

Eutergesundheitsstatus von Milchkühen unterschiedlicher Rassen in der Früh lactation*

Aulrich, K.¹, Barth, K.¹, Knapstein, K.² und Schulz, F.³

Keywords: cattle, mastitis, udder health, bacteria identification

Abstract

The period of increasing metabolic stress after calving bears a higher risk for udder infections. The regulations of organic farming encourage the farmers to use adopted breeds but definite recommendations do not exist. Our study aimed for a comparison of two different breeds kept under the same management conditions and a comparison of two herds consisting of the same breed but differently managed to monitor the udder health in the risky period five weeks post calving. Results revealed a higher infection rate for the dual purpose breed German Red Pied. The dominant mastitis pathogens in both herds and in both breeds were coagulase-negative-staphylococci and the main species was Staphylococcus chromogenes. Under the same management conditions the German Holsteins were less infected than the German Red Pied.

Einleitung und Zielsetzung

Milchkühe unterliegen in den ersten Wochen nach der Abkalbung, dem Zeitraum höchster Stoffwechselbelastung, einem besonderen Erkrankungsrisiko. Die Regelungen des ökologischen Landbaus fordern die Wahl geeigneter standortangepasster Rassen, um Erkrankungen vorzubeugen. Untersuchungen bzw. klare Empfehlungen zur Eignung bestimmter Rassen für die ökologische Milcherzeugung unter dem Aspekt der Eutergesundheit existieren jedoch bisher nicht. Die Rasse Deutsche Holstein-Schwarzbunt (DH) hat sich trotz der Diskussionen um die Mastitisanfälligkeit leistungsorientierter Rassen in der ökologischen Milchviehhaltung Deutschlands durchgesetzt. Ziel der Untersuchung war daher ein Monitoring des Infektionsstatus von DH und Deutschen Rotbunten im Doppelnutzungstyp (Rbt) unter gleichen Managementbedingungen in den ersten 5 Wochen nach der Abkalbung. Weiterhin wurde untersucht, ob sich der Infektionsstatus von DH bei variierenden Managementbedingungen unterschied.

Methoden

Die Untersuchungen fanden auf zwei ökologisch geführten Versuchsbetrieben statt. Auf dem Milchviehbetrieb des Institutes für Ökologischen Landbau in Trenthorst (TH) standen Tiere unterschiedlicher Nutzungsrichtung zur Verfügung, 50 Tiere der milchleistungsorientierten Deutsche Holstein-Schwarzbunt (DH, mittlere Milchleistung pro Tier im Untersuchungszeitraum: 29,6 (SD: 7,1) kg d⁻¹ ECM) und 50 Deutsche Rotbunte im Doppelnutzungstyp (Rbt, 26,3 (SD: 6,8) kg d⁻¹ ECM).

¹ Johann Heinrich von Thünen-Institut, Institut für Ökologischen Landbau, Trenthorst 32, 23847, Westerau, Deutschland, karen.aulrich@vti.bund.de, kerstin.barth@vti.bund.de

² Max Rubner-Institut, Institut für Sicherheit und Qualität bei Milch und Fisch, Hermann-Weigmann-Straße 1, 24103, Kiel, Deutschland, karin.knapstein@mri.bund.de

³ Lehr- und Versuchsbetrieb für Ökologischen Landbau der Universität Gießen, Gladbacherhof 65606, Villmar, Deutschland, Franz.Schulz@agr.uni-giessen.de

Weiterhin wurden 85 Tiere der Rasse Deutsche Holstein (28,1 (SD: 6,4) kg d⁻¹ ECM) des Gladbacherhofs (GH) der Justus-Liebig-Universität Gießen einbezogen.

Im Zeitraum von Oktober 2007 bis April 2009 wurden in den ersten fünf Laktationswochen, beginnend mit der 1. Probenahme in den ersten 3 Tagen p.p., einmal wöchentlich in der Morgenmelkzeit Viertelanfangsgemelksproben zur zyto-bakteriologischen Untersuchung (BU) (MRI, Kiel) gewonnen. Es standen insgesamt 4440 Proben zur Verfügung. Die BU wurden entsprechend der DVG-Leitlinien (DVG 2009) durchgeführt. Die Bestätigung kultureller Befunde von Staphylokokken und Streptokokken bzw. ihre Differenzierung wurde mittels molekularbiologischer Methoden (vTI, Trenthorst) durchgeführt. Isolate aus BU-positiven Proben wurden in Kulturmedium angereichert, inaktiviert und dem Labor des vTI zur Verfügung gestellt. Die DNA-Extraktion erfolgte nach der von Aulrich und Barth (2008) für Milch publizierten Methode. Streptokokken wurden mittels PCR-RFLP Analyse ribosomaler DNA des 16S-23S Genes identifiziert (McDonald et al. 2005). Zur Identifizierung der *Staphylococcus* (S.) Spezies kam die ITS-PCR nach Couto et al. (2001) zum Einsatz. Zur weiteren Differenzierung zwischen *S. xylosus*, *S. cohnii* und *S. saprophyticus*, wurde die PCR-RFLP des *dnaJ* Genes angewandt (Hausschild & Stefanovic 2008).

Ergebnisse

Die Ergebnisse der bakteriologischen Untersuchungen unmittelbar nach der Kalbung und in der 5. Woche p.p. sind in Tabelle 1 gegenübergestellt. Befunde wurden nur dann berücksichtigt, wenn in 2 von 3 aufeinanderfolgenden Untersuchungen der gleiche Erreger nachgewiesen wurde („2 aus 3“). Abweichend davon wurden Majorpathogene auch bei nur einmaligem Nachweis berücksichtigt, wenn die Zellzahl des betroffenen Viertels gegenüber den anderen Vierteln deutlich erhöht war. Coryneforme Keime sind hier nicht berücksichtigt, da eine Unterscheidung zwischen Strichkanalbesiedlung und Infektion in der Kolostralphase wegen physiologisch erhöhter Zellzahl nicht möglich ist. Zwischen den Herden des Gladbacherhofes und Trenthorst zeigten sich deutliche Unterschiede. Nach der Kalbung waren auf dem Gladbacherhof Infektionen mit *Sc. uberis*, in Trenthorst mit KNS vorherrschend. In der 5. Woche p.p. überwogen auf beiden Betrieben KNS, der Anteil infizierter Viertel lag jedoch auf dem Gladbacherhof deutlich niedriger (7,9 %) als in Trenthorst (DH 16,0 %, Rbt 24,5 %). Unter den sonstigen Erregern ist bei den Rbt ein erhöhter Anteil an *Sc. dysgalactiae* zu erwähnen, andere Erreger wurden nur vereinzelt nachgewiesen. Der Anteil bakteriologisch negativer Viertel war bei den DH auf beiden Betrieben in beiden Zeiträumen mit \square 70 % höher als bei den Rbt.

Ebenso lag der Anteil von Kühen, bei denen über die ersten 5 Wochen p.p. durchgängig alle vier Viertel bakteriologisch negativ waren, bei den DH auf vergleichbarem Niveau und deutlich höher (GH 38,8 %, Trenthorst 40,0 %) als bei den Rbt (24,0 %). Persistierende Infektionen wurden bei einem Fünftel der Rbt festgestellt, aber nur bei 5,9 % (GH) bzw. 10,0 % (TH) der DH. Auch die Neuinfektionsrate war bei den DH beider Versuchsbetriebe deutlich geringer (GH: 8,2 %, TH: 8,0 %) als bei den Rbt mit 16,0 %, die Selbstheilungsrate dagegen höher (DH: GH 7,1 %, TH 18,0 %, Rbt 4,0 %). Zu beachten ist dabei allerdings, dass der Anteil von Kühen, deren Infektionsstatus auf Grund von wiederholt kontaminierten Proben nicht auswertbar war, unterschiedlich hoch war.

Tabelle 1: Vergleich des Spektrums der Mastitiserreger nach der Kalbung und in der 5. Woche post partum - Auswertung auf Viertelenebene nach „2 aus 3“

Diagnose	1. Probe p.p.		5. Woche p.p.	
	n	%	n	%
Gladbacher Hof (n=340)				
bakteriologisch negativ	261	76,8	263	77,4
KNS	21	6,2	27	7,9
<i>Sc. uberis</i>	26	7,6	11	3,2
Gram-negative Stäbchen	8	2,4	5	1,5
Sonstige	3	0,9	4	1,2
nicht auswertbar	18	5,3	27	7,9
Verödete Viertel	3	0,9	3	0,9
Trenthorst - Deutsche Holstein (n=200)				
bakteriologisch negativ	140	70,0	152	76,0
KNS	32	16,0	32	16,0
<i>Sc. uberis</i>	2	1,0	1	0,5
Gram-negative Stäbchen	6	3,0	2	1,0
Sonstige	1	0,5	0	-
nicht auswertbar	17	8,5	11	5,5
Verödete Viertel	2	1,0	2	1,0
Trenthorst - Deutsche Rotbunte (n=200)				
bakteriologisch negativ	131	65,5	123	61,5
KNS	42	21,0	49	24,5
<i>Sc. uberis</i>	2	1,0	0	-
Gram-negative Stäbchen	1	0,5	2	1,0
Sonstige	5	2,5	8	4,0
nicht auswertbar	16	8,0	15	7,5
Verödete Viertel	3	1,5	3	1,5

Tabelle 2: Ergebnisse der molekularbiologischen Untersuchungen (PCR) der Mastitiserregerisolate zur Differenzierung von KNS und Streptokokken

Betrieb	Gladbacher-hof				Trenthorst			
	DH		DH und Rbt		DH		Rbt	
Rasse	DH		DH und Rbt		DH		Rbt	
KNS, Isolate gesamt	222		579		227		352	
<i>S. chromogenes</i> (% der KNS)	153 (68,9 %)		375 (64,8 %)		168 (74,0 %)		207 (58,8 %)	
<i>S. xylosum</i>	26 (11,7 %)		129 (22,3 %)		38 (16,7 %)		91 (25,6 %)	
<i>S. sciuri</i>	19 (8,6 %)		9 (1,6 %)		6 (2,6 %)		3 (0,9 %)	
<i>S. haemolyticus</i>	13 (5,6 %)		35 (6,0 %)		8 (3,5 %)		27 (7,7 %)	
<i>S. simulans</i>	4 (1,8 %)		11 (1,9 %)		1 (0,4 %)		10 (2,8 %)	
Andere Spezies	7 (3,2 %)		9 (1,6 %)		3 (1,3 %)		6 (1,7 %)	
nicht identifizierbar	1 (0,5 %)		11 (1,9 %)		3 (1,3 %)		8 (2,3 %)	
Streptokokken, Isolate gesamt	85		30		6		24	
<i>Sc. uberis</i>	76 (89,4 %)		8 (26,7 %)		4		4 (16,7 %)	
<i>Sc. dysgalactiae</i>	1 (1,2 %)		22 (73,3 %)		2		20 (83,3 %)	
nicht identifizierbar	8 (9,4 %)		-		-		-	

Die mittels PCR am häufigsten nachgewiesene Spezies in beiden Herden und auch bei beiden Rassen war *S. chromogenes* (Tabelle 2). Bei Betrachtung der Rassen zeigt sich, dass die DH, unabhängig vom Standort, mit 69 bzw. 74 % einen ähnlich hohen Anteil an *S. chromogenes* bezogen auf die Anzahl der Isolate haben, der bei den Rbt geringer ist (59 %). Dagegen wurde *S. xylosum*, der zweithäufigste Erreger, bei den Rbt häufiger (26 % der KNS) nachgewiesen als bei den DH in TH (17 %) und auf dem GH (12 %). Für die Streptokokken wurden mittels PCR bis auf 8 der kulturell als *Sc. uberis* diagnostizierten Isolate die Ergebnisse der kulturellen Untersuchung bestätigt.

Diskussion

Im Gegensatz zu den Erwartungen war der Anteil eutergesunder Kühe über den gesamten untersuchten Zeitraum bei den DH in TH deutlich höher als bei den Rbt und auf ähnlichem Niveau wie bei den DH auf dem GH. Es wurde jedoch ein Einfluss des Managements auf die Erregerverteilung festgestellt: Während die DH in TH fast ausschließlich mit KNS infiziert waren, wurden auf dem GH vor allem zu Beginn der Laktation mehr Infektionen mit *Sc. uberis* nachgewiesen. Fünf Wochen p.p. waren KNS die vorherrschenden Erreger bei beiden Rassen. Der Haupterreger in beiden Herden war *S. chromogenes*, der zweithäufigste Erreger *S.xylosus*. Ob bestimmte Belastungssituationen, die sich bei den beiden Rassen unterschiedlich auswirken, wie dem Beitrag von Barth et al. (2011) zu entnehmen ist, auch zu den differenzierten Ergebnissen beitragen, wird in weiteren Auswertungen geprüft.

Schlussfolgerungen

Es zeigt sich aus den hier dargestellten ersten Auswertungen, dass die DH eutergesünder waren als die Rbt und zwar unabhängig vom Management der Herde. Ein Managementeffekt wird aber an der Verteilung der Mastitiserreger (gehäuftes Auftreten von *Sc. uberis* auf dem GH) sichtbar. Bei gleichem Management scheint die Rasse den Ausschlag für Euterinfektionen zu geben. Höhere Milchleistungen allein bestimmen nicht das Risiko für Euterinfektionen. Die Aussagen müssen durch statistische Auswertungen unter Einbeziehung weiterer Parameter geprüft werden.

Literatur

- Aulrich, K. Barth, K. (2008): Intramammary infections caused by coagulase-negative staphylococci and the effect on somatic cell counts in dairy goats. *Landbauforsch* 58: 59-64
- Barth K., Aulrich K., Haufe H. C., Knappstein K., Müller U., Schaub D., Schulz F. (2011): Eutergesundheits- und Stoffwechselstatus von Milchkühen in der Früh-laktation – was gibt den Ausschlag: Rasse oder Management. 11. Wissenschaftstagung Ökologischer Landbau, eingereicht
- Couto I., Pereira S., Miragaia M., Sanches I.S., de Lencastre H. (2001): Identification of clinical staphylococcal isolates from humans by internal transcribed spacer PCR. *J Clin Microbiol* 39: 3099-3103
- DVG (2009): Leitlinien zur Entnahme von Milchproben unter antiseptischen Bedingungen und Isolierung und Identifizierung von Mastitiserregern. 2.Auflage, DVG-Verlag, Giessen, 91 S.
- Hauschild T., Stepanovic S. (2008): Identification of Staphylococcus spp. by PCR- Restriction Fragment Length Polymorphism Analysis of *dnaJ* Gene. *J Clin Microbiol* 46: 3875-3879
- McDonald W.L., Fry B.N., Deighton M.A. (2005): Identification of Streptococcus spp. causing bovine mastitis by PCR-RFLP of 16S-23S ribosomal DNA. *Vet Microbiol* 111: 241-246

* Die Untersuchungen sind ein Bestandteil des interdisziplinären Forschungsprojektes „Gesundheit und Leistungsfähigkeit von Milchkühen im ökologischen Landbau interdisziplinär betrachtet – eine (Interventions-) Studie zu Stoffwechselstörungen und Eutererkrankungen unter Berücksichtigung von Grundfüttererzeugung, Fütterungsmanagement und Tierhaltung“ (BÖL-FöKz 07OE012...22)