

Zusammenhänge zwischen metabolischen Profilen und 4 Bestandsbetreuung-Scores bei Milchkühen: Statistische Analyse anhand eines additiven Bayesian Netzwerkes

Relationship between metabolic profiles in herd health and 4 scoring systems used in dairy herd health programs: Statistical analysis with an additive Bayesian network




Autorinnen/Autoren

Michael Hässig¹, Annina Hanimann¹, Frazer Lewis², Sonja Hartnack²

Institute

- 1 Diagnostikzentrum Nutztiergesundheit, Vetsuisse-Fakultät, Universität Zürich, Schweiz
- 2 Institut für Epidemiologie, Vetsuisse-Fakultät, Universität Zürich, Schweiz

Schlüsselwörter

Bestandsmedizin, Scoring, blutchemische Profile, Milchvieh

Key words

herd health, scoring, biochemical profiles, dairy cattle

eingereicht 24.05.2022

akzeptiert 25.01.2023

Bibliografie

Tierarztl Prax Ausg G Grosstiere Nutztiere 2023; 51: 77–83

DOI 10.1055/a-2061-9990

ISSN 1434-1220

© 2023. The Author(s).

This is an open access article published by Thieme under the terms of the Creative Commons Attribution-NonDerivative-NonCommercial-License, permitting copying and reproduction so long as the original work is given appropriate credit. Contents may not be used for commercial purposes, or adapted, remixed, transformed or built upon. (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>)

Georg Thieme Verlag, Rüdigerstraße 14,
70469 Stuttgart, Germany

Korrespondenzadresse

Prof. Dr. Michael Hässig

Dipl. ECBHM (ECVPH)

Departement für Nutztiere

Vetsuisse-Fakultät der Universität Zürich

Winterthurerstrasse 260

8057 Zürich

Schweiz

mhaessig@vetclinics.uzh.ch

ZUSAMMENFASSUNG

Gegenstand und Ziel Die vorliegende Arbeit hatte das Ziel, mit Hilfe eines Bayesian Netzwerkes den Zusammenhang zwischen metabolischen Profilen und verschiedenen, in der Bestandsbetreuung von Milchkühen üblicherweise gebrauchten Scores zu objektivieren. Es wurde untersucht, ob zwischen den metabolischen Blutprofilen und dem Body Condition Score (BCS), dem Rumen Filling Score (RFS), dem Faeces Condition Score (FCS) und dem Undigested Fraction Score (UFS) auf Herdenbasis ein Zusammenhang besteht und ob die Bestandsscores das metabolische Profil zu ersetzen vermögen.

Material und Methoden Mittels blutchemischer Untersuchungen wurden von jeweils mindestens 10 Milchkühen aus 10 Betrieben, insgesamt 106 Proben, ein metabolisches Profil in den verschiedenen Leistungsphasen erstellt. Diese wurden oben angeführten Scores bei denselben Kühen gegenübergestellt. Aus den Daten wurde ein additives Bayesian Netzwerk erstellt.

Ergebnisse Im additiven Bayesian Netzwerk war ersichtlich, dass die Glukosekonzentration im Blut direkt auf die Kotkonsistenz (FCS) einwirkte. Es bestand eine Einwirkung des β -Hydroxybutyrat (BHB) auf die freien Fettsäuren (FFS). Der Harnstoff beeinflusste Phosphor im Blut wie auch die Glutamat-Oxalacetat-Transaminase (GOT). Der Harnstoff beeinflusste auch Kalzium im Blut und dieses dann Magnesium im Blut. Ein Zusammenhang des RFS mit dem BCS und einer erhöhten Leberaktivität wurde festgestellt. Die Glutathionperoxidase (GSH-Px), welche als Parameter für die Selenversorgung des Rindes herangezogen wird, hatte keinen signifikanten Zusammenhang mit den anderen gemessenen Parametern. Die GSH-Px und UFS standen isoliert im Modell.

Schlussfolgerung Durch die Anwendung eines multidimensionalen Modells, speziell eines additiven Bayesian Netzwerkes, konnten Zusammenhänge zwischen Parametern von metabolischen Profilen und 4 Scoring-Systemen der Bestandsbetreuung von Milchkühen offengelegt werden. Mit diesen Zusammenhängen können die untersuchten 4 Scoring-Systeme effektiver in der Bestandsbetreuung eingesetzt werden.

Klinische Relevanz Es bestehen Zusammenhänge zwischen metabolischen Profilen und Gesundheitsscores. Letztere sind schneller verfügbar und kostengünstiger. Bei Milchkühen mit metabolischen Erkrankungen oder Fruchtbarkeitsstörungen ersetzt das Scoring eine detaillierte Auswertung mittels metabolischer Profile nicht.

ABSTRACT

Objective The aim of the present study was to describe the relationship between the biochemical variables used in metabolic profiles and various scores commonly used in herd health management of dairy cows. The Bayesian network was used to determine the relationship between metabolic blood profiles and the scores for body condition (BC), rumen fill (RF), faecal consistency (FC) and undigested fraction (UF) on a herd basis.

Materials and methods In each of 10 dairy herds, blood was collected from a minimum of ten lactating cows for biochemical analysis and generation of metabolic profiles. This yielded a total of 106 blood samples. The biochemical results in the metabolic profiles were stratified by days in milk and compared with the scores of BC, RF, FC and UF using an additive Bayesian network.

Results The blood glucose concentration directly affected the FC score. There was an effect of beta-hydroxybutyrate (BHB) on

free fatty acids (FFS). An additional effect of BHB on the concentration of urea was detected. The concentration of urea affected the concentration of phosphorus and GOT activity. Urea concentration also affected the blood concentrations of calcium and subsequently magnesium. Rumen fill had an effect on BC score and liver enzyme activity. Glutathione peroxidase, which is used to assess the levels of selenium in cattle, had no significant relationship with the other variables and was therefore isolated in the model.

Conclusion The use of a multidimensional model, which in this study was an additive Bayesian network, showed the relationships between the biochemical variables in the metabolic profiles and the scoring systems commonly used for the management of dairy cow herds. The relationships between the biochemical variables and the four scoring systems can be used to manage dairy herds more effectively.

Clinical relevance The biochemical variables used in metabolic profiles were correlated with health scoring systems commonly used in dairy herds. The latter can be carried out more rapidly and at a lower cost than metabolic profiles. In dairy cows with metabolic diseases or fertility disorders, scoring systems do not replace detailed evaluations that include metabolic profiles.

Einleitung

Milchkühe erbringen ihre optimale Leistung nur bei guter Gesundheit. Eine bedarfsgerechte Fütterung, eine gute Fruchtbarkeit und eine entsprechend artgerechte Haltung im Sinne des Tierwohls sind grundlegende Voraussetzungen für eine gut funktionierende Milchviehherde [1, 2]. Metabolische Profile und Scoring wird zur Überwachung der Gesundheit angewendet.

Das Erfassen von metabolischen Profilen ist teuer und zeitaufwändig, und sie stehen nicht sofort im Stall zur Verfügung. Deshalb kommen sie oft erst bei einem langandauernden und schwerwiegenden Problem zur Anwendung. Es stehen neuerdings einzelne Parameter als on-farm-Test zur Verfügung. Hier ist insbesondere der BHB und der iCa-Test zu nennen [22, 23].

Andere Möglichkeiten zur Erkennung metabolischer Entgleisungen einer Milchviehherde sind die Beurteilungen des Body Condition Scores (BCS), des Rumen Filling Scores (RFS), des Faeces Condition Scores (FCS) sowie des Undigested Fraction Scores (UFS). Dabei werden die Körperkondition (BCS) und die Füllung des Pansens (RFS) einzelner Milchkühe in unterschiedlichen Produktionsphasen sowie die Kotkonsistenz (FCS) und die unverdauten Futteranteile (UFS) beurteilt. Der BCS ist ein wichtiges langfristiges Instrument zur Kontrolle der Energieversorgung einer Milchviehherde [3–6]. Der RFS gibt Hinweise über den Futterverzehr sowie die Verdauungsaktivität der letzten paar Stunden [1]. Dabei ist die linke Hungergrube und die darin sich abzeichnende Kontur des Pansens visuell zu beurteilen. Beim FCS wird die Konsistenz von frischem Kot nach Huslen [1] beurteilt. Dieser gibt Hinweise über die Ra-

tionsgestaltung und den Gesundheitsstatus einer einzelnen Milchkühe sowie einer gesamten Herde [1, 9]. Beim UFS wird der Anteil unverdauter Futterpartikel im frischen Kot beurteilt [1]. Anhand all dieser Scores können die Verdaulichkeit und die Fütterung unter Berücksichtigung des Laktationsstadiums überprüft werden. Ein Nachteil von Scores ist ihr subjektiver Charakter. Die einzelnen Parameter unterscheiden sich auch in ihrer zeitlichen Auswirkung. BCS verändert sich nur langsam gegenüber RFS.

In der hier vorgelegten Studie wurden keine «Problembetriebe» untersucht. Die Zusammenhänge zwischen metabolischen Parametern in der Bestandsbetreuung von Milchkühen wurden vielfach untersucht [12]. Da allerdings ein Vergleich zwischen metabolischen Profilen und Scoring-Systemen nach der eigenen Literaturrecherche (pubmed; Schlagwörter: score, metabolic profile, bovine; 25.1.2023) noch nicht durchgeführt wurde, war es das Hauptziel der hier vorgelegten Arbeit, eine Analyse von ausgewählten Blutparametern mit 4 Scoring-Systemen durchzuführen.

Mit dem „additiven Bayesian Netzwerk“ können Wahrscheinlichkeitsverteilungen der Variablen und deren Abhängigkeiten untereinander effizient eruiert werden [10]. Der Vorteil des Bayesian Netzwerkes ist, dass direkte und indirekte Einflussfaktoren auf eine Zielvariable unterschieden werden. Damit können Störvariablen und Interaktionen besser erfasst werden. Das additive Bayesian Netzwerk wurde erfolgreich von Lewis [11] als adäquates Modell zur Analyse komplexer Tiergesundheitsdaten verwendet.

Daraus stellt sich folgende Frage: Können Bestandsscores das metabolische Profil ersetzen?

► **Tab. 1** Betriebsunabhängige Resultate der Blutproben aller untersuchten Tiere während den verschiedenen Laktationsphasen (n = 106; **zu hohe Werte**, zu tiefe Werte).

► **Table 1** Independent results of the blood samples of all animals examined during the different lactation phases (n = 106; **too high value**; too low values).

Blutparameter	Galtphase			Startphase			Produktionsphase		
Zielbereich [13] [14] [15]	m	min	max	m	min	max	m	min	max
N	30			41			35		
Glukose (mmol/l) > 2,6	3,1	2,5	3,9	3,0	2,2	5,0	3,1	2,3	3,8
FFS(mEq/l) < 0,1	0,100	0,003	0,141	0,100	0,002	0,537	0,100	0,003	0,170
BHB (µmol/l) < 900	598	97	1182	724	294	1925	725	78	1629
Urea (mmol/l) 2–5	4,9	2,7	9,5	5,1	2,5	9,9	4,9	2,1	8,3
Ca (mmol/l) 2–3	2,30	1,89	2,92	2,20	1,80	3,19	2,30	1,79	3,32
P (mmol/l) 1,5–2,5	1,80	1,08	2,39	1,70	0,99	3,10	1,70	1,08	2,29
Mg (mmol/l) 0,8–1,1	1,00	0,40	1,35	1,00	0,83	1,27	1,00	0,11	1,35
GSH-Px (U/gHb) > 10	39,6	13,4	72,4	28,9	9,4	51,7	43,7	28,6	83,6
GOT (U/l) < 100	74	44	120	91	17	154	90	51	210
GLDH (U/l) < 10	20	4	107	24	5	56	29	5	196
GGT (U/l) < 25	26,0	13,0	92,0	24,9	13,0	40,0	32,0	12,0	87,0

N: Anzahl Kühe pro Leistungsphase; m: Mittelwert; min: Minimum; max: Maximum.

tements für Nutztiere, Abteilung Ambulanz und Bestandesmedizin, Vetsuisse-Fakultät der Universität Zürich von derselben Person dokumentiert und beurteilt (► **Abb. 1**) [6].

Chemische Analysen

Die Proben wurden in Relation zum Geburtstermin, in die Start- (29 bis 100 Tage post partum) die Produktions- (ab 101 Tage post partum) und die Galtphase (Galtstellen bis 28 Tage post partum) gruppiert entnommen (► **Abb. 1**). Pro Betrieb wurden bei jeweils mindestens 10 zufällig ausgewählten Kühen Blutproben entnommen (total 106). Insgesamt wurden 30 Kühe in der Galt-, 41 Kühe in der Start- und 35 Kühe in der Produktionsphase für die Gewinnung der Blutproben ausgewählt. Die Analysen erfolgten auf einem Cobas Mira S® (Roche, Basel) im Labor des Departements für Nutztiere, Abteilung Ambulanz und Bestandesmedizin, Vetsuisse-Fakultät der Universität Zürich [12–14]. Die erhobenen blutchemische Werte sind in ► **Tab. 1** ersichtlich.

Statistik

Bei dieser Arbeit handelte es sich um eine klinische Querschnittsstudie. Die Berechnung erfolgte mit dem Programm STATA17 (Stata Corp., 2012; Stata Statistical Software: Release 17; College Station, TX, USA: Stata Corp LP). Der Stichprobenumfang wurde mittels dem STATA-Befehl <power oneslope 800 1200, corr(0,6)>, basierend der bekannten Daten von BHB (Betahydroxybutyrat) bestimmt (Durchschnitt 800 µmol/l für Kontrollkühe und 1200 µmol/l für Ketosekühe, bei p = 0,05, power = 0,8, r = 0,6 (gute klinische Korrelation) [15]. Dies ergab ein n = 60 für Hauptkomponenten (principal component). Mit 106 auswertbaren Proben konnten diese

Vorgaben erfüllt werden. Die Zweiweg-quadratischen Vorhersagen stellten den besten Vorhersagewert gemäss AIC (Akaike information criterion) dar [15]. Für die Herden- und Rassendisposition wurden Varianzanalysen durchgeführt. Ein p-Wert von ≤ 0,05 wurde als signifikant angesehen.

Im Besonderen wurde ein „additives Bayesian Netzwerk“ verwendet [11]. Damit konnten die Wahrscheinlichkeitsverteilungen der Variablen und deren Abhängigkeiten untereinander effizient eruiert werden [20]. Ein Model mit binärer oder dichotomer Beurteilung der Scores (BCS/RFS/FCS/UFS) mit dem Cut-off von 0 = „≤ 3“, 1 = „≥ 3“, ausgenommen UFS 0 = „≤ 2“, 1 = „≥ 2“, zeigte eine bessere Modellierung als eine Behandlung der Scores als Gauss'sche Verteilung. Verbindungslinien im Model deuten auf eine Abhängigkeit der Faktoren (p ≤ 0,05 und Power > 0,8) hin. Das Modell wurde nach KOIVISTO und SOOD (2004) optimiert [16]. Die Netzwerk-Struktur, welche sich am besten für die Darstellung der Daten eignete, wurde dargestellt [8, 11, 17]. Es wurde dabei darauf geachtet, dass es bei den Linien, welche Abhängigkeiten darstellen, keine Überschneidungen gab.

Ergebnisse

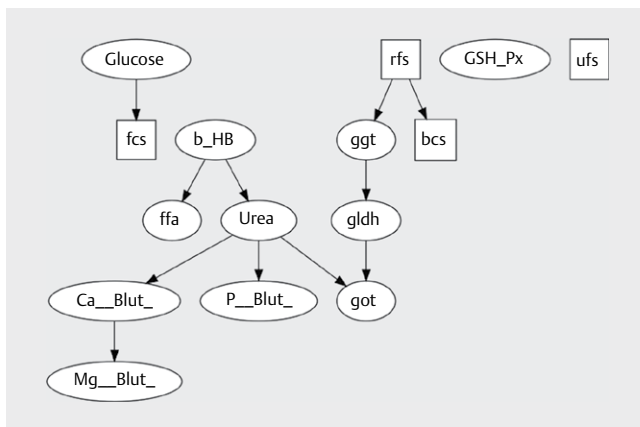
Die Schweizerische Braunviehrasse (Brown Swiss (BS)) war bei den ausgewählten Kühen mit 57,6% am häufigsten vertreten. Im Weiteren waren Holstein-Friesian mit 22,6%, Red Holstein mit 16,1% und deren Kreuzungen mit 3,6% vertreten. Von den 106 Kühen waren 30 Tiere trocken gestellt, 41 befanden sich in der Startphase (bis 100 Tage post partum) und 35 in der Produktionsphase (ab 101 Tage post partum) der Laktation. Hinsichtlich der Faktoren

► **Tab. 2** Resultate der Scores aller beurteilten Tiere ohne Berücksichtigung eines allfälligen «clustering effects» der einzelnen Herden, aufgeteilt nach Laktationsphasen (n = 106; **fett**: zu hohe Werte/zu tiefe Werte, Einweg-ANOVA, Bonferroni post hoc Test, (*) = P ≤ 0,05).

► **Table 2** Scoring results of 106 lactating dairy cows divided into lactation phases. The clustering effect of the individual herds was not taken into account (**Bold** values are higher or lower than the reference intervals, oneway ANOVA, Bonferroni post hoc test, (*) = P ≤ 0,05).

Bestandsscores	Galtphase			Startphase			Produktionsphase		
Zielbereich [1, 3, 6, 7, 21]	BCS 3,0–4,0 RFS 2,0–4,5 FCS 3,5–4,5 UFS 1,0–3,5			BCS 2,5–3,5 RFS 2,0–4,0 FCS 2,0–3,5 UFS 1,0–2,5			BCS 3,0–4–0 RFS 3,0–5–0 FCS 2,0–3,5 UFS 1,0–2,5		
	m	min	max	m	min	max	m	min	Max
N	30			41			35		
BCS	3,6	3,0	4,0	3,0*	2,0	4,0	3,3*	2,0	4,0
RFS	3,1	2,0	4,0	3,0	2,0	4,0	3,0	2,0	4,0
FCS	3,6*	3,0	4,0	3,2*	2,0	4,0	3,4	3,0	4,0
UFS	2,4	1,0	4,0	2,5	1,0	4,0	2,5	1,0	4,0

m: Mittelwert, mean; min: Minimum; max: Maximum; BCS: Body Condition Score; RFS: Rumen Filling Score; FCS: Faeces Consistency Score; UFS: Undigested Feed Score.



► **Abb. 2** Darstellung der signifikanten Zusammenhänge der metabolischen Profile und der Bestandsscores anhand des additiven Bayesianischen Netzwerks (DAG: Directed Acyclic Graph) nach Lewis [13]. Jeder Pfeil signalisiert eine signifikante Abhängigkeit (siehe Material & Methodik). fcs: Kotkonsistenz-Score; rfs: Pansenfüllungs-Score; GSH_Px: Glutathion-Peroxidase; ufs: unverdaubare Fraktions-Score; b_Hb: Betahydroxybutyrate; ggt: Gamma-Glutamyltransferase; bcs: Körperkondition-Score; ffa: freie Fettsäuren; gldh: Glutamat-Laktat-Dehydrogenase; got: Glutamat-Oxalacetat-Transaminase. Quelle: Abteilung Ambulanz und Bestandesmedizin, Departement für Nutztier, Vetsuisse-Fakultät der Universität Zürich.

► **Fig. 2** Representation of the significant combination of metabolic profiles and the various herd health scoring using the additive Bayesian network (DAG: Directed Acyclic Graph) according to Lewis [13]. Each arrow indicates a significant relationship (see Material & Methods). fcs: faecal-consistency-score; rfs: rumen-filling-score; GSH_Px: Glutathion-Peroxidase; ufs: undigested fractions-score; b_Hb: betahydroxybutyrate; ggt: gamma-glutamyl transferase; bcs: body-condition-Score; ffa: free-fatty-acid; gldh: glutamate-lactate-dehydrogenase; got: glutamate-oxalacetate-transaminase. Source: Section for Ambulatory and Herd Health, Departement for Farm Animals, Vetsuisse-Faculty of the University of Zurich.

Herde und Rasse konnten keine signifikanten Unterschiede festgestellt werden.

Die Resultate der Blutproben aller untersuchten Kühe während der verschiedenen Leistungsphasen sind in ► **Tab. 1** zusammengefasst.

Der Vergleich aller Bestandsscores (BCS, RFS, FCS, UFS) zusammen während den verschiedenen Laktationsphasen fiel in den verschiedenen 10 Betrieben während den Laktationsphasen sehr unterschiedlich aus. Es ergab kein homogenes Bild. Die Variabilität war während der Produktionsphase am grössten (► **Tab. 2**).

Mittels der Zweiweg-Quadratischen-Vorhersagen konnten keine signifikanten Abhängigkeiten zwischen den einzelnen Blutwerten (metabolischen Profilen) und den einzelnen Bestandsscores nach Laktationsstadium festgestellt werden.

Das additive Bayesianische Netzwerk zeigte jedoch, dass die Blut-Glukosekonzentration direkt mit dem FCS korrelierte, der RFS hingegen mit der GGT und dem BCS (► **Abb. 2**). Der UFS hatte keine statistisch signifikante Korrelation mit dem metabolischen Profil und den anderen Scores. BHB und RFS sind die Elternknoten von FCS, GGT und dem BCS. So korrelierte signifikant die BHB sowohl mit der FFS als auch via Urea im Blut und folgend mit den Mineralstoffen Kalzium im Blut, Phosphor im Blut sowie dem Leberenzym GOT. Der RFS korreliert direkt mit dem BCS und dem Enzym GGT und damit auch mit den Leberenzymen GLDH und wiederum GOT (► **Abb. 2**). Die GSH-Px und UFS standen isoliert im Modell.

Diskussion

Die vorliegende Studie berücksichtigte nur Milchviehbetriebe ohne offensichtliche Bestandsprobleme im Schweizer Mittelland. Rasenunterschiede konnten bei einem n von 106 nicht festgestellt werden.

Die metabolischen Profile und Scores der verschiedenen Betriebe fielen unterschiedlich aus. Die Betriebsform, die Herdenzusammensetzung wie auch die geografischen Gegebenheiten können zu diesen Variationen führen [18, 19]. Die Analysen sind ausführlich in der Dissertationen von Lutz und Portmann beschrieben [12–14].

Bei künftigen Auswertungen müssen mögliche Confounder wie Betrieb, Laktationsstadium, Rasse und Laktationsnummer durch Erhöhung der Untersuchungsanzahl besser berücksichtigt werden. Dazu müssen aber auch grössere Bestände als in der Schweiz vorhanden zur Verfügung stehen, damit der Betafehler nicht zu gross wird. Auch müssten in einer zukünftigen Studie Betriebe mit und ohne Bestandsproblem einbezogen werden. Bei kleineren Betrieben mit geringen Tierzahlen, wie sie in der Schweiz noch vorherrschen, sind statistische Auswertungen auf Betriebsebene limitiert, so dass nur eine Auswertung sinnvoll erscheint, welche darstellt, ob die vorgelegten Zielwerte pro Leistungsstadium erreicht werden oder nicht.

Scoring ist immer eine subjektive Datenerhebung. Diesem wurde Rechnung getragen, indem für diese Arbeit eine Person das Scoring vornahm (AH). Wie eingangs erwähnt handelt es sich um eine Querschnittsstudie und somit um eine Punktaufnahme. Die einzelnen Parameter unterscheiden sich in ihrer zeitlichen Auswirkung. BCS verändert sich nur langsam gegenüber RFS. Einmalige Erfassungen von Scores und Blutwerten entsprechen aber dem üblichen Vorgehen in der Praxis und meist in großen Abständen in der Bestandsbetreuung. Die Limitierungen einer Punktaufnahme müssen stets berücksichtigt werden [21].

Im additiven Bayesian Netzwerk wurden signifikante Zusammenhänge zwischen Parametern von metabolischen Profilen und Bestandsscores aufgezeigt. Der BHB und dem RFS kommt im additiven Bayesian Netzwerk eine zentrale Bedeutung zu, weil sie zentral im Netz stehen. Es ist offensichtlich, dass die Glukose direkt auf die Kotkonsistenz (FCS) einwirkt. Basierend auf der Hydrophilie von Glukose, welche proportional zum Blutwert nicht resorbiert wird und im Darmlumen verbleibt, erhöht sich der osmotische Druck. Dies führt zu einem dünnflüssigen Kot [2].

Die Auswirkung des Pansens (RFS) auf die Körperkondition (BCS) wurde erwartet sowie die daraus resultierende erhöhte Leberaktivität. Die GSH-Px und UFS standen isoliert im Modell. Die GSH-Px als Protonenfänger gehört zu den Redox-Enzymen, welche die Homeostase des pH steuern. Damit übernimmt die GSH-Px eine übergeordnete Funktion im Metabolismus und hat keinen isolierten Einfluss auf bestimmte Körperfunktionen [1].

Die potenziellen Confounder Betrieb, Laktationsstadium, Rasse und Laktationsnummer haben einen untergeordneten Einfluss auf die dargelegten Resultate, weil sie im Bayesian-Netzwerk eliminiert werden konnten. Dies beruht wahrscheinlich auf dem Studiendesign mit 10 Betrieben und rund 10 Kühen pro Betrieb.

Um die in dieser Arbeit eingangs gestellte Frage zu beantworten, ob die Bestandsscores das metabolische Profil zu ersetzen vermögen, kann in dieser Studie mittels dem additiven Bayesian Netzwerk Modell gesagt werden, dass dem RFS und der BHB eine zentrale Bedeutung in der Beurteilung der metabolischen Versorgungslage der Milchkuh zukommen, weil sie im Zentrum des additiven Bayesian-Netzwerkes liegen (► **Abb. 2**). Alle Scores sind aber eher randständig in das Modell eingeflossen. Daraus muss man

folgen, dass eine detaillierte Erfassung des metabolischen Zustandes der Milchkuh, respektive einer Milchviehherde, ein metabolisches Profil nicht durch das Scoring abgelöst werden kann. Die Scores sind gute Hilfsmittel, wenn ein Herdenproblem vermutet wird. Sie müssen, wenn ein Bestandsproblem besteht, durch eine genaue Rationsanalyse sowie durch metabolische Profile ergänzt werden. Für die Bestandsbetreuung ohne Bestandsprobleme stellt das vorgestellte Scoring aber auf alle Fälle ein probates, kostengünstiges und schnell zur Verfügung stehendes Hilfsmittel dar, um metabolische Bestandsprobleme frühzeitig erkennen zu können [22].

FAZIT FÜR DIE PRAXIS

Die vorliegende Arbeit hatte das Ziel, den Zusammenhang zwischen metabolischen Profilen und verschiedenen, in der Bestandsbetreuung von Milchkühen gebrauchten Scores zu vergleichen, wie den Body Condition Score (BCS), den Rumen Filling Score (RFS), den Faeces Condition Score (FCS) und den Undigested Fraction Score (UFS).

Die Studie konnte den Zusammenhang zwischen Scoring und Parametern von metabolischen Profilen aufzeigen. Das Erheben der untersuchten Bestandsscores ist somit ein adäquates Hilfsmittel in der Bestandsbetreuung. Das Scoring führte zu ähnlichen Ergebnissen wie die metabolischen Profile, war jedoch schneller verfügbar und kostengünstiger. Bei Milchkühen mit metabolischen Erkrankungen oder Fruchtbarkeitsstörungen ersetzt das Scoring eine detaillierte Auswertung mittels metabolischer Profile nicht.

Interessenkonflikt

Die Autoren bestätigen, dass kein Interessenkonflikt besteht.

Danksagung

Wir danken allen Landwirten, die uns ihre Zeit und ihre Tiere zur Verfügung gestellt haben. Frau B. König für die Laboruntersuchungen und Herrn med. vet. P. Moor, Tann für die Überlassung seiner Kundschaft.

Widmung

Dieser Artikel ist Prof. Dr. Rolf Mansfeld zum Eintritt in den Ruhestand gewidmet.

Literatur

- [1] Hulsen J. Kuh-Signale: Krankheiten und Störungen früher erkennen. Landwirtschaftsverlag Münster 2016 ISBN 978-90-75280-54-8
- [2] Studer E. A veterinary perspective of on-farm evaluation of nutrition and reproduction. J. Dairy Sci 1998; 81: 872–876
- [3] Domecq JJ, Skidmore AL, Lloyd JW et al. Relationship between body condition scores and milk yield in a large dairy herd of high yielding Holstein cows. J. Dairy Sci 1997; 80: 101–112

- [4] Edmonson AJ, Lean IJ, Weaver LD et al. A body condition scoring chart of Holstein dairy cows. *J. Dairy Sci.* 1989; 72: 68–78
- [5] Hady PJ, Domecq JJ, Kaneene JB. Frequency and precision of body condition scoring in dairy cattle. *J. Dairy Sci* 1994; 77: 1543–1547
- [6] Waltner SS, McNamara JP, Hillers JK. Relationship of body condition score to production variables in high producing Holstein dairy cattle. *J. Dairy Sci* 1993; 76: 3410–3419
- [7] Zaaijer D, Noordhuizen JP. A novel scoring system for monitoring the relationship between nutritional efficiency and fertility in dairy cows. *Ir. Vet. J.* 2003; 56: 145–151
- [8] Burfeind O, Sepulveda P, von Keyserlingk MAG, Weary DM, Veira DM, Heuwieser W. Evaluation of a scoring system for rumen fill in dairy cows. *J. Dairy Sci.* 2010, 93: 3635 – 3640. Butler, W. R., Everett R. W., Coppock, C. E.: The relationships between energy balance, milk production and ovulation in post partum Holstein cows. *J. Anim. Sci.* 1981; 53: 742–748
- [9] Roche JR, Berry DP, Kolver ES. Holstein-Friesian strain and feed effects on milk production, body weight and body condition score profiles in grazing dairy cows. *J. Dairy Sci* 2006; 89: 3532–3543
- [10] Steffen O. Bayessche Netzwerke. Proseminar: Machine Learning, SS 27. Juni 2006, Comp. Sci. Dept., Computer Architecture, Prof. Dr. Zell, Universität Tübingen 2006 www.ra.cs.uni-tuebingen.de/lehre/ss06/pro_learning.htm (16.07.14)
- [11] Lewis FI, Brülisauer F, Gunn GJ. Structure discovery in Bayesian Netzwerke: An analytical tool for analysing complex animal health data. *Prev. Vet. Med.* 2011; 100: 109–115
- [12] Lutz B, Portmann A. Frühwarnsystem zur Erkennung von Fruchtbarkeits- und Stoffwechselstörungen bei Milchkühen. *Vet. Med. Diss. Universität Zürich* 1998
- [13] Lutz B, Portmann A, Wanner M et al. Aussagekraft von metabolischen Blutprofilen zur Abklärung von Fruchtbarkeits-, und Stoffwechselstörungen auf Herdenbasis. *Tagung der Fachgruppe „Epidemiologie und Dokumentation“, Gesundheitsmonitoring bei Tierpopulationen, München* 1997
- [14] Lutz B, Portmann A, Wanner M et al. Relationship between fertility and metabolic profile in dairy cows. *XX. World Buiatric Congress, Sidney* 1998
- [15] Altman DG. *Practical Statistics for Medical Research.* Chapman & Hall/CRC; London: 1990
- [16] Koivisto M, Sood K. Exact Bayesian Structure Discovery in Bayesian Netzwerke. *J. Mach. Learn. Res.* 2004; 5: 549–573
- [17] Loker S, Miglior F, Koeck A et al. Relationship between body condition score and health traits in first-lactation Canadian Holsteins. *J. Dairy Sci* 2012; 95: 6770–6780
- [18] Hässig M, Lutz B, Portmann A et al. Regional differences in metabolic profiles for fertility status in dairy cows. *XIX. World Buiatric Congress, Edinburgh, UK* 1996; 3: 90
- [19] Hässig M, Portmann A, Lutz B et al. Regional differences in metabolic profiles for fertility status in dairy cows. *International Congress on Vet. Technology in Reproduction, Cairo, Aegypt* 1996
- [20] Hässig M. *Vorgehen in Betrieben mit gehäuftem Verwerfen beim Rind. Habilitationsschrift, Vetsuisse-Fakultät Zürich, Universität Zürich, Schweiz* 2000
- [21] Roche JR, Friggens NC, Kay JK et al. Invited review: Body condition score and its association with dairy cow productivity, health and welfare. *J. Dairy Sci* 2009; 92: 5769–5801
- [22] Hanimann A. *Vergleich der metabolischen Profile und der Bestandesscores sowie deren Aussagefähigkeit in Bezug auf die Fütterung und Fruchtbarkeit in Schweizer Milchviehbetrieben. Vet. Med. Diss. Universität Zürich, Schweiz* 2019 (kann beim Erstautor bezogen werden)
- [23] Iwersen M, Falkenberg U, Voigtsberger R, Forderung D, Heuwieser WJ. Evaluation of an electronic cowside test to detect subclinical ketosis in dairy cows. *Dairy Sci* 2009; 92: 2618–2624