproduktion von Milchkühen assoziiert werden können.

Als phänotypisches Merkmal für die GWAS wurde das Residuen-Methanmerkmal $\text{resCH}_4\text{_respsum}$ verwendet. Dieses Merkmal zeigte – wie in Kapitel II beschrieben – die höchste Heritabilität (in DMU berechnet) aller untersuchten Residuen-Methanmerkmale und stellte somit eine geeignete Grundlage für die genomischen Analysen dar.

6.1 Spezifikation des genomischen Modells

Die genomweiten Assoziationsanalysen basierten auf einem univariaten linearen gemischten Modell (Modell IIb), das in seiner Struktur dem zuvor beschriebenen Modell II entspricht, jedoch um einen additiv-genetischen Effekt und den permanenten Umwelteffekt erweitert wurde.

Den genetischen Analysen lag demnach das folgende Modell (Modell IIb) zugrunde:

$$Y_{ijklmnop} = \mu + KA_i + LA_j + ZGG_S_k + KJ_l + TS_m + R_n + a_o + pU_p + e_{ijklmnop}$$

mit

$Y_{ijklmnop}$	=	$\text{resCH}_4\text{_respsum}$
μ	=	Allgemeiner Mittelwert
KA_i	=	Kovariable Kalbealter in Monaten
LA_j	=	Fixer Effekt der j-ten Laktationsnummer (3 Klassen)
ZGG_S_k	=	Fixer Effekt der k-ten Zeitgefährtengruppe aus Betrieb*Saison in der CH_4 gemessen wurde (19 Klassen)
KJ_l	=	Fixer Effekt des l-ten Kalbejahres (5 Klassen)
TS_m	=	Fixer Effekt des m-ten Laktationsstatus (2 Klassen)
R_n	=	Fixer Effekt der n-ten Fütterung (3 Klassen)
a_o	=	Zufälliger additiv-genetischer Tiereffekt (Pedigree- & genomische Verwandtschaft)
pU_p	=	Zufälliger permanenter Umwelteffekt
$e_{ijklmnop}$	=	Zufälliger Resteffekt

Die Analysen wurden mit den Programmen der BLUPF90-Softwarefamilie durchgeführt (Misztal et al., 2018). Für die genomischen Analysen wurde der Tiereffekt als zufälliger additiv-genetischer Effekt modelliert, der sowohl die pedigree-basierte als auch die genomische Verwandtschaft berücksichtigte. Zudem wurde der permanente Umwelteffekt in das Modell integriert, um wiederholte Messungen pro Tier adäquat zu berücksichtigen.

Zur Schätzung der Heritabilität und der Wiederholbarkeit des Merkmals $\text{resCH}_4_{\text{respsum}}$ wurde das Programm AIREMLF90 aus der BLUPF90-Familie verwendet. Dieses Programm nutzt ein restricted-maximum-likelihood (REML)-Verfahren, das eine effiziente Schätzung der Varianzkomponenten bei komplexen gemischten Modellen ermöglicht.

Die so geschätzten genetischen Parameter bildeten die Grundlage für die anschließende genomweite Assoziationsanalyse, in der einzelne SNPs auf ihren Einfluss auf das Methanmerkmal überprüft wurden.

6.2 Methodik der Single-Step-GWAS

Die single-step-genomweite Assoziationsstudie (ssGWAS) ist eine Methode, die genomische Marker-Informationen und pedigreebasierte Daten in ein Modell integriert, um Assoziationen zwischen Genotypen und Phänotypen zu analysieren. Hierzu wird die additive genetische Verwandtschaftsmatrix A durch die genomische Verwandtschaftsmatrix G erweitert, woraus die kombinierte Verwandtschaftsmatrix H resultiert. In einem ersten Schritt wurden mit dem Programm ssBLUP genomische Zuchtwerte (gEBV) geschätzt, um die SNP-Effekte mit folgender Gleichung rekonstruieren zu können:

$$\hat{\mathbf{u}} = \frac{1}{2 \sum p_j(1 - p_j)} \mathbf{W}' \mathbf{G}^{-1} \hat{\mathbf{a}}$$

wobei p die Allelhäufigkeit für SNP j ist, W die Matrix ist, die die Genotypen der SNP minus das Zweifache der Allelhäufigkeit für jeden SNP mit der Dimension $\# \text{Tier} \times \# \text{SNP}$ enthält, G die genomische Beziehungsmatrix ist und $\hat{\mathbf{a}}$ der gEBV ist. Die p-Werte für die SNP-Effekte wurden mit der Funktion „OPTION snp_p_value“ ermittelt, welche in dem Softwarepaket POSTGSF90 der BLUPF90-Familie enthalten ist (Aguilar et al.,

2019). Die effektive Anzahl unabhängiger SNP ($n_{\text{SNP}} = 37.063$) wurde mit der Software „Genetic type 1 Error Calculator“ (Li et al., 2012) berechnet, um das genomweite Signifikanzniveau nach Bonferroni zu definieren ($p_{\text{BF}} = 0,05/n_{\text{SNP}} = 1,35 \cdot 10^{-6}$). Überdies wurde in Anlehnung an Kurz et al. (2019) und Klein et al. (2020) ein weniger konservativer normativer Signifikanzschwellenwert (= Kandidatenschwellenwert) zur Identifizierung von Kandidaten-SNP verwendet, der als $p_{\text{CD}} = 1,00 \cdot 10^{-4}$ definiert wurde. Der Quantil-Quantil-Plot (QQ-Plot) und der Inflationsfaktor (λ) wurden dargestellt, um die Überschätzungen der SNP-Effekte widerzuspiegeln. Annotierte Gene, die sich in einem Umkreis von 100 kbp (Kilobasenpaare) vor oder nach dem signifikant assoziierten Kandidaten-SNP befanden, wurden mithilfe der Datenbank „Ensembl“ auf der Grundlage des *Bos-taurus-ARS-UCD1.2*-Genoms (Yates et al., 2020) ermittelt. Anschließend wurden die physiologischen Funktionen potenzieller Kandidatengene mithilfe der „Ensembl“-Datenbank und durch Literaturrecherche überprüft.

6.3 Visualisierung der genomischen Assoziationen

Die SNPs, welche mit der genetischen Variation von $\text{resCH}_4_{\text{respsum}}$ aus der ssGWAS assoziiert sind, werden im Manhattan-Plot in Abbildung 29 dargestellt. Die GWAS ergab interessante potenzielle Kandidatengene, die mit der CH_4 -Emission bei Milchkühen assoziiert sein könnten. Es konnten 73 potenzielle Kandidatengene anhand 23 signifikanter SNPs oberhalb der definierten Schwelle (Suggestivschwelle, $p_{\text{CD}} = 1 \cdot 10^{-4}$) auf 13 verschiedenen Chromosomen annotiert werden. Dabei wurden zwölf der signifikanten SNPs direkt in Genen lokalisiert (vgl. Tbl. 69). Auf Chromosom 7 befanden sich die meisten signifikanten SNPs, die mit der CH_4 -Emission assoziiert waren.

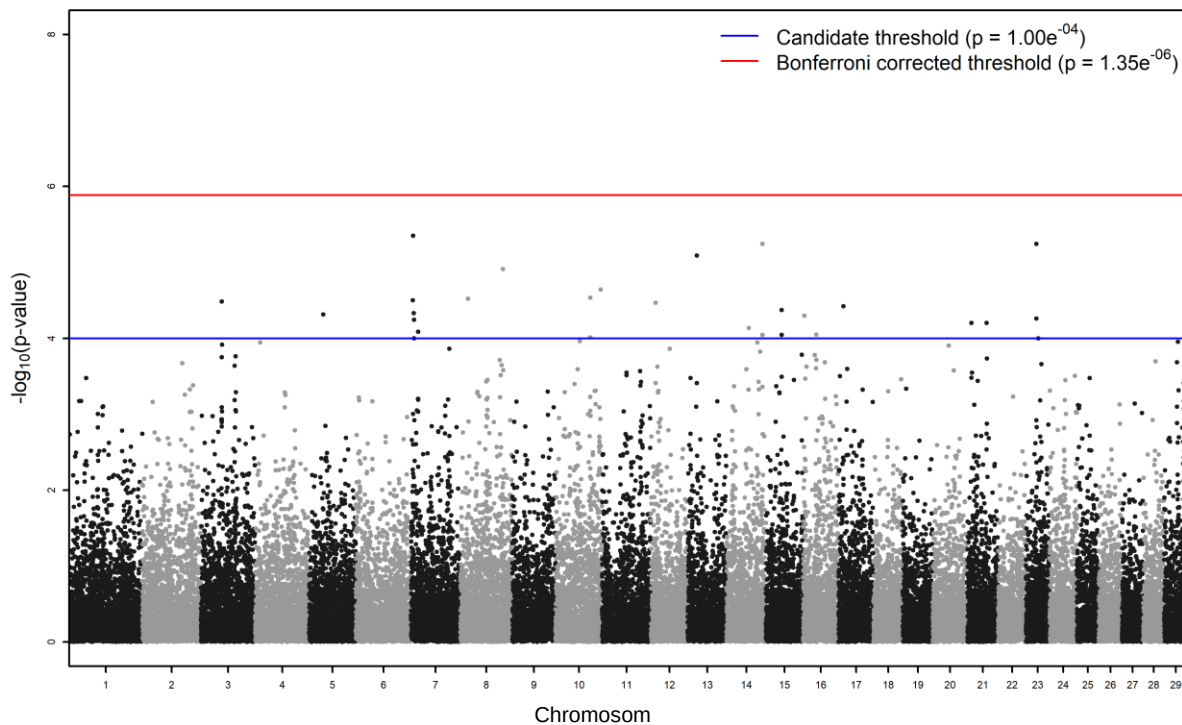


Abbildung 29: Manhattan-Plot für $-\log_{10}$ p-Werte von SNP-Effekten für das Merkmal resCH4_respsum bei HF- und DSN-Kühen. Die rote Linie zeigt den Wert der Suggestivschwelle ($p_{CD} = 1,00 \cdot 10^{-4}$), die blaue Linie zeigt den Bonferroni-korrigierten Schwellenwert ($p_{BF} = 1,35 \cdot 10^{-6}$). Die grauen und schwarzen Punkte zwischen den Linien zeigen die signifikanten SNPs für das Methanmerkmal resCH4_respsum an

Der QQ-Plot (Abb. 30) zeigt, dass die Abweichung des beobachteten $-\log_{10}$ p-Wertes von den erwarteten Werten nicht signifikant war (Lambda-Wert: 1,33). Die SNPs, bei denen eine Abweichung von den erwarteten Werten festgestellt wurden, wurden als SNPs interpretiert, die mit dem Merkmal resCH4_respsum assoziiert waren.

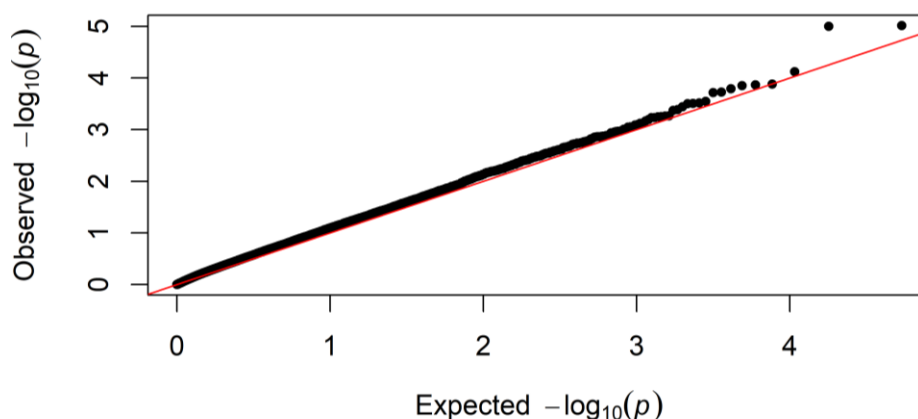


Abbildung 30: Darstellung des Quantil-Quantil-Plots der beobachteten gegenüber den erwarteten $-\log_{10}$ p-Werten

6.4 Ergebnisse und Diskussion der genomweiten

Assoziationsanalysen

Tabelle 68 gibt einen Überblick über die Häufigkeit der CH₄-Messungen in den einzelnen Betrieben, über die durchschnittlichen Werte des Merkmals $\text{resCH}_4_{\text{respsum}}$ und über die durchschnittliche Milchleistung [kg] in jeden Betrieb, während des Messzeitraumes. Die Anzahl der Messungen war nicht gleichmäßig über alle Betriebe verteilt und hing von der Häufigkeit der Besuche auf den jeweiligen Betrieben ab. Der Durchschnittswert für das Merkmal $\text{resCH}_4_{\text{respsum}}$ zeigte eine Spanne von -4,06 bis +4,59 über alle Betriebe. Dies lässt betriebliche Unterschiede in diesem Merkmal erkennen. Diese Unterschiede könnten u. a. auf unterschiedliche Betriebsstrukturen und verschiedene Fütterungen zurückzuführen sein. Aus den Informationen der Tabelle 18 und Tabelle 68 wird ersichtlich, dass zwei kommerzielle Betriebe (Betrieb 2 und Betrieb 4) mit energiereicher TMR und hoher Milchleistung niedrige Werte für das Merkmal $\text{resCH}_4_{\text{respsum}}$ aufzeigen. Aber auch, dass solch ein Betrieb (Betrieb 3) hohe Werte für das Merkmal $\text{resCH}_4_{\text{respsum}}$ aufweisen kann.

Tabelle 68: Anzahl der Methanmessungen nach Betrieben mit Mittelwert (MW) $\text{resCH}_4_{\text{respsum}}$ und der erfassten durchschnittlichen Milchmenge [kg] je Betrieb

Betrieb	Anzahl CH ₄ -Profile	MW $\text{resCH}_4_{\text{respsum}}$	Ø Milchmenge [kg]
1	154	-4,59	25,4
2	427	-2,56	35,7
3	208	-0,70	41,1
4	192	-1,11	37,9
5	198	-2,65	18,2
6	179	-0,02	25,3
7	130	-1,79	32,6
8	41	-1,42	17,9
9	386	-0,26	22,6
10	113	-4,06	14,3
Gesamt	2.028	-0,001	27,1

Es ist kein erkennbares Muster in der Produktion der CH₄-Emissionen, welches auf die Haltungsbedingungen oder die Fütterung zurückzuführen wäre, vorhanden. Tabelle 68 lässt keinen eindeutigen Zusammenhang zwischen dem Merkmal $\text{resCH}_4_{\text{respsum}}$ und der Milchleistung [kg] erkennen. Sowohl niedrige als auch hohe Milchleistung sind

kombiniert mit niedrigen Durchschnittswerten des Merkmals $\text{resCH}_4_{\text{respsum}}$. Betrieb 10 hat einen durchschnittlichen $\text{resCH}_4_{\text{respsum}}$ -Wert von $-4,06$ mit der niedrigsten durchschnittlichen Milchleistung von $14,3$ kg und Betrieb 2 hat einen niedrigen Mittelwert $\text{resCH}_4_{\text{respsum}}$ -Wert von $-2,56$ mit einer hohen durchschnittlichen Milchleistung von $35,7$ kg. In Abbildung 31 ist die Streuung der Methanemissionen in Abhängigkeit von der Milchleistung in einer Boxplot-Verteilung dargestellt. In diesem Datensatz ließ sich keine Abhängigkeit zwischen den beiden Merkmalen erkennen. Dies könnte darauf hinweisen, dass die Genetik der Milchproduktion nicht mit der Genetik der CH_4 -Produktion zusammenhängt.

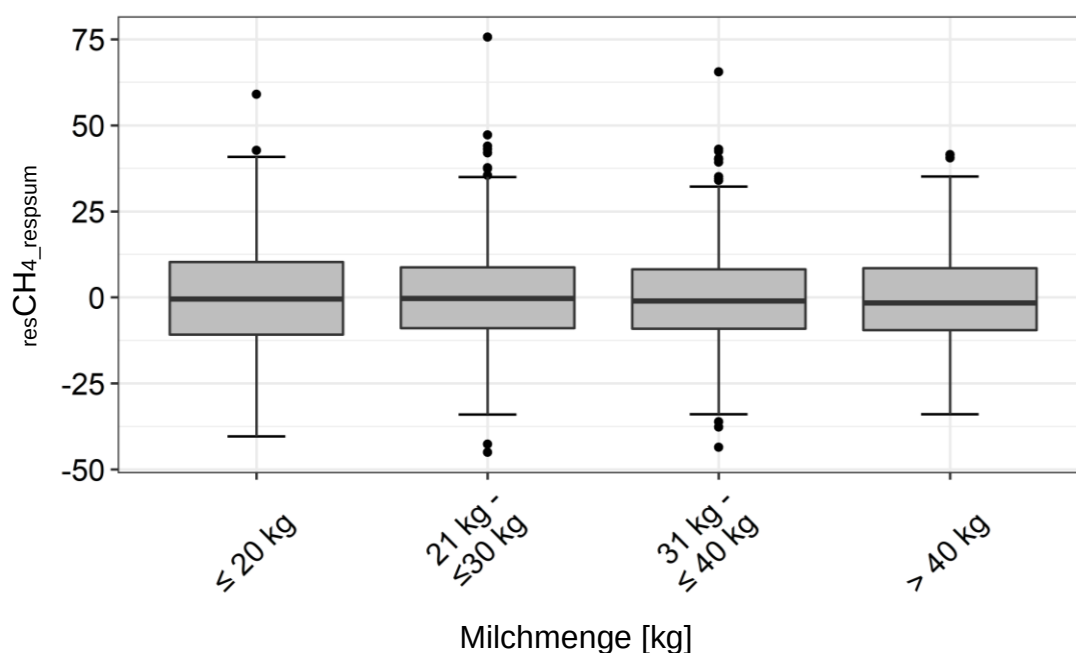


Abbildung 31: Boxplot-Verteilung des Merkmals $\text{resCH}_4_{\text{respsum}}$ in Abhängigkeit von der Milchmenge [kg]

Die geschätzte genomische Heritabilität von $0,017$ ($\text{SE} = 0,02$) für das Merkmal $\text{resCH}_4_{\text{respsum}}$ war niedrig. Dies deutet darauf hin, dass Methan ein polygenes Merkmal ist, und es wird deutlich, dass die Methanproduktion durch exogene Faktoren beeinflusst wird. Der Hauptteil der CH_4 -Produktion findet im Pansen statt, wobei die Produktion stark von der Pansenaktivität, sowie den Inhaltsstoffen des Pansens beeinflusst wird, was eine Ursache für die niedrigen Heritabilitäten sein könnte (Brade & Wimmers, 2016; Bielak, 2019). Die CH_4 -Emission stellt sich als ein indirektes Merkmal dar. Einfluss auf die CH_4 -Produktion zu nehmen, ist durch die Beeinflussung des Pansenmikrobioms, durch eine veränderte Futterzusammensetzung oder durch

die individuelle Mikrobiom-Diversität, insbesondere der methanogenen Bakterien, möglich (Brade & Distl, 2015; Pitta et al., 2022). Es sollte erwogen werden, ob durch Einbeziehung des Mikrobioms in statistische Modelle der CH₄-Emission die Werte der Heritabilität erhöht werden können, da das Mikrobiom teilweise vom Wirtsgenom abhängt (Roehe et al., 2016). Andere Studien schätzten höhere Pedigree-basierte Heritabilitäten, wie z. B. $h^2 = 0,27$ (Pszczola et al., 2017). Hier sei anzumerken, dass meistens ein berechnetes CH₄-Merkmal zur Vorhersage der CH₄-Produktion [g/d], verwendet wurde und nicht die Residuen der Methanmerkmale.

In dieser Studie wurden wiederholte Messungen durchgeführt, jedoch nicht an aufeinander folgenden Tagen, wie in der Arbeit von Mühlbach (2022), sondern mit einem größeren zeitlichen Abstand von teilweise über vier Wochen, sodass sich die Kühe teilweise in einem anderen Leistungsabschnitt befanden. Es wurden demnach keine Durchschnittswerte für Kühe mit wiederholten Messungen ermittelt, sondern jede Messung wurde individuell betrachtet. Die Wiederholbarkeit der LMD-Methanmessungen wurde berechnet und war mit $R = 0,03$ sehr gering, was ebenfalls darauf hinweist, dass das Merkmal $\text{resCH}_4_{\text{respsum}}$ durch ein hohes Maß an Variabilität gekennzeichnet ist, wodurch der züchterische Einfluss auf die Methanemissionen erschwert wird, trotz der in dieser Arbeit bereits sehr umfangreich durchgeführten Datenerhebung.

Wiederholte Messungen durchzuführen ist für genetische Studien wichtig, da diese die Genauigkeit der geschätzten genetischen Parameter erhöhen. Individuelle Schwankungen (Tagesform, Messfehler) werden besser abgebildet. Dies ermöglicht eine bessere Schätzung des „wahren“ genetischen Wertes. Genauso gelingt eine bessere Trennung von Umwelteinflüssen und genetischen Effekten. Wiederholungsmessungen erlauben es, dauerhafte Umweltfaktoren (z. B. Stallklima, Fütterung) von temporären Effekten (z. B. Krankheit, Stress) zu unterscheiden. Dadurch kann man genetische Effekte klarer isolieren, was für Zuchtwertschätzungen essenziell ist (Ponzi et al., 2018; Jablonszky & Garamszegi, 2024). Grundsätzlich sind wiederholende Messungen anzustreben, da sie die Genauigkeit des Modells verbessern, indem sie es ermöglichen Schwankungen (Tagesform des Tieres, Messungenauigkeiten etc.) besser zu mitteln, Umwelteinflüsse besser zu selektieren und dadurch die genetischen Eigenschaften der Tiere deutlicher zu isolieren. Für zukünftige Arbeiten wäre demnach ein Schwerpunkt mehr wiederholende Messungen, ggf. an einer geringeren Anzahl an Tieren durchzuführen, um die Wiederholbarkeit zu verbessern.

Tabelle 69 und Tabelle 70 geben einen Überblick über die annotierten potenziellen Kandidatengene, die auf Basis der SNPs über der Kandidatenschwelle ($p_{CD} = 1e^{-4}$, $-\log_{10}$; p-Wert = 4,0) im Manhattan-Plot identifiziert wurden. In den Tabellen wird das Chromosom, welches dem BTA entspricht, angegeben, auf dem der SNP gefunden wurde. Außerdem werden der Gen-Name, die Funktion und die Gen-Position der Gene, die in der Nähe der signifikanten SNPs liegen, angegeben. Ebenso ist die rs-Nummer in den Tabellen aufgeführt. Diese identifiziert die Position des entsprechenden SNP auf dem zugehörigen BTA.

Tabelle 69 enthält annotierte potenzielle Kandidatengene, die in einer Region von 100 kbp um die signifikanten SNPs gefunden wurden. Hier wurden nur SNPs auf BTA aufgeführt, die mit Genen von Interesse assoziiert sind.

Tabelle 70 zeigt dabei elf annotierte Gene, auf denen 14 assoziierte SNP gefunden wurden.

Tabelle 69: Position und Beschreibung potenzieller Kandidatengene, die sich im Intervall von 100 kbp um einen suggestiv assoziierten SNP für das Merkmal $resCH_4_{respsum}$ befinden

BTA ¹	Gen-Name/Gen-ID	Gen-Position	rs-Nummer	Funktion/Beschreibung
7	Arrestin-Domäne enthält 2 (ARRDC2)	5175099-5179620	rs41655676	Proteincodierung, Beteiligung an Regulierung Muskelmasse
	NADH: Ubichinon-Oxidoreduktase-Untereinheit A13 (NDUFA13)	3801697-3810659	rs110464668	Proteincodierung, Bestandteil des mitochondrialen Komplex I, beteiligt an zellulären Stoffwechsel
	UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyl transferase 3 (B3GNT3)	5344443-5364373	rs41655676	Proteincodierung, Beteiligung an Stoffwechselvorgänge
8	Nipsnap Homolog 3A (NIPSNAP3A)	94568397-94581931	rs43572486	Proteinbindung, Ketose, BHB-Konzentration im Blut
	ATP-Bindungskassette Unterfamilie A Mitglied 1 (ABCA1)	94603862-94719841	rs43572486	Proteincodierung: Cholesterin-Efflux-regulierender zellulärer Lipidtransport, exprimiert im Euter, beteiligt an Milchfettsynthese
10	Zinkfinger vom CCCH-Typ mit 14 (ZC3H14)	100258195-100300825	rs42653242	Proteinbindung, beteiligt an Milchfett- und Proteinproduktion

¹BTA: Bos-Taurus-Autosom

Tabelle 70: Position und Beschreibung potenzieller Kandidatengene, die auf Basis signifikanter SNP oberhalb der Kandidatenschwelle auf bestimmten Chromosomen (BTA) identifiziert wurden und somit mit dem Merkmal $resCH_4_{respsum}$ assoziiert sind. In dieser Tabelle sind alle identifizierten SNPs, welche auf potenziellen Kandidatengen gefunden wurden, aufgelistet

BTA ¹	Gen-Name/Gen-ID	Gen-Position	rs-Nummer	Funktion/Beschreibung
3	ENSBTAG000000017670	54901260-54983375	rs108949614	Guanylat-Bindungsprotein 1, Proteincodierung
7	Mikrotubuli assoziierte Serin/Threonin-Kinase 3 (MAST3)	5074524-5102746	rs41255569	Proteincodierung, exprimiert in antigenpräsentierenden Zellen und Lymphozyten im Euter
	Solute-Carrier-Familie 5 Mitglied 5 (SLC5A5)	5262909-5273072	rs41655676	kodierend für einen Natriumjodid-Symporter, exprimiert im Labmagen, antioxidative, antimikrobielle Aktivität bei Rindern
10	Echinoderm-Mikrotubuli assoziiertes Protein Typ 5 (EML5)	100303249-100460074	rs42653242	Proteincodierung
12	Von-Willebrand-Faktor-A-Domäne 8 enthaltend (VWA8)	11675264-12071822	rs29017373	Proteincodierung
13	Nebulette (NEBL)	22100371-22214013	rs109993833	Proteincodierung
	ENSBTAG000000017670	54901260-54983375	rs108949614	Guanylat-Bindungsprotein 1, Proteincodierung
14	mitochondriales ribosomales Protein S28 (MRPS28)	43120078-43222183	rs110111002	Proteincodierung
	Solute-Carrier-Familie 26 Mitglied 7 (SLC26A7)	73063026-73212030	rs41613924	Proteincodierung
	Solute-Carrier-Familie 26 Mitglied 7 (SLC26A7)	73063026-73212030	rs109130617	Proteincodierung
15	SRY-Box-Transkriptionsfaktor 6 (SOX6)	35833980-36542301	rs41666789	Proteincodierung, Skelettentwicklung, Futterverwertung bei Haarschafen
	SRY-Box-Transkriptionsfaktor 6 (SOX6)	35833980-36542301	rs43159267	Proteincodierung
16	Retinoblastom-bindendes Protein 5 (RBBP5)	2866469-2905597	rs109367390	Untereinheit des Histon-Lysin-Methyltransferase-Komplexes, herunterreguliert bei Mastitiden
	AKT Serin-/Threonin-Kinase 3 (AKT3)	33368079-33633753	rs41799912	Proteincodierung
23	Gen 1 Polyzystische Nieren- und Lebererkrankung (PKHD1)	24075070-24509308	rs109825181	PKHD1 ziliäre IPT-Domäne, die Fibrocystin/Polyductin enthält (Re-/Organisation des Zytoskeletts), Proteincodierung

¹BTA: Bos-Taurus-Autosom

Interessante potenzielle, annotierte Kandidatengene, wie z. B. das *ABCA1*-Gen, die über die signifikanten SNPs auf BTA 7, 8 und 10 detektiert wurden, sind unter anderem für Aufgaben in Stoffwechselprozessen, Verdauungsvorgängen oder bei der Synthese von Milchfett und weiteren Milchinhaltsstoffen (Mani et al., 2009; Cui et al., 2014; Khan et al., 2020) zuständig.

Weitere mit dem Merkmal *resCH₄_respsum* assoziierte Gene, wie z. B. das *PKHD1*-Gen, wurden in anderen Studien im Kontext der täglichen Gewichtszunahme, der Restfutteraufnahme, der Milchproduktion und der Milchzusammensetzung mit Proteinausbeute und Milchfettsäuren, sowie der Produktion kurzkettiger Fettsäuren (KKFS, SCFA) beschrieben (Pzsczola et al., 2018; Calderón-Chagoya et al., 2019).

Auch signifikante SNPs auf BTA 7, 13, 15, und 23 wurden in den Studien von Haas et al. (2011) und Pickering et al. (2015) im Zusammenhang mit Methanemissionen genannt.

Der in dieser Studie am stärksten mit dem Merkmal *resCH₄_respsum* assoziierte SNP (ARS-BFGL-NGS-3116) gemäß Kandidatengenschwelle mit der rs-Nummer 110464668 (3.777.072 bp) befand sich auf BTA 7 und ist mit dem Gen *NDUFA13* annotiert, das eine Rolle bei der Bemuskulung von Nellore-Rindern spielt (Carreño et al., 2019).

Die drei folgenden SNPs auf BTA 7 wurden ebenfalls mit *resCH₄_respsum* assoziiert: rs41255569 (5.074.707 bp), rs41655676 (5.269.288 bp) und rs41655676 (5.269.288 bp). Die entsprechende genomische Region mit einer Größe von 13,5 mega-Basenpaaren (Mbp) enthält das potenzielle Kandidatengen *MAST3*, welches bei Kühen während einer Mastitis exprimiert wird (Welderufael et al., 2018), das *SLC5A5*-Gen, welches die Bildung von Jod-Symportern in der Labmagenwand codiert (Xiang et al., 2016), das *ARRDC2*-Gen, welches mit der Regulierung von Muskelmasse zusammenhängt (Gordon et al., 2019) und das *B3GNT3*-Gen, das an einigen Stoffwechselvorgängen beteiligt ist (Khan et al., 2020).

Das genomische Segment auf BTA 8 enthält den signifikanten SNP rs43572486 (94.596.474 bp), welcher mit dem folgenden annotierten potenziellen Kandidatengen *NIPSNAP3A* assoziiert ist. Dieses Gen wird mit der Entwicklung von Hyperketonämie und einer hohen β -Hydroxybutyrat (BHB)-Konzentration im Blut von Milchkühen in Verbindung gebracht (Yepes et al., 2019). Dies könnte für einen Zusammenhang zwischen Methanemissionen und der Ausprägung von Stoffwechseldysbalancen, genauer von Ketose, sprechen.

Dadurch wird die enge Verknüpfung der Methanproduktion mit dem Stoffwechsel und damit der Gesundheit einer Milchkuh implementiert. Somit ist die mögliche Zucht auf niedrig emittierende Kühe mit großer Sorgfalt zu betrachten, um eine Benachteiligung der Tiere in jedem Fall zu vermeiden.

Der signifikante SNP rs43572486 auf BTA 8 annotiert weiterhin das *ABCA1-Gen*, welches an der Cholesterinsynthese beteiligt ist und eine hohe Cholesterinkonzentration in der Milch hervorrufen kann, weil es den Cholesterinfluss der epithelialen Milchdrüsenzellen reguliert und entsprechend die Milchfettsynthese beeinflusst (Farke et al., 2006; Kessler et al., 2014; Do et al., 2020).

Ein weiterer durch den Manhattan-Plot identifizierter SNP mit rs42653242 (100.386.078 bp) auf BTA 10 wurde detektiert. Dieser annotiert das potenzielle Kandidatengen *ZC3H14*, welches an der Milchprotein- und Milchfettzusammensetzung beteiligt ist (Cui et al., 2014). Die Milchfettsäuren korrelieren mäßig mit CH₄-Emissionen (Dijkstra et al., 2011; van Lingen et al., 2014). Ein Grund dafür ist, dass das Milchfett zu etwa 50 % aus SCFA besteht, die im Pansen gebildet werden (Brade & Distl, 2015). Es besteht also eine Abhängigkeit zwischen der Produktion von SCFA und CH₄, da beide hauptsächlich im Pansen produziert werden. SCFA sind die Hauptprodukte bei der Fermentation von rohfaserreichen Nährstoffen, wobei gleichzeitig H₂ als Nebenprodukt entsteht. 4H₂ reagieren mit CO₂ zu CH₄ und H₂O. Dieser Vorgang ist notwendig, um eine zu hohe H₂-Konzentration im Pansen zu verhindern. Diese würde die Stabilität des Pansenmilieus negativ beeinflussen, denn H₂ ist ein Protonendonator. Somit würde durch einen zu hohen Wasserstoffgehalt der Pansen-pH absinken, was die Produktivität der Pansenmikroorganismen verringert und eine Gefahr der Pansen-Azidose darstellt (von Engelhardt et al., 2015). CH₄ kann von der Kuh nicht weiter verstoffwechselt werden und stellt somit einen Energieverlust für das Tier dar, der an die Umwelt abgegeben wird. Brade und Wimmers (2016) beziffern den Energieverlust auf 5-12 %. SCFA sind der Hauptenergielieferant im Stoffwechselkreislauf der Rinder, sie übernehmen die analoge Funktion der Glukose im Stoffwechsel anderer Säugetiere. Bei der Verstoffwechselung von Glukose bzw. SCFA werden überwiegend ATP-Moleküle synthetisiert, die wiederum die Hauptenergiequelle im Zellstoffwechsel der Säugetiere darstellen. Dies verdeutlicht die Bedeutung des Pansenmikrobioms, v.a. die Berücksichtigung der methanogenen Bakterien, da diese für den Großteil der Methanproduktion verantwortlich sind, auch wenn kein Kandidatengen, welches mit der Pansenflora und Methan assoziiert ist, gefunden werden konnte.

Die Einbeziehung der methanogenen Bakterien in die Modellierung eines Methanmerkmals könnte ein bedeutender Ansatzpunkt sein, um die Methanproduktion zukünftig noch besser beurteilen und ggf. auch beeinflussen zu können (Brade & Distl, 2015; Pitta et al., 2022).

Die in dieser Studie identifizierten SNPs könnten in genomische Selektionsprogramme für niedrige CH₄-Emissionen einbezogen und mit anderen Datensätzen überprüft werden, um Instrumente für die genomische Selektion auf globaler Basis bereitzustellen. Eine Erweiterung dieser Arbeit könnte darin bestehen, die spezifischen Regionen zu sequenzieren, in denen die signifikanten Marker gefunden wurden.

Das Ergebnis dieser Arbeit macht deutlich, dass es sich bei der Reduktion der Methanemissionen von Milchkühen um eine indirekte Selektion handeln wird. Dies lässt sich auf die Eigenschaften der Gene zurückführen, mit denen die signifikanten SNPs des Merkmals $\text{resCH}_4_{\text{respsum}}$ assoziiert sind.

7 Schlussfolgerungen

Ziel dieser Studie, die als Grundlagenforschung im Bereich der Tierzucht durchgeführt wurde, war es, zu prüfen, ob Methanemissionen von Milchkühen züchterisch beeinflusst werden können. Die Ergebnisse zeigen, dass die direkte Messung von Methan mittels LMD wichtige phänotypische Informationen liefert, jedoch mit erheblichen methodischen und organisatorischen Herausforderungen verbunden ist. Kurzzeitmessungen lassen sich nur eingeschränkt in stabile Methanmerkmale übertragen, da sowohl äußere Umweltfaktoren als auch tierindividuelle Unterschiede die Messungen beeinflussen. Statistische Modelle konnten diese Einflüsse zwar korrigieren, verdeutlichen aber die Komplexität der Merkmalserzeugung.

Die Ergebnisse dieser Arbeit zeigen weiter, dass die Methanproduktion stark von Umwelt- und Fütterungsfaktoren abhängt. So bestand eine hohe negative phänotypische Korrelation zwischen Methanintensität (CH_4/Mkg) und Milchleistung (Mkg) ($r_p = -0,75$). Außerdem beeinflusste die Energiedichte der Ration die Methanemissionen maßgeblich. Genetische Analysen ergaben eine sehr geringe Heritabilität der Methanmerkmale ($h^2 = 0,024$), während die Zuchtwertkorrelation mit dem EKA moderat ausfiel ($r = 0,36$). Die genomweiten Assoziationsstudien (GWAS) zeigten kein einzelnes Gen mit direktem Einfluss auf Methanproduktion; die identifizierten Gene wirken überwiegend indirekt über Energiestoffwechsel oder Fettsynthese. Diese Ergebnisse verdeutlichen, dass Methan als züchterisches Selektionsmerkmal nur begrenzt zugänglich ist. Eine direkte Selektion auf niedrige Methanemissionen erscheint derzeit weder praktikabel noch empfehlenswert.

Methanwerte können jedoch als Hilfsmerkmal über die Rangierung der Methanemission innerhalb einer untersuchten Kuhgruppe, für die Identifizierung effizienterer und damit klimafreundlicher Kühe dienen, ohne die Gesundheit oder Widerstandsfähigkeit zu beeinträchtigen.

Durch diese Arbeit wird deutlich, dass aufgrund geringer Heritabilität und des Fehlens klarer genetischer Marker ein direkter Selektionsansatz zur Methanreduktion von Milchkühen kaum praktikabel erscheint. Vielmehr deutet sich an, dass eine Kombination verschiedener Strategien erfolgversprechender ist. Gleichzeitig eröffnet die Methodik, insbesondere die Verwendung des LMD und die statistische Korrektur

exogener Einflussfaktoren, die Möglichkeit, Methanmessungen in der Praxis präziser und verlässlicher durchzuführen. Ein vielversprechender zukünftiger Ansatz könnte die Berücksichtigung des Pansenmikrobioms sein, welches für den Großteil der Methanproduktion verantwortlich ist. Indirekte genetische Steuerung über das Mikrobiom könnte neue Wege für nachhaltige und tiergerechte Reduktionsstrategien eröffnen. Zusammenfassend zeigt diese Arbeit, dass Methanproduktion ein komplexes, stark vom Organismus abhängiges Merkmal ist. Somit lässt sich festhalten, dass eine signifikante Reduktion der Methanemissionen in der Milchviehhaltung möglich ist, jedoch primär über Management- und Fütterungsstrategien und weniger über genetische Selektion erfolgen sollte.

Die gewonnenen Erkenntnisse unterstreichen, dass für die Entwicklung eines genetischen Zuchtwertes „geringe Methanemissionen“ noch weiterer Forschung bedarf. Methanemissionen sind multifaktoriell und eine direkte züchterische Beeinflussung scheint unwahrscheinlich, hingegen sollte der Fokus in der Zuchtpraxis auf gesunden und effizienten Kühen liegen, wodurch eine indirekte Methanreduktion möglich ist.

Aus wissenschaftlicher Sicht legen die Resultate nahe, dass es weiterer Forschung bedarf, hauptsächlich in Bezug auf Beteiligung und Entstehung der Methanemissionen. Eine Homogenisierung der Methanmerkmalsbildung und auch der Erfassung von Methan wäre vorteilhaft, um Ergebnisse einzelner Studien besser zusammenfassen zu können und somit schneller besseren Forschungsfortschritt zu erzielen. Die vorgenommenen Analysen verdeutlichen ebenso, dass der züchterische Effekt, methanreduzierte Kühe zu züchten, definitiv begrenzt ist. Primär durch die sehr akribische Betrachtung der Merkmalsbildung. Es ist davon auszugehen, dass die in dieser Arbeit erstellten Methanmerkmale die Genauigkeit der tatsächlichen Heritabilität von Methanemissionen besser widerspiegeln, als vorrige Arbeiten, die sich mit Methanemissionen von Milchkühen befasst haben.

Für die landwirtschaftliche Praxis leitet sich aus den Beobachtungen ab, dass es keine direkte, einfache Möglichkeit gibt, die Methanemissionen im Stall zu reduzieren. Allerdings können Betriebe durch ein angepasstes Management, welches mit einer gezielten Nachzucht langlebiger, gesunder und möglichst effizienter Kühe, sowohl die Leistung als auch die Futterverwertung betreffend, Emissionen senken. Hierfür sind

die Haltungsoptimierung und eine bedarfsgerechte Fütterung, angepasst an die Leistungsstadien der Tiere, unverzichtbar.

Literaturverzeichnis

Aguerre, M. J.; Wattiaux, M. A.; Powell, J. M.; Broderick, G. A.; Arndt, C. (2011): Effect of forage-to-concentrate ratio in dairy cow diets on emission of methane, carbon dioxide, and ammonia, lactation performance, and manure excretion. In: *Journal of Dairy Science* 94 (6), S. 3081–3093. DOI: 10.3168/jds.2010-4011.

Aguilar, I., A. Legarra, F. Cardoso, Y. Masuda, D. Lourenco, and I. Misztal (2019): Frequentist p-values for large-scale-single step genome-wide association, with an application to birth weight in American Angus Cattle. *Genet. Sel. Evol.* 51:28. DOI: 10.1186/s12711-019-0469-3.

Appuhamy, J. A. D. Ranga Niroshan; Strathe, A. B.; Jayasundara, S.; Wagner-Riddle, C.; Dijkstra, J.; France, J.; Kebreab, E. (2013): Anti-methanogenic effects of monensin in dairy and beef cattle: a meta-analysis. In: *Journal of Dairy Science* 96 (8), S. 5161–5173. DOI: 10.3168/jds.2012-5923.

Appelhans, J., Böttcher, C., Keßler, K., Mielke, C., Nowack, A., Purr, K. & Tambke, J. (2022). Underestimated greenhouse gas methane. Sources, effects, mitigation options. No. INIS-DE--4309. Umweltbundesamt (UBA), Dessau-Roßlau (Germany), 2022.

Azizi, O., Kaufmann, O., & Hasselmann, L. (2009). Relationship between feeding behaviour and feed intake of dairy cows depending on their parity and milk yield. *Livestock Science*, 122(2-3), S.156-161. DOI: 10.1016/j.livsci.2008.08.009

Bannink, A.; van Schijndel, M. W.; Dijkstra, J. (2011): A model of enteric fermentation in dairy cows to estimate methane emission for the Dutch National Inventory Report using the IPCC Tier 3 approach. In: *Animal Feed Science and Technology* 166-167, S. 603–618. DOI: 10.1016/j.anifeedsci.2011.04.043.

Beauchemin, K. A.; Mc Ginn, S. M. and Petit, H. V. (2007): Methane abatement strategies for cattle: Lipid supplementation of diets. In: Nr. 103. *Canadian Journal of Animal Science* 87(3): S. 431-440. DOI:10.4141/CJAS07011.

Bell, M. J.; Wall, E.; Russell, G.; Morgan, C.; Simm, G. (2010): Effect of breeding for milk yield, diet and management on enteric methane emissions from dairy cows. In: *Animal Production Science* 50 (8), S. 817. DOI: 10.1071/AN10038.

- Bell, M. J.; Potterton, S. L.; Craigon, J.; Saunders, N.; Wilcox, R. H.; Hunter, M. et al. (2014a): Variation in enteric methane emissions among cows on commercial dairy farms. In: *Animal* 8 (9), S. 1540-1546. DOI: 10.1017/S1751731114001530.
- Bell, M. J.; Saunders, N.; Wilcox, R. H.; Homer, E. M.; Goodman, J. R.; Craigon, J.; Garnsworthy, P. C. (2014b): Methane emissions among individual dairy cows during milking quantified by eructation peaks or ratio with carbon dioxide. In: *Journal of Dairy Science* 97 (10), S. 6536–6546. DOI: 10.3168/jds.2013-7889.
- Bell, M. J., J. Craigon, N. Saunders, J. R. Goodman, and P. C. Garnsworthy. (2018): Does the diurnal pattern of enteric methane emissions from dairy cows change over time? In: *Animal* S. 1-6. DOI:10.1017/S1751731118000228.
- Benzaar, C.; Rivest, J.; Pomar, C.; Chiquette, J. (1998): Prediction of methane production from dairy cows using existing mechanistic models and regression equations. In: *Journal of Animal Science* 76 (2), S. 617–627. DOI: 10.2527/1998.762617x.
- Benzaar, C.; Hassanat, F.; Gervais, R.; Chouinard, P. Y.; Petit, H. V.; Massé, D. I. (2014): Methane production, digestion, ruminal fermentation, nitrogen balance, and milk production of cows fed corn silage- or barley silage-based diets. In: *Journal of Dairy Science* 97 (2), S. 961–974. DOI: 10.3168/jds.2013-7122.
- Berends, H.; Gerrits, W. J. J.; France, J.; Ellis, J. L.; van Zijderveld, S. M.; Dijkstra, J. (2014): Evaluation of the SF6 tracer technique for estimating methane emission rates with reference to dairy cows using a mechanistic model. In: *Journal of Theoretical Biology* 353, S. 1-8. DOI: 10.1016/j.jtbi.2014.02.040.
- Berry, D. P., Buckley, F., Dillon, P., Evans, R. D., Rath, M., & Veerkamp, R. F. (2003): Genetic relationships among body condition score, body weight, milk yield, and fertility in dairy cows. In: *Journal of Dairy Science* 86 (6), 2193-2204. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(03)73809-0.
- Berry, D.P.; Friggens, N.C.; Lucy, M. und Roche, J.R. (2016): Milk Production and Fertility in Cattle. In: *Annual Review of Animal Biosciences* 4, S. 269-290. DOI: 10.1146/annurev-animal-021815-111406.
- Bhatta, R., Enishi, O., & Kurihara, M. (2007). Measurement of methane production from ruminants. In: *Asian-australasian Journal of Animal Sciences* 20 (8), 1305-1318.

Bielak, A. (2019): Relation between metabolic state, microbial community structure and methane production in dairy cows. Monographie. Universität Leipzig, Leipzig. Veterinärmedizinische Fakultät.

Bittante, Giovanni; Cipolat-Gotet, Claudio (2018): Direct and indirect predictions of enteric methane daily production, yield, and intensity per unit of milk and cheese, from fatty acids and milk Fourier-transform infrared spectra. In: Journal of Dairy Science 101 (8), S. 7219-7235. DOI: 10.3168/jds.2017-14289.

Blaxter, K. L., & Joyce, J. P. (1963): The accuracy and ease with which measurements of respiratory metabolism can be made with tracheostomized sheep. In: British Journal of Nutrition 17(1), S. 523-537. DOI:10.1079/BJN19630055

Boadi, D., Benchaar, C., Chiquette, J., & Massé, D. (2004). Mitigation strategies to reduce enteric methane emissions from dairy cows: Update review. Canadian Journal of Animal Science, 84(3), 319-335. DOI: 10.4141/A03-109

Brade, W., & Distl, O. (2015): Das ruminale Mikrobiom des Rindes (3. Teil). In: Berichte über Landwirtschaft-Zeitschrift für Agrarpolitik und Landwirtschaft. DOI: 10.12767/buel.v93i3

Brade, W., & Wimmers, K. (2016): Methanminderungspotenziale bei Wiederkäuern. Berichte über Landwirtschaft-Zeitschrift für Agrarpolitik und Landwirtschaft. DOI: 10.12767/buel.v94i1.104

Breider, I. S.; Wall, E.; Garnsworthy, P. C. (2019): Short communication: Heritability of methane production and genetic correlations with milk yield and body weight in Holstein-Friesian dairy cows. In: Journal of Dairy Science 102 (8), S. 7277–7281. DOI: 10.3168/jds.2018-15909.

Broucek, J. (2014): Production of methane emissions from ruminant husbandry: a review. In: Journal of Environmental Protection 5 (15), 1482. DOI: 10.4236/jep.2014.515141.

Butler, S. T., Pelton, S. H., & Butler, W. R. (2006): Energy balance, metabolic status, and the first postpartum ovarian follicle wave in cows administered propylene glycol. In: Journal of Dairy Science 89 (8), S. 2938-2951. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(06)72566-8

- Calderón-Chagoya, R.; Hernandez-Medrano, J. H. H.; Ruiz-López, F. J. J.; Garcia-Ruiz, A.; Vega-Murillo, V. E. E.; Montano-Bermudez, M. et al. (2019): Genome-Wide Association Studies for Methane Production in Dairy Cattle. In: *Genes* 10 (12). DOI: 10.3390/genes10120995.
- Carabano, M.J.; Moreno, A.; Lopez-Romero, P. und Diaz, C. (2004): Comparing alternative definitions of the contemporary group effect in Avilena Negra Iberica beef cattle using classical and Bayesian criteria. In: *Journal of Animal Science* (82), S. 3447-3457. DOI: 10.2527/2004.82123447x
- Carreño, Luis Orlando Duitama; Da Conceição Pessoa, Matilde; Espigolan, Rafael; Takada, Luciana; Bresolin, Tiago; Cavani, Ligia et al. (2019): Genome Association Study for Visual Scores in Nellore Cattle Measured at Weaning. In: *BMC genomics* 20 (1), S. 150. DOI: 10.1186/s12864-019-5520-9.
- Chagunda, M.G.G.; Römer, D.A.M.; Roberts, D. J. (2009a): Effect of genotype and feeding regime on enteric methane, non-milk nitrogen and performance of dairy cows during the winter feeding period. In: *Livestock Science* 122 (2-3), S. 323–332. DOI: 10.1016/j.livsci.2008.09.020.
- Chagunda, M.G.G.; Ross, D.; Roberts, D. J. (2009b): On the use of a laser methane detector in dairy cows. In: *Computers and Electronics in Agriculture* 68 (2), S. 157-160. DOI: 10.1016/j.compag.2009.05.008.
- Chagunda, M.G.G.; Yan, T. (2011): Do methane measurements from a laser detector and an indirect open-circuit respiration calorimetric chamber agree sufficiently closely? In: *Animal Feed Science and Technology* 165 (1-2), S. 8–14. DOI: 10.1016/j.anifeedsci.2011.02.005.
- Chagunda, M. G. G.; Ross, D.; Rooke, J.; Yan, T.; Douglas, J.-L.; Poret, L. (2013): Measurement of enteric methane from ruminants using a hand-held laser methane detector. In: *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A - Animal Science* 63 (2), S. 68-75. DOI: 10.1080/09064702.2013.797487.
- Chagunda, M. G. G. (2013): Opportunities and challenges in the use of the Laser Methane Detector to monitor enteric methane emissions from ruminants. In: *Animal* 7 (2), S. 394-400. DOI: 10.1017/S1751731113000724.

- Colvin Jr, H. W., Wheat, J. D., Rhode, E. A., & Boda, J. M. (1957). Technique for measuring eructated gas in cattle. In: *Journal of Dairy Science*, 40 (5), 492-502. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(57)94511-3
- Cui, Xiaogang; Hou, Yali; Yang, Shaohua; Xie, Yan; Zhang, Shengli; Zhang, Yuan et al. (2014): Transcriptional profiling of mammary gland in Holstein cows with extremely different milk protein and fat percentage using RNA sequencing. In: *BMC genomics* 15, S. 226. DOI: 10.1186/1471-2164-15-226.
- Crompton, L. A., Mills, J. A., Reynolds, C. K., & France, J. (2010). Fluctuations in methane emission in response to feeding pattern in lactating dairy cows. In: *Modelling nutrient digestion and utilisation in farm animals*, S.176-180. Wageningen Academic. DOI:10.3920/978-908686-712-7_19
- Dal Zotto, R.; Marchi, M. de; Dalvit, C.; Cassandro, M.; Gallo, L.; Carnier, P.; Bittante, G. (2007): Heritabilities and genetic correlations of body condition score and calving interval with yield, somatic cell score, and linear type traits in Brown Swiss cattle. In: *Journal of Dairy Science* 90 (12), S. 5737-5743. DOI: 10.3168/jds.2007-0280.
- Dehareng, F.; Delfosse, C.; Froidmont, E.; Soyeurt, H.; Martin, C.; Gengler, N. et al. (2012): Potential use of milk mid-infrared spectra to predict individual methane emission of dairy cows. In: *Animal* 6 (10), S. 1694-1701. DOI: 10.1017/S1751731112000456.
- Dewhurst, R. J., & Miller, G. (2019): How do different livestock types, sizes and breeds differ in their greenhouse gas emissions? In: *ClimateXChange*. <https://www.climateexchange.org.uk/wp-content/uploads/2023/09/how-do-different-livestock-types-sizes-and-breeds-differ-in-their-greenhouse-gas-emissions.pdf>
- Denninger, T. M.; Schwarm, A.; Dohme-Meier, F.; Münger, A.; Bapst, B.; Wegmann, S. et al. (2020): Accuracy of methane emissions predicted from milk mid-infrared spectra and measured by laser methane detectors in Brown Swiss dairy cows. In: *Journal of Dairy Science* 103 (2), S. 2024-2039. DOI: 10.3168/jds.2019-17101.
- Difford, G. F.; Plichta, D. R.; Løvendahl, P.; Lassen, J.; Noel, S. J.; Højberg, O. et al. (2018): Host genetics and the rumen microbiome jointly associate with methane emissions in dairy cows. In: *PLoS genetics* 14 (10), e1007580. DOI: 10.1371/journal.pgen.1007580.

- Difford, G. F., Olijhoek, D. W., Hellwing, A. L. F., Lund, P., Bjerring, M. A., De Haas, Y. & Løvendahl, P. (2018b): Ranking cows' methane emissions under commercial conditions with sniffers versus respiration chambers. In: *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A - Animal Science* 68 (1), S. 25-32. DOI: 10.1080/09064702.2019.1572784
- Dijkstra, J.; van Zijderveld, S. M.; Apajalahti, J. A.; Bannink, A.; Gerriets, W.J.J.; Newbold, J. R. et al. (2011): Relationships between methane production and milk fatty acid profiles in dairy cattle. In: *Animal Feed Science and Technology* 166-167, S. 590-595. DOI: 10.1016/j.anifeedsci.2011.04.042
- Do, D. N.; Schenkel, F.; Miglior, F.; Zhao, X.; Ibeagha-Awemu, E. M. (2020): Targeted genotyping to identify potential functional variants associated with cholesterol content in bovine milk. In: *Animal Genetics* 51 (2), S. 200-209. DOI: 10.1111/age.12901.
- Donadia, A. B., Moraes, L. E., & Hristov, A. N. (2023): Factors affecting enteric methane emissions and predictive models for dairy cows. In: *Animal* 13 (11), 1857. DOI: 10.3390/ani13111857.
- Donoghue, K. A., Herd, R. M., Bird, S. H., Arthur, P. F., & Hegarty, R. F. (2013). Preliminary genetic parameters for methane production in Australian beef cattle. In: *Proceedings of the Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics*, Bd. 20, S. 290-293.
- Donoghue, K. A.; Bird-Gardiner, T.; Arthur, P. F.; Herd, R. M.; Hegarty, R. F. (2016): Genetic and phenotypic variance and covariance components for methane emission and postweaning traits in Angus cattle. In: *Journal of Animal Science* 94 (4), S. 1438-1445. DOI: 10.2527/jas.2015-0065.
- Dorich, C. D.; Varner, R. K.; Pereira, A. B. D.; Martineau, R.; Soder, K. J.; Brito, A. F. (2015): Short communication: Use of a portable, automated, open-circuit gas quantification system and the sulfur hexafluoride tracer technique for measuring enteric methane emissions in Holstein cows fed ad libitum or restricted. In: *Journal of Dairy Science* 98 (4), S. 2676-2681. DOI: 10.3168/jds.2014-8348.
- Dougherty R. W.; Cook H. M. (1962): Routes of Eructated Gas Expulsion in Cattle - A Quantitative Study. In: *American Journal of Veterinary Research* 23 (96), S. 997-1000.

Dougherty R. W.; Allison M. J.; and Mullenax C. H. (1964): Physiological disposition of C14-labeled rumen gases in sheep and goats, In: American Journal of Physiology 207 (6), S. 1181-1188.

Duden Learnattack GmbH: Boxplot-Abbildung. Abgerufen am: 24.10.2024, von <https://learnattack.de/mathematik/boxplot>

Eckert, Max; Bell, Matt; Potterton, Sarah; Craigon, Jim; Saunders, Neil; Wilcox, Ruth et al. (2018): Effect of Feeding System on Enteric Methane Emissions from Individual Dairy Cows on Commercial Farms. In: Land 7 (1), S. 26. DOI: 10.3390/land7010026.

Ellis, J. L.; Kebreab, E.; Odongo, N. E.; McBride, B. W.; Okine, E. K.; France, J. (2007): Prediction of methane production from dairy and beef cattle. In: Journal of Dairy Science 90 (7), S. 3456–3466. DOI: 10.3168/jds.2006-675.

Ellis, J. L., Dijkstra, J., Kebreab, E., Bannink, A., Odongo, N. E., McBride, B. W., & France, J. (2008): Aspects of rumen microbiology central to mechanistic modelling of methane production in cattle. In: The Journal of Agricultural Science 146 (2), S. 213-233. DOI: 10.1017/S0021859608007752.

ENSEMBL Genome Browser. Available online: <http://www.ensembl.org/index.html>

Eugène, M., Massé, D., Chiquette, J., & Benchaar, C. (2008). Meta-analysis on the effects of lipid supplementation on methane production in lactating dairy cows. In: Canadian Journal of Animal Science 88 (2), S. 331-337. DOI: 10.4141/CJAS07112

Europäische Kommission, 2020: Study on future of EU livestock: How to contribute to a sustainable agricultural sector? In: Directorate-General for Agriculture and Rural Development. DOI:10.2762/3440

Europäische Umweltagentur (EUA), 2019: Annual European Union greenhouse gas inventory 1990-2017 and inventory report 2019.

Europäische Union (2008): Ankauf von Emissionsrechten durch die Bundesregierung zur Erfüllung der Klimaschutzziele bis 2020. Abgerufen von: https://www.bundesrechnungshof.de/SharedDocs/Downloads/DE/Berichte/2020/ankauf-von-emissionsrechten-volltext.pdf?__blob=publicationFile&v=1

- Farke, C.; Viturro, E.; Meyer, H. H. D.; Albrecht, C. (2006): Identification of the bovine cholesterol efflux regulatory protein ABCA1 and its expression in various tissues. In: Journal of Animal Science 84 (11), S. 2887-2894. DOI: 10.2527/jas.2006-042.
- Flachowsky, G., & Brade, W. (2007): Potenziale zur Reduzierung der Methan-Emissionen bei Wiederkäuern, In: Züchtungskunde 79 (6), S. 417-465.
- Fresco, S., Boichard, D., Fritz, S., Lefebvre, R., Barbey, S., Gaborit, M., & Martin, P. (2023): Comparison of methane production, intensity, and yield throughout lactation in Holstein cows. In: Journal of Dairy Science 106 (6), S. 4147-4157. DOI:10.3168/jds.2022-22855.
- Fuß, R.; Vos, C.; Rösemann, C., (2025): Treibhausgasemissionen aus der Landwirtschaft. Abgerufen von: <https://www.thuenen.de/de/themenfelder/klima-und-luft/emissionsinventare-buchhaltung-fuer-den-klimaschutz/treibhausgas-emissionen-aus-der-landwirtschaft>
- García-Ruiz, A.; Cole, J.B.; VanRaden, P.M.; Wiggans, G.R.; Ruiz-López, F.J.; Tassell, C.P. (2016): Changes in genetic selection differentials and generation intervals in US Holstein dairy cattle as a result of genomic selection. In: Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 113 (28), S. E3995–E4004. DOI: 10.1073/pnas.1519061113
- Garnsworthy, P.C., Sinclair, K.D. and Webb, R. (2008): Integration of physiological mechanisms that influence fertility in dairy cows. In: Animal, 2 (8), S. 1144-1152. DOI: 10.1017/S1751731108002358.
- Garnsworthy P. C.; Craigon, J.; Hernandez-Medrano, J. H.; Saunders, N. (2012): On-farm methane measurements during milking correlate with total methane production by individual dairy cows. In: Journal of Dairy Science 95 (6), S. 3166-3180. DOI: 10.3168/jds.2011-4605.
- Garnsworthy, Philip C.; Difford, Gareth F.; Bell, Matthew J.; Bayat, Ali R.; Huhtanen, Pekka; Kuhla, Björn et al. (2019): Comparison of Methods to Measure Methane for Use in Genetic Evaluation of Dairy Cattle. In: Animals 9 (10). DOI: 10.3390/ani9100837.

- Gordon, Bradley S.; Rossetti, Michael L.; Eroshkin, Alexey M. (2019): Arrdc2 and Arrdc3 elicit divergent changes in gene expression in skeletal muscle following anabolic and catabolic stimuli. In: *Physiological Genomics* 51 (6), S. 208-217. DOI: 10.1152/physiolgenomics.00007.2019.
- Grainger, C.; Beauchemin, K. A. (2011): Can enteric methane emissions from ruminants be lowered without lowering their production? In: *Animal Feed Science and Technology* 166-167, S. 308-320. DOI: 10.1016/j.anifeedsci.2011.04.021.
- Grobler, S. M.; Scholtz, M. M.; van Rooyan, H.; Mpayipheli, M.; Naser, F. W.C. (2015): Methane production in different breeds, grazing different pastures or fed a total mixed ration, as measured by a Laser Methane Detector. In: *South African Journal of Animal Science* 44 (5), S. 12-16. DOI: 10.4314/sajas.v44i5.3.
- Haas, Y. de; Windig, J. J.; Calus, M. P. L.; Dijkstra, J.; Haan, M. de; Bannink, A.; Veerkamp, R. F. (2011): Genetic parameters for predicted methane production and potential for reducing enteric emissions through genomic selection. In: *Journal of Dairy Science* 94 (12), S. 6122-6134. DOI: 10.3168/jds.2011-4439.
- Haas, Y. de; Pszczola, M.; Soyeurt, H.; Wall, E.; Lassen, J. (2017): Invited review: Phenotypes to genetically reduce greenhouse gas emissions in dairying. In: *Journal of Dairy Science* 100 (2), S. 855-870. DOI: 10.3168/jds.2016-11246.
- Habibi, E., Qasimi, M., Ahmadzai, N., Stanikzai, N., & Sakha, M. (2021): Effect of season and lactation number on milk production of Holstein Friesian cows in Kabul Bini-Hesar Dairy Farm. In: *Open Journal of Animal Sciences* 11 (3), S. 369-375. DOI: 10.4236/ojas.2021.113026.
- Haisan, J.; Sun, Y.; Guan, L. L.; Beauchemin, K. A.; Iwaasa, A.; Duval, S. et al. (2014): The effects of feeding 3-nitrooxypropanol on methane emissions and productivity of Holstein cows in mid lactation. In: *Journal of Dairy Science* 97 (5), S. 3110-3119. DOI: 10.3168/jds.2013-7834.
- Hammond, K. J.; Humphries, D. J.; Crompton, L. A.; Green, C.; Reynolds, C. K. (2015): Methane emissions from cattle: Estimates from short-term measurements using a GreenFeed system compared with measurements obtained using respiration chambers or sulphur hexafluoride tracer. In: *Animal Feed Science and Technology* 203 (2), S. 41-52. DOI: 10.1016/j.anifeedsci.2015.02.008.

Hammond, K. J.; Crompton, L. A.; Bannink, A.; Dijkstra, J.; Yáñez-Ruiz, D. R.; O’Kiely, P. et al. (2016): Review of current in vivo measurement techniques for quantifying enteric methane emission from ruminants. In: *Animal Feed Science and Technology* 219 (4), S. 13-30. DOI: 10.1016/j.anifeedsci.2016.05.018.

Hansen, N. P., Kristensen, T., Johansen, M., Wiking, L., Poulsen, N. A., Hellwing, A. L. F., & Weisbjerg, M. R. (2022): Effects on feed intake, milk production, and methane emission in dairy cows fed silage or fresh grass with concentrate or fresh grass harvested at early or late maturity stage without concentrate. In: *Journal of Dairy Science* 105 (10), S. 8036-8053. DOI: 10.3168/jds.2022-21885

Hayes, B. J.; Donoghue, K. A.; Reich, C. M.; Mason, B. A.; Bird-Gardiner, T.; Herd, R. M.; Arthur, P. F. (2016): Genomic heritabilities and genomic estimated breeding values for methane traits in Angus cattle. In: *Journal of Animal Science* 94 (3), S. 902-908. DOI: 10.2527/jas.2015-0078.

Hegarty, R. S.; Goopy, J. P.; Herd, R. M.; McCorkell, B. (2007): Cattle selected for lower residual feed intake have reduced daily methane production. In: *Journal of Animal Science* 85 (6), S. 1479-1486. DOI: 10.2527/jas.2006-236.

Hegarty, R. S. (2013): Applicability of short-term emission measurements for on-farm quantification of enteric methane. In: *Animal* 7 (2), S. 401-408. DOI:10.1017/S1751731113000839.

Herold, J. (2023): Entwicklung von Selektionsinstrumenten für Milchrinder und Schweine in heterogenen sozial-ökologischen Systemen mit Anwendungspotenzial für vom Aussterben bedrohte Rassen und kleinbäuerliche Betriebsstrukturen: Optimierung von Zuchtwertschätzverfahren für heterogene sozial-ökologische Systeme. VVB Lauferweiler Verlag.

Herrero, M.; Gerber, P.; Vellinga, T.; Garnett, T.; Leip, A.; Opio, C. et al. (2011): Livestock and greenhouse gas emissions: The importance of getting the numbers right. In: *Animal Feed Science and Technology* 166-167, S. 779-782. DOI: 10.1016/j.anifeedsci.2011.04.083.

Heuer, C.; Schukken, Y.H. und Dobbelaar, P. (1999): Postpartum Body Condition Score and Results from the First Test Day Milk as Predictors of Disease, Fertility, Yield, and Culling in Commercial Dairy Herds. In: Journal of Dairy Science 82 (2), S. 295-304. DOI: 10.3168/jds. S0022-0302(99)75236-7.

Hristov, A. N.; Oh, J.; Firkins, J. L.; Dijkstra, J.; Kebreab, E.; Waghorn, G. et al. (2013): Special topics: Mitigation of methane and nitrous oxide emissions from animal operations: I. A review of enteric methane mitigation options. In: Journal of Animal Science 91 (11), S. 5045-5069. DOI: 10.2527/jas.2013-6583.

Hristov, A. N.; Oh, J.; Giallongo, F.; Frederick, T.; Harper, M. T.; Weeks, H. et al. (2016): Short communication: Comparison of the GreenFeed system with the sulfur hexafluoride tracer technique for measuring enteric methane emissions from dairy cows. In: Journal of Dairy Science 99 (7), S. 5461-5465. DOI: 10.3168/jds.2016-10897.

Hristov, A. N.; Kebreab, E.; Niu, M.; Oh, J.; Bannink, A.; Bayat, A. R. et al. (2018): Symposium review: Uncertainties in enteric methane inventories, measurement techniques, and prediction models. In: Journal of Dairy Science 101 (7), S. 6655-6674. DOI: 10.3168/jds.2017-13536.

Huhtanen, P.; Cabezas-Garcia, E. H.; Utsumi, S.; Zimmerman, S. (2015): Comparison of methods to determine methane emissions from dairy cows in farm conditions. In: Journal of Dairy Science 98 (5), S. 3394-3409. DOI: 10.3168/jds.2014-9118.

ICAR (2017): Guidelines for Dairy Cattle Milk Recording. Section 2 - Cattle Milk Recording. The Global Standard for Livestock Data. Abgerufen unter: <https://www.icar.org/Guidelines/02-Overview-Cattle-Milk-Recording.pdf>.

IPCC (Intergovernmental Panel on Climate Change). (2006): Emissions from livestock and manure management. In: Guidelines for National Greenhouse Inventories. Vol. 4. Agriculture, Forestry and Other Land Use. DOI: 10.1088/1748-9326/ac0848

IPCC (Intergovernmental Panel on Climate Change). (2019): Land: An IPCC Special Report on Climate Change. Desertification, Land Degradation, Sustainable Land Management, Food Security, and Greenhouse Gas Fluxes in Terrestrial Ecosystems. Abgerufen unter: <https://www.ipcc.ch/site/assets/uploads/2019/08/Fullreport-1.pdf>

IPCC (Intergovernmental Panel on Climate Change) (2021): The Physical Science Basis. Contribution of Working Group I to the Sixth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change. In: Cambridge University Press, Cambridge, United Kingdom and New York, NY, USA. DOI: 10.1017/9781009157896

Jablonszky, M., & Garamszegi, L. Z. (2024): The effect of repeated measurements and within-individual variance on the estimation of heritability: a simulation study. In: Behavioral Ecology and Sociobiology 78 (2), S. 18. DOI: 10.1007/s00265-024-03435-w

Jiao, H. P.; Dale, A. J.; Carson, A. F.; Murray, S.; Gordon, A. W.; Ferris, C. P. (2014): Effect of concentrate feed level on methane emissions from grazing dairy cows. In: Journal of Dairy Science 97 (11), S. 7043-7053. DOI: 10.3168/jds.2014-7979.

Jonker, A., & Waghorn, G. (Eds.). (2020): Guidelines for Estimating Methane Emissions from Individual Ruminants Using: GreenFeed, 'sniffers', Hand-held Laser Detector and Portable Accumulation Chambers. In: MIP Technical Paper No: 2020/05

Joo, H. S., Ndegwa, P. M., Heber, A. J., Ni, J. Q., Bogan, B. W., Ramirez-Dorronsoro, J. C., & Cortus, E. (2015): Greenhouse gas emissions from naturally ventilated freestall dairy barns. In: Atmospheric Environment 102, S. 384-392. DOI: 10.1016/j.atmosenv.2014.11.067

Kandel, P. B.; Vanrobays, M-L; Vanlierde, A.; Dehareng, F.; Froidmont, E.; Gengler, N.; Soyeurt, H. (2017): Genetic parameters of mid-infrared methane predictions and their relationships with milk production traits in Holstein cattle. In: Journal of Dairy Science 100 (7), S. 5578-5591. DOI: 10.3168/jds.2016-11954.

Kessler, E. C.; Gross, J. J.; Bruckmaier, R. M.; Albrecht, C. (2014): Cholesterol metabolism, transport, and hepatic regulation in dairy cows during transition and early lactation. In: Journal of Dairy Science 97 (9), S. 5481-5490. DOI: 10.3168/jds.2014-7926.

Khan, Muhammad Zahoor; Liu, Lei; Zhang, Zhichao; Khan, Adnan; Di Wang; Mi, Siyuan et al. (2020): Folic acid supplementation regulates milk production variables, metabolic associated genes and pathways in perinatal Holsteins. In: Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition 104 (2), S. 483-492. DOI: 10.1111/jpn.13313.

Knapp, J. R.; Laur, G. L.; Vadas, P. A.; Weiss, W. P.; Tricarico, J. M. (2014): Invited review: Enteric methane in dairy cattle production: quantifying the opportunities and impact of reducing emissions. In: Journal of Dairy Science 97 (6), S. 3231-3261. DOI: 10.3168/jds.2013-7234.

Klein, S., C. Scheper, K. May, and S. König (2020): Genetic and nongenetic profiling of milk β -hydroxybutyrate and acetone and their associations with ketosis in Holstein cows. In: Journal of Dairy Science 103, S.12332-10346. DOI: 10.3168/jds.2020-18339.

Kobayashi, Nobuyuki; Hou, Fujiang; Tsunekawa, Atsushi; Yan, Tianhai; Tegegne, Firew; Tassew, Asaminew et al. (2021): Laser methane detector-based quantification of methane emissions from indoor-fed Fogera dairy cows. In: Animal bioscience 34 (8), S. 1415-1424. DOI: 10.5713/ab.20.0739.

König, S.; Chang, Y.M.; Borstel, U.U. von; Gianola, D. und Simianer, H. (2008): Genetic and phenotypic relationships among milk urea nitrogen, fertility, and milk yield in holstein cows. In: Journal of Dairy Science 91 (11), S. 4372-4382. DOI: 10.3168/jds.2008-1236.

König, S., Simianer, H., and Willam, A. (2009): Economic evaluation of genomic breeding programs, In: Journal of Dairy Science 92, S. 382-391. DOI: 10.3168/jds.2008-1310.

Krattenmacher, N., & Thaller, G. (2017): Quantifizierung der Methanemissionen bei Rindern mit Hilfe des fäkalen Biomarkers Archaeol. In: Schlussbericht zum Verbundvorhaben „MethanA“ (FKZ: 2812NA126). Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Institut für Tierzucht und Tierhaltung. Abgerufen unter: <https://orgprints.org/33927>

Kurz, J.P.; Yang, Z.; Weiss, R.B.; Wilson, D.J.; Rood, K.; Liu, G.E.; Wang, Z. (2019): A genome-wide association study for mastitis resistance in phenotypically well-characterized Holstein dairy cattle using a selective genotyping approach. In: Immunogenetics 2019 (71), S. 35-47. DOI: 10.1007/s00251-018-1088-9.

Lassen, J.; Difford, G. F. (2020): Review: Genetic and genomic selection as a methane mitigation strategy in dairy cattle. In: Animal 14 (3), S. 473-483. DOI: 10.1017/S1751731120001561.

- Lassen J.; Løvendahl, P.; Madsen, J. (2012): Accuracy of noninvasive breath methane measurements using Fourier transform infrared methods on individual cows. In: *Journal of Dairy Science* 95 (2), S. 890-898. DOI: 10.3168/jds.2011-4544.
- Lassen, J.; Poulsen, N. A.; Larsen, M. K.; Buitenhuis, A. J. (2016): Genetic and genomic relationship between methane production measured in breath and fatty acid content in milk samples from Danish Holsteins. In: *Animal Production Science* 56 (3), S. 298. DOI: 10.1071/AN15489.
- Lassen, J.; Løvendahl, P. (2016): Heritability estimates for enteric methane emissions from Holstein cattle measured using noninvasive methods. In: *Journal of Dairy Science* 99 (3), S. 1959-1967. DOI: 10.3168/jds.2015-10012.
- Lassey, K. R.; Pinares-Patiño, C. S.; Martin, R. J.; Molano, G.; McMillan, A.M.S. (2011): Enteric methane emission rates determined by the SF6 tracer technique: Temporal patterns and averaging periods. In: *Animal Feed Science and Technology* 166-167, S. 183-191. DOI: 10.1016/j.anifeedsci.2011.04.066.
- Lehmann, J., Coumou, D., & Frieler, K. (2013): Increased record-breaking precipitation events under global warming. In: *Climatic Change* 118 (3-4), S. 671-682. DOI: 10.1007/s10584-012-0656-3.
- Li, M.-X., J. M. Y. Yeung, S. S. Cherny, and P. C. Sham (2012): Evaluating the effective numbers of independent tests and significant p-value thresholds in commercial genotyping arrays and public imputation reference datasets. In: *Human Genetics* 131, S.747-756. DOI: 10.1007/s00439-011-1118-2.
- López-Paredes, J.; Goiri, I.; Atxaerandio, R.; García-Rodríguez, A.; Ugarte, E.; Jiménez-Montero, J. A. et al. (2020): Mitigation of greenhouse gases in dairy cattle via genetic selection: 1. Genetic parameters of direct methane using noninvasive methods and proxies of methane. In: *Journal of Dairy Science* 103 (8), S. 7199-7209. DOI: 10.3168/jds.2019-17597.
- Lovett, D. K., Stack, L. J., Lovell, S., Callan, J., Flynn, B., Hawkins, M., & O'Mara, F. P. (2005). Manipulating enteric methane emissions and animal performance of late-lactation dairy cows through concentrate supplementation at pasture. In: *Journal of Dairy Science* 88 (8), S. 2836-2842. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(05)72964-7.

- Løvendahl, P.; Difford, G. F.; Li, B.; Chagunda, M. G. G.; Huhtanen, P.; Lidauer, M. H. et al. (2018): Review: Selecting for improved feed efficiency and reduced methane emissions in dairy cattle. In: *Animal* 12 (2), S. 336-349. DOI: 10.1017/S1751731118002276.
- Madsen, J., Bjerg, B. S., Hvelplund, T., Weisbjerg, M. R., & Lund, P. (2010). Methane and carbon dioxide ratio in excreted air for quantification of the methane production from ruminants. In: *Livestock Science*, 129 (1-3), S. 223-227. DOI: 10.1016/j.livsci.2010.01.001
- Mani, O.; Sorensen, M. T.; Sejrsen, K.; Bruckmaier, R. M.; Albrecht, C. (2009): Differential expression and localization of lipid transporters in the bovine mammary gland during the pregnancy-lactation cycle. In: *Journal of Dairy Science* 92 (8), S. 3744-3756. DOI: 10.3168/jds.2009-2063.
- Manzanilla-Pech, C. I. V.; Gordo, D.; Difford, G. F.; Løvendahl, P.; Lassen, J. (2020): Multitrait genomic prediction of methane emissions in Danish Holstein cattle. In: *Journal of Dairy Science* 103 (10), S. 9195-9206. DOI: 10.3168/jds.2019-17857.
- Mills, J. A. N., Kebreab, E., Yates, C. M., Crompton, L. A., Cammell, S. B., Dhanoa, M. S. & France, J. (2003): Alternative approaches to predicting methane emissions from dairy cows. In: *Journal of Animal Science* 81 (12), S. 3141-3150. DOI: 10.2527/2003.81123141x
- Misztal, I., S. Tsuruta, D. A. L. Lourenco, Y. Masuda, I. Aguilar, A. Legarra, and Z. Vitezica (2018): Manual for BLUPF90 family programs. University of Georgia. Accessed Feb. 22, 2021. Abgerufen unter: [http://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php?id = documentation](http://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php?id=documentation).
- Motlagh, M. K., Roohani, Z., Shahne, A. Z., & Moradi, M. (2013): Effects of age at calving, parity, year and season on reproductive performance of dairy cattle in Tehran and Qazvin Provinces. In: *Iranian Research Opinion in Animal and Veterinary Sciences* 3 (10), S. 337-342.
- Moss, A. R., Jouany, J. P., & Newbold, J. (2000): Methane production by ruminants: its contribution to global warming. In: *Annales de zootechnie* 49 (3), S. 231-253. DOI: 10.1051/animres:2000119.

- Muñoz, C.; Yan, T.; Wills, D. A.; Murray, S.; Gordon, A. W. (2012): Comparison of the sulfur hexafluoride tracer and respiration chamber techniques for estimating methane emissions and correction for rectum methane output from dairy cows. In: *Journal of Dairy Science* 95 (6), S. 3139-3148. DOI: 10.3168/jds.2011-4298.
- Murray, R. M.; Bryant, A. M.; Leng, R. A. (1976): Rates of production of methane in the rumen and large intestine of sheep. In: *The British Journal of Nutrition* 36 (1), S. 1-14. DOI: 10.1079/BJN19760053.
- Mühlbach, S. (2022): Messungen der Methanemission an einzelnen Kühen mithilfe des Laser-Methan-Detektors und genetisch-statistische Analyse daraus definierter Phänotypen (Doctoral dissertation, Dissertation, Halle (Saale), Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, 2022).
- Negussie, E.; Lehtinen, J.; Mäntysaari, P.; Bayat, A. R.; Liinamo, A-E; Mäntysaari, E. A.; Lidauer, M. H. (2017): Non-invasive individual methane measurement in dairy cows. In: *Animal* 11 (5), S. 890-899. DOI: 10.1017/S1751731116002718.
- Ngwabie, N. M., K.-H. Jeppsson, G. Gustafsson, and S. Nimmermark. (2011): Effects of animal activity and air temperature on methane and ammonia emissions from a naturally ventilated building for dairy cows. In: *Atmospheric Environment* 45 (37), S.6760-6768. DOI: 10.1016/j.atmosenv.2011.08.027.
- Niu, Mutian; Kebreab, Ermias; Hristov, Alexander N.; Oh, Joonpyo; Arndt, Claudia; Bannink, André et al. (2018): Prediction of enteric methane production, yield, and intensity in dairy cattle using an intercontinental database. In: *Global Change Biology* 24 (8), S. 3368-3389. DOI: 10.1111/gcb.14094.
- Oertel, Peter; Küntzel, Anne; Reinhold, Petra; Köhler, Heike; Schubert, Jochen K.; Kolb, Johann; Miekisch, Wolfram (2018): Continuous real-time breath analysis in ruminants: effect of eructation on exhaled VOC profiles. In: *Journal of Breath Research* 12 (3), S. 36014. DOI: 10.1088/1752-7163/aabdaf.
- O'Neill, B. F.; Deighton, M. H.; O'Loughlin, B. M.; Galvin, N.; O'Donovan, M.; Lewis, E. (2012): The effects of supplementing grazing dairy cows with partial mixed ration on enteric methane emissions and milk production during mid to late lactation. In: *Journal of Dairy Science* 95 (11), S. 6582-6590. DOI: 10.3168/jds.2011-5257.

- Patra, Amlan Kumar (2013): The effect of dietary fats on methane emissions, and its other effects on digestibility, rumen fermentation and lactation performance in cattle: A meta-analysis. In: *Livestock Science* 155 (2-3), S. 244-254. DOI: 10.1016/j.livsci.2013.05.023.
- Piatkowski, B., Jentsch, W., & Derno, M. (2010): Neue Ergebnisse zur Methanproduktion und zu deren quantitativer Vorhersage beim Rind. In: *Züchtungskunde* 82 (5), S. 400-407.
- Pickering, N. K., Chagunda, M.G.G., Banos, G., Mrode, R., J. C. McEwan and Wall, E. (2015): Genetic parameters for predicted methane production and laser methane measurements. In: *Journal of Animal Science* (92), S. 11-20. DOI: 10.2527/jas2014-8302.
- Pinares-Patiño, C. S.; Lassey, K. R.; Martin, R. J.; Molano, G.; Fernandez, M.; MacLean, S. et al. (2011): Assessment of the sulphur hexafluoride (SF₆) tracer technique using respiration chambers for estimation of methane emissions from sheep. In: *Animal Feed Science and Technology* 166-167, S. 201-209. DOI: 10.1016/j.anifeedsci.2011.04.067.
- Pinto, A.; Yin, T.; Reichenbach, M.; Bhatta, R.; Malik, P-K.; Schlecht, E.; König, S. (2020): Enteric Methane Emissions of Dairy Cattle Considering Breed Composition, Pasture Management, Housing Conditions and Feeding Characteristics along a Rural-Urban Gradient in a Rising Megacity. In: *Agriculture* 10 (12), S. 628. DOI: 10.3390/agriculture10120628.
- Pirlo, G., Miglior, F., & Speroni, M. (2000): Effect of age at first calving on production traits and on difference between milk yield returns and rearing costs in Italian Holsteins. In: *Journal of Dairy Science* 83 (3), S. 603-608. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(00)74919-8.
- Pitta, D.; Indugu, N.; Narayan, K.; Hennessy, M. (2022): Symposium review: Understanding the role of the rumen microbiome in enteric methane mitigation and productivity in dairy cows. In: *Journal of Dairy Science* 105 (10), S. 8569-8585. DOI: 10.3168/jds.2021-21466.

- Ponzi, E., Keller, L. F., Bonnet, T., & Muff, S. (2018): Heritability, selection, and the response to selection in the presence of phenotypic measurement error: Effects, cures, and the role of repeated measurements. In: *Evolution* 72 (10), S. 1992-2004. DOI: 10.1111/evo.13573.
- Pryce, J. E., Royal, M. D., Garnsworthy, P. C., & Mao, I. L. (2004): Fertility in the high-producing dairy cow. In: *Livestock Production Science* 86 (1-3), S. 125-135. DOI:10.1016/S0301-6226(03)00145-3.
- Pszczola, M.; Rzewuska, K.; Mucha, S.; Strabel, T. (2017): Heritability of methane emissions from dairy cows over a lactation measured on commercial farms. In: *Journal of Animal Science* 95 (11), S. 4813-4819. DOI: 10.2527/jas2017.1842.
- Pszczola, M.; Strabel, T.; Mucha, S.; Sell-Kubiak, E. (2018): Genome-wide association identifies methane production level relation to genetic control of digestive tract development in dairy cows. In: *Scientific Reports* 8 (1), S. 15164. DOI: 10.1038/s41598-018-33327-9.
- Pszczola, M., Calus, M. P. L., & Strabel, T. (2019). Genetic correlations between methane and milk production, conformation, and functional traits. In: *Journal of Dairy Science* 102 (6), S. 5342-5346. DOI: 10.3168/jds.2018-16066.
- Purcell, S., B. Neale, K. Todd-Brown, L. Thomas, and M.A. Ferreira (2007): PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analysis. In: *The American Journal of Human Genetics* 81, S. 559-575. DOI: 10.1086/519795.
- Ramin, M.; Huhtanen, P. (2013): Development of equations for predicting methane emissions from ruminants. In: *Journal of Dairy Science* 96 (4), S. 2476-2493. DOI: 10.3168/jds.2012-6095.
- Ramírez-Restrepo, C. A.; Clark, H.; Muetzel, S. (2016): Methane emissions from young and mature dairy cattle. In: *Animal Production Science* 56 (11), S. 1897. DOI: 10.1071/AN15102.
- Reintke, J.; Brügemann, K.; Yin, T.; Engel, P.; Wagner, H.; Wehrend, A.; König, S. (2020): Assessment of methane emission traits in ewes using a laser methane detector: genetic parameters and impact on lamb weaning performance. In: *Archives Animal Breeding* 63 (1), S. 113-123. DOI: 10.5194/aab-63-113-2020.

Rey, Jagoba; Atxaerandio, Raquel; Ruiz, Roberto; Ugarte, Eva; González-Recio, Oscar; Garcia-Rodriguez, Aser; Goiri, Idoia (2019): Comparison Between Non-Invasive Methane Measurement Techniques in Cattle. In: *Animals* 9 (8). DOI: 10.3390/ani9080563.

Ricci, P., Rooke, J. A., Nevison, I., & Waterhouse, A. (2013): Methane emissions from beef and dairy cattle: Quantifying the effect of physiological stage and diet characteristics. In: *Journal of Animal Science* 91 (11), S. 5379-5389. DOI: 10.2527/jas.2013-6544.

Ricci, P., Chagunda, M. G. G., Rooke, J., M. Houdijk, J. G., Duthie, C. A., Hyslop, J., & Waterhouse, A. (2014): Evaluation of the laser methane detector to estimate methane emissions from ewes and steers. In: *Journal of Animal Science* 92 (11), S. 5239-5250. DOI: 10.2527/jas.2014-7676.

Richardson, C. M.; Nguyen, T. T. T.; Abdelsayed, M.; Moate, P. J.; Williams, S. R. O.; Chud, T. C. S. et al. (2021): Genetic parameters for methane emission traits in Australian dairy cows. In: *Journal of Dairy Science* 104 (1), S. 539-549. DOI: 10.3168/jds.2020-18565.

Rischewski, J., A. Bielak, G. Nürnberg, M. Derno, and B. Kuhla. (2017): Rapid Communication: Ranking dairy cows for methane emissions measured using respiration chamber or GreenFeed techniques during early, peak, and late lactation. In: *Journal of Animal Science* 95 (7), S. 3154. DOI:10.2527/jas2017.1530.

Roche, J. R., Friggens, N. C., Kay, J. K., Fisher, M. W., Stafford, K. J., & Berry, D. P. (2009): Invited review: Body condition score and its association with dairy cow productivity, health, and welfare. In: *Journal of Dairy Science* 92 (12), S. 5769-5801. DOI:10.3168/jds.2009-2431.

Roehe, Rainer; Dewhurst, Richard J.; Duthie, Carol-Anne; Rooke, John A.; McKain, Nest; Ross, Dave W. et al. (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 Metagenomic Gene Abundance. In: *PLoS Genetics* 12 (2), S. e1005846. DOI: 10.1371/journal.pgen.1005846.

Rooke, J., Ricci, P., Duthi, C., Roehe, R., & Waterhouse, A. (2013): Measurements of methane using the laser methane detector are related to total daily methane output in beef cattle. In: Hassouna, M. & Guingand, N. (Hrsg.): Emissions of Gas and Dust from Livestock. S. 367-370

Rooke, John A.; Wallace, R. John; Duthie, Carol-Anne; McKain, Nest; Souza, Shirley Motta de; Hyslop, Jimmy J. et al. (2014): Hydrogen and methane emissions from beef cattle and their rumen microbial community vary with diet, time after feeding and genotype. In: The British Journal of Nutrition 112 (3), S. 398-407. DOI: 10.1017/S0007114514000932.

Ruiz-Sánchez, R.; Blake, R. W.; Castro-Gámez, H. M. A.; Sánchez, F.; Montaldo, H. H.; Castillo-Juárez, H. (2007): Short communication: Changes in the association between milk yield and age at first calving in holstein cows with herd environment level for milk yield. In: Journal of Dairy Science 90 (10), S. 4830-4834. DOI: 10.3168/jds.2007-0156.

Sandberg, L., Krattenmacher, N., Tetens, J., & Thaller, G. (2017): Methoden zur Quantifizierung der Methanemissionen bei Rindern-Stand der Forschung, Potenziale und Grenzen. In: Züchtungskunde 89 (3).

Seefried, F.; Liu, Z.; Thaller, G. & Reinhardt, F. (2010): Die genomische Zuchtwertschätzung bei der Rasse Deutsche Holstein. In: Züchtungskunde 82 (1), S. 14-21

Seilnacht, T. (2020): Methan. Abgerufen am 15.06.2023, unter: https://www.seilnacht.com/Chemie/ch_methan.htm

Segelke, D., J. Chen, Z. Liu, F. Reinhardt, G. Thaller, and R. Reents (2012): Reliability of genomic prediction for German Holsteins using imputed genotypes from low-density chips. In: Journal of Dairy Science 95, S. 5403-5411. DOI: 10.3168/jds.2012-5466.

Shetty, N.; Difford, G.; Lassen, J.; Løvendahl, P.; Buitenhuis, A. J. (2017): Predicting methane emissions of lactating Danish Holstein cows using Fourier transform mid-infrared spectroscopy of milk. In: Journal of Dairy Science 100 (11), S. 9052-9060. DOI: 10.3168/jds.2017-13014.

- Shook, E.G.; Kirk, R.L.B.; Welcome, F.L.; Schukken, Y.H. und Ruegg, P.L. (2017): Relationship between intramammary infection prevalence and somatic cell score in commercial dairy herds. In: *Journal of Dairy Science* 100 (12), S. 9691-9701. DOI: 10.3168/jds.2017-12810.
- Silanikove, N. 2000: Effects of heat stress on the welfare of extensively managed domestic ruminants. In: *Livestock Production Science* 67 (1-2), S. 1-18. DOI: 10.1016/S0301-6226(00)00162-7.
- Sorg, D. (2022): Measuring Livestock CH₄ Emissions with the Laser Methane Detector: A Review. In: *Methane* 1 (1), S. 38-57. DOI: 10.3390/methane1010004.
- Sorg, D.; Difford, G. F.; Mühlbach, S.; Kuhla, B.; Swalve, H. H.; Lassen, J. (2018): Comparison of a laser methane detector with the GreenFeed and two breath analysers for on-farm measurements of methane emissions from dairy cows. In: *Computers and Electronics in Agriculture* 153 (5), S. 285-294. DOI: 10.1016/j.compag.2018.08.024.
- Sorg, D., S. Mühlbach, J. Kecman, and H. H. Swalve. (2017a): Protocol for measuring CH₄ concentrations with the laser methane detector in the breath of cows. In: *Book of Abstracts of the 68th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science: Tallinn, Estonia, 28 August - 1 September 2017, Tallinn, Estonia*. Wageningen Academic Publishers, Wageningen. S. 200.
- Sorg, D.; Mühlbach, S.; Rosner, F.; Kuhla, B.; Derno, M.; Meese, S. (2017b): 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. In: *Computers and Electronics in Agriculture* 143 (2), S. 262-272. DOI: 10.1016/j.compag.2017.10.024.
- Storm, Ida M. L. D.; Hellwing, Anne Louise F.; Nielsen, Nicolaj I.; Madsen, Jørgen (2012): Methods for Measuring and Estimating Methane Emission from Ruminants. In: *Animals: an open access Journal from MDPI* 2 (2), S. 160-183. DOI: 10.3390/ani2020160.
- Suzuki, M., & Van Vleck, L. D. (1994): Heritability and repeatability for milk production traits of Japanese Holsteins from an animal model. In: *Journal of Dairy Science* 77 (2), S.583-588. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(94)76987-3.

- Sypniewski, M., Strabel, T., Cieslak, A., Szumacher-Strabel, M., & Pszczola, M. (2019): Interchangeability and comparison of methane measurements in dairy cows with 2 noninvasive infrared systems. In: *Journal of Dairy Science* 102 (10), S. 9512-9517. DOI: 10.3168/jds.2019-16258.
- Taherkhani, L.; Banabazi, M. H.; Emam J-K., Nasser; Noshary, A.; Imumorin, I. (2022): The Candidate Chromosomal Regions Responsible for Milk Yield of Cow: A GWAS Meta-Analysis. In: *Animals* 12 (5), S. 582. DOI: 10.3390/ani12050582.
- Tokyo Gas Engineering Co. Ltd. (2015): SA3C50A LaserMethane mini. G Operation Manual First Edition, Tokyo Gas Engineering Co.Ltd., Tokyo, Japan, 2015.
- Umweltbundesamt. (2021): Die Treibhausgase. Abgerufen am 30.04.2024, unter: <https://www.umweltbundesamt.de/themen/klima-energie/klimaschutz-energiepolitik-in-deutschland/treibhausgas-emissionen/die-treibhausgase>.
- Umweltbundesamt. (2023): Nationaler Inventarbericht zum Deutschen Treibhausgasinventar 1990-2021: Berichterstattung unter der Klimarahmenkonvention der Vereinten Nationen und dem Kyoto-Protokoll. Dessau-Roßlau: Umweltbundesamt. Abgerufen unter: <http://www.umweltbundesamt.de/publikationen>.
- van Engelen, S.; Bovenhuis, H.; Dijkstra, J.; van Arendonk, J. A. M.; Visker, M. H. P. W. (2015): Short communication: Genetic study of methane production predicted from milk fat composition in dairy cows. In: *Journal of Dairy Science* 98 (11), S. 8223-8226. DOI: 10.3168/jds.2014-8989.
- van Engelen, S.; Bovenhuis, H.; van der Tol, P. P. J.; Visker, M. H. P. W. (2018): Genetic background of methane emission by Dutch Holstein Friesian cows measured with infrared sensors in automatic milking systems. In: *Journal of Dairy Science* 101 (3), S. 2226-2234. DOI: 10.3168/jds.2017-13441.
- van Gastelen, S.; Antunes-Fernandes, E. C.; Hettinga, K. A.; Dijkstra, J. (2017): Relationships between methane emission of Holstein Friesian dairy cows and fatty acids, volatile metabolites and non-volatile metabolites in milk. In: *Animal* 11 (9), S. 1539-1548. DOI: 10.1017/S1751731117000295.

- van Lingen, H. J.; Crompton, L. A.; Hendriks, W. H.; Reynolds, C. K.; Dijkstra, J. (2014): Meta-analysis of relationships between enteric methane yield and milk fatty acid profile in dairy cattle. In: *Journal of Dairy Science* 97 (11), S. 7115-7132. DOI: 10.3168/jds.2014-8268.
- Vanlierde, A.; Vanrobays, M-L.; Gengler, N.; Dardenne, P.; Froidmont, E.; Soyeurt, H. (2016): Milk mid-infrared spectra enable prediction of lactation-stage-dependent methane emissions of dairy cattle within routine population-scale milk recording schemes. In: *Animal Production Science* 56 (3), S. 258. DOI: 10.1071/AN15590.
- Vanrobays, M-L; Bastin, C.; Vandenplas, J.; Hammami, H.; Soyeurt, H.; Vanlierde, A. et al. (2016): Changes throughout lactation in phenotypic and genetic correlations between methane emissions and milk fatty acid contents predicted from milk mid-infrared spectra. In: *Journal of Dairy Science* 99 (9), S. 7247-7260. DOI: 10.3168/jds.2015-10646.
- Vasconcelos, J.; Santos, F.; Bagnato, A. und Carvalheira, J. (2008): Effects of Clustering Herds with Small-Sized Contemporary Groups in Dairy Cattle Genetic Evaluations. In: *Journal of Dairy Science* 91 (1), S. 377-384. DOI: 10.3168/jds.2007-0202.
- Vijayakumar, M., Lee, H. J., Kim, M. H., & Lee, S. H. (2017): The effect of lactation number, stage, length, and milking frequency on milk yield in Korean Holstein dairy cows using automatic milking system. In: *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences* 30 (8), S. 1093-1098. DOI: 10.5713/ajas.16.0882.
- von Engelhardt Wolfgang; Breves, Gerhard; Diener, Martin; Gäbel, Gotthold (Hg.) (2015): *Physiologie der Haustiere*. 5., vollständig überarbeitete Auflage. Stuttgart: Thieme, S. 387-404. ISBN: 978-3-8304-1268-7.
- Wagner, P.; Yin, T.; Brügemann, K.; Engel, P.; Weimann, C.; Schlez, K.; König, S. (2021): Genome-Wide Associations for Microscopic Differential Somatic Cell Count and Specific Mastitis Pathogens in Holstein Cows in Compost-Bedded Pack and Cubicle Farming Systems. In: *Animals* 11 (6). DOI: 10.3390/ani11061839.
- Wall, E.; Simm, G.; Moran, D. (2010): Developing breeding schemes to assist mitigation of greenhouse gas emissions. In: *Animal* 4 (3), S. 366-376. DOI: 10.1017/S175173110999070X.

- Wang, M., Wang, R., Sun, X., Chen, L., Tang, S., Zhou, C., & He, Z. (2015). A mathematical model to describe the diurnal pattern of enteric methane emissions from non-lactating dairy cows post-feeding. In: *Animal Nutrition* 1 (4), S. 329-338. DOI: 10.1016/j.aninu.2015.11.009.
- Welderufael, B. G.; Løvendahl, Peter; Koning, Dirk-Jan de; Janss, Lucas L. G.; Fikse, W. F. (2018): Genome-Wide Association Study for Susceptibility to and Recoverability from Mastitis in Danish Holstein Cows. In: *Frontiers in Genetics* 9, S. 141. DOI: 10.3389/fgene.2018.00141.
- Wiggans, G. R.; Sonstegard, T. S.; VanRaden, P. M.; Matukumalli, L. K.; Schnabel, R. D.; Taylor, J. F. et al. (2009): Selection of single-nucleotide polymorphisms and quality of genotypes used in genomic evaluation of dairy cattle in the United States and Canada. In: *Journal of Dairy Science* 92 (7), S. 3431-3436. DOI: 10.3168/jds.2008-1758.
- Wolf, M. J.; Yin, T.; Neumann, G. B.; Korkuć, P.; Brockmann, G. A.; König, S.; May, K. (2021): Genome-Wide Association Study Using Whole-Genome Sequence Data for Fertility, Health Indicator, and Endoparasite Infection Traits in German Black Pied Cattle. In: *Genes* 12 (8). DOI: 10.3390/genes12081163.
- Wu, L. (2016): Measurement methods to assess methane production of individual dairy cows in a barn (Doctoral dissertation, Wageningen University and Research).
- Xiang, Ruidong; Oddy, Victor Hutton; Archibald, Alan L.; Vercoe, Phillip E.; Dalrymple, Brian P. (2016): Epithelial, metabolic and innate immunity transcriptomic signatures differentiating the rumen from other sheep and mammalian gastrointestinal tract tissues. In: *Peer J* 4, e1762. DOI: 10.7717/peerj.1762.
- Yan, T., Agnew, R. E., Gordon, F. J., & Porter, M. G. (2000): Prediction of methane energy output in dairy and beef cattle offered grass silage-based diets. In: *Livestock Production Science* 64 (2-3), S. 253-263. DOI: 10.1016/S0301-6226(99)00145-1.
- Yan, T.; Mayne, C. S.; Gordon, F. G.; Porter, M. G.; Agnew, R. E.; Patterson, D. C. et al. (2010): Mitigation of enteric methane emissions through improving efficiency of energy utilization and productivity in lactating dairy cows. In: *Journal of Dairy Science* 93 (6), S. 2630-2638. DOI: 10.3168/jds.2009-2929.

- Yates, A.D., P. Achuthan, W. Akanni, J. Allen, J. Allen, J. Alvarez-Jarreta, M. Ridwan Amode, I.M. Armean, A.G. Azov, R.Bennett, J. Bhai, K. Billis, S. Boddu, J. Carlos Marugán, C. Cummins, C. Davidson, K. Dodiya, R. Fatima, A. Gall, C. Garcia Giron, L. Gil, T. Grego, L. Haggerty, E. Haskell, T. Hourlier, O.G. Izuogu, S.H. Janacek, T. Juettemann, M. Kay, I. Lavidas, T. Le, D.Lemos, J. Gonzalez Martinez, T. Maurel, M. McDowall, A. McMahon, S. Mohanan, B. Moore, M. Nuhn, D.N. Oheh, A. Parker, A. Parton, M. Patricio, M. Pandian Sakthivel, A. Imran Abdul Salam, B.M. Schmitt, H. Schuilenburg, D. Sheppard, M. Sycheva, M. Szuba, K. Taylor, A. Thormann, G. Threadgold, A. Vullo, B. Walts, A. Winterbottom, A. Zadissa, M. Chakiachvili, B. Flint, A.Frankish, S.E. Hunt, G. Ilesley, M. Kostadima, N. Langridge, J.E. Loveland, F.J. Martin, J. Morales, J.M. Mudge, M. Muffato, E. Perry, M. Ruffier, S.J. Trevanion, F. Cunningham, K.L. Howe, D.R. Zerbino, and P. Flicek (2020): Ensembl 2020. In: Nucleic Acids Research 48, S. D682-D688. DOI: 10.1093/nar/gkz966.
- Yin, T.; Pinent, T.; Brügemann, K.; Simianer, H.; König, S. (2015): Simulation, prediction, and genetic analyses of daily methane emissions in dairy cattle. In: Journal of Dairy Science 98 (8), S. 5748-5762. DOI: 10.3168/jds.2014-8618.
- Yepes, Francisco A. Leal; Nydam, Daryl V.; Mann, Sabine; Caixeta, Luciano; McArt, Jessica A. A.; Overton, Thomas R. et al. (2019): Longitudinal Phenotypes Improve Genotype Association for Hyperketonemia in Dairy Cattle. In: Animals 9 (12). DOI: 10.3390/ani9121059.
- Zetouni, L.; Kargo, M.; Norberg, E.; Lassen, J. (2018): Genetic correlations between methane production and fertility, health, and body type traits in Danish Holstein cows. In: Journal of Dairy Science 101 (3), S. 2273-2280. DOI: 10.3168/jds.2017-13402.
- Zhang, Q., Koser, S. L., Bequette, B. J., & Donkin, S. S. (2015): Effect of propionate on mRNA expression of key genes for gluconeogenesis in liver of dairy cattle. In: Journal of Dairy Science 98 (12), S. 8698-8709. DOI: 10.3168/jds.2015-9590
- Zhao, Yiguang; Nan, Xuemei; Yang, Liang; Zheng, Shanshan; Jiang, Linshu; Xiong, Benhai (2020): A Review of Enteric Methane Emission Measurement Techniques in Ruminants. In: Animals 10 (6). DOI: 10.3390/ani10061004.

Danksagung

Diese Arbeit ist am Institut für Tierzucht und Haustiergenetik der Justus-Liebig-Universität Gießen entstanden. An dieser Stelle möchte ich mich bei allen Personen bedanken, die das Anfertigen dieser Arbeit durch ihre fachliche und emotionale Unterstützung ermöglicht haben.

Zuallererst möchte ich Herrn Prof. Dr. König danken, der mir mit der Überlassung des Themas die Möglichkeit der Promotion eröffnete. Außerdem möchte ich ihm im besonderen Maße dafür danken, dass ich die Chance hatte, meine Ergebnisse auf nationalen und internationalen Tagungen vorzustellen.

Zusätzlich möchte ich mich bei meinem Zweitgutachter Herrn Prof. Dr. Wehrend für das zeitnahe erstellen des Gutachtens und die gute Zusammenarbeit bei der Terminfindung für die Disputation bedanken. Ebenso ergeht hier mein Dank auch an den Prüfer Herrn Prof. Dr. Usleber für die Unterstützung in Vorbereitung auf den Disputationstermin und dem erfolgreichen Durchführen der Prüfung.

Mein Dank gilt ebenfalls dem Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft und dem Projektträger der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung, für die Finanzierung des Projektes „CCCfarming“.

Des Weiteren möchte ich den partizipierenden Betrieben danken. Ohne die Unterstützung der Betriebsleiter und deren Einverständnis über die Datenerhebung an ihren Tieren und die Bereitstellung etlicher betriebsinterner Daten wäre die Grundlage für diese Arbeit nicht zustande gekommen.

Ein besonderer Dank geht an alle Projektteilnehmer des Projektes „CCCfarming“, dank derer ich einige internationale Forschungseinrichtungen besuchen konnte und viele lehrreiche, spannende und unterhaltsame Tage in meiner Zeit als wissenschaftliche Mitarbeiterin verbringen durfte.

Weiterhin möchte ich mich bei allen Mitarbeitern und Mitarbeiterinnen des Instituts für Tierzucht und Haustiergenetik bedanken. Ihr wart immer freundlich und hilfsbereit und hattet stets ein offenes Ohr, egal ob es um technische, literarische, organisatorische, oder fachliche Fragen ging.

Ein besonderer Dank gilt den Postdoc Kolleginnen Dr. Tong Yin, Dr. Dr. Katharina May, Dr. Kerstin Brüggemann und Dr. Petra Engel für die fachliche Unterstützung und ihre Erfahrung in allen Bereichen, von denen ich profitieren durfte.

Hervorheben möchte ich ebenso meinen Dank, der meinen Mitdoktoranden gilt (Lisa, Cordula, Patricia, Manuel, Laura und Jenny). Im Einzelnen: Allen voran Jonas, ohne dessen Zuspruch und Motivation ich es wahrscheinlich nie so weit geschafft hätte, und Sarah, die mir die Anfangszeit im Institut sehr angenehm gemacht hat und mit ihrer Erfahrung und ihren Tipps sehr geholfen hat. Des Weiteren möchte ich hier gesondert Niklas und Johanna erwähnen, wobei Niklas der beste Begleiter während Betriebsbesuchen und Projekttreffen war, mit seiner ruhigen und umsichtigen Art, und Johanna, mit der ich die zweite Hälfte meiner Zeit im Institut verbringen durfte und die mir diese Zeit des Öfteren mit einem leckeren Cappuccino in der Mittagspause versüßt und die Arbeit dadurch erleichtert hat.

Abschließend möchte ich mich bei meiner Familie und meinen Freunden bedanken, welche mich bei der Umsetzung der Arbeit begleitet und stets unterstützt haben.

Erklärung gemäß § 10 Absatz 6 der Promotionsordnung des Fachbereichs Veterinärwesen der Justus-Liebig-Universität Gießen vom 06.11.2012

"Ich erkläre: Ich habe die vorgelegte Dissertation selbständig und ohne unerlaubte fremde Hilfe und nur mit den Hilfen angefertigt, die ich in der Dissertation angegeben habe. Alle Textstellen, die wörtlich oder sinngemäß aus veröffentlichten oder nicht veröffentlichten Schriften entnommen sind, und alle Angaben, die auf mündlichen Auskünften beruhen, sind als solche kenntlich gemacht. Bei den von mir durchgeführten und in der Dissertation erwähnten Untersuchungen habe ich die Grundsätze guter wissenschaftlicher Praxis, wie sie in der "Satzung der Justus-Liebig-Universität Gießen zur Sicherung guter wissenschaftlicher Praxis" niedergelegt sind, eingehalten."

Neuenstein, den 09.04.2026

Lena Fehmer