

Der neue RZRobot

Die erste Einführung des bisherigen RZRobot liegt im August diesen Jahres 10 Jahre zurück. In dieser Zeit gab es viele Weiterentwicklungen in der Melktechnik und neue Merkmale wurden eingeführt, die für die Bearbeitung der aktuellen Herausforderungen in Melkrobotern hilfreich sein können. Grund genug die bisherige Zusammensetzung des RZRobot zu hinterfragen. Dazu hat BRS 2022 eine Umfrage unter Roboterbetrieben durchgeführt und die Frage gestellt: „Wie sollte aus Ihrer Sicht der ideale RZRobot zusammengesetzt sein?“



Besonders Merkmale wie Euterbalance und Strichplatzierung vorne waren den Umfrageteilnehmern wichtig im neuen RZRobot

Die Ergebnisse der Umfrage zeigten, dass sowohl die Einbeziehung weiterer Merkmale, der Austausch von Merkmalen durch andere, als auch eine Festlegung von Optimalwerten für einige Merkmale von der Praxis gewünscht waren. Diese Anforderungen bildeten die Grundlage für die neue Zusammensetzung des RZRobot. Beim vit wurden Testrechnungen für verschiedene Versionen durchgeführt und die Ergebnisse mit einer Arbeitsgruppe aus Vertretern der Verbände und des BRS ausgewertet und diskutiert. Dabei wurde eine Einigung auf die neue Zusammensetzung des RZRobots erzielt, welche in Tabelle 1 im Vergleich zur bisherigen Version aufgezeigt ist. Zu erkennen ist, dass RZS durch RZEuterfit und Fundament durch Bewegung ersetzt wurde, da diese Merkmale direkter die Anforderungen im Melkroboter abbilden. Außerdem fließen die Merkmale Strichplatzierung vorne und Euterbalance zusätzlich in den neuen Index ein. Weiterhin werden die Merkmale RZD, Strichplatzierung hinten, Strichplatzierung vorne, Strichlänge und Euterbalance im neuen RZRobot als Optimal-Merkmale behandelt. Dies bedeutet, dass sowohl positive als auch negative Abweichungen vom Optimum glei-

chermaßen quadratisch „bestraft“ werden. Durch diese Betrachtung konnten die Grenzen, welche für einige Merkmale gelten, etwas lockerer gesetzt werden (z. B. bei Melkbarkeit von 94 auf 90). Eine weitere Änderung in der Berechnung des RZRobot betrifft die Methodik. Die bisherige lineare Kombination der Merkmale wird durch die Index-Methode ersetzt, welche bereits für andere Indices angewendet wird und die Korrelationen der einzelnen Merkmale berücksichtigt.

Doch welche Auswirkungen haben diese Änderungen? Zum einen erhalten durch die etwas weiteren Grenzen nun mehr Bullen einen RZRobot (in Top-250 genomisch: 63 % statt vorher 43 %). Zum anderen ist die Abstufung innerhalb der Bullen mit RZRobot nun besser nachvollziehbar, da die betrachteten Merkmale und deren Gewichtung nochmal neu an die aktuellen Herausforderungen beim Melken mit Melkrobotern angepasst wurden.

Im Zuge der Überarbeitung wurde der Blick in die Entwicklungsarbeiten anderer Länder natürlich nicht ausgelassen. In Zukunft sollte unser Ziel sein, die direkten Daten aus den Melkrobotern zu nutzen, um eine genetische Eignung zur Roboter-tauglichkeit auszuweisen. Das Projekt iDDEN (International Dairy Data Exchange Network) hat dafür das Ziel, diese täglich anfallenden Daten einheitlich und standardisiert auszutauschen. Die ersten Resultate lassen auf eine zukünftige Weiterentwicklung des RZRobot hoffen.

Leen Polman, vit

Statistiken rund um die **Holsteinzucht** und **Zuchtviehvermarktung** finden Sie online auf www.richtigzuechten.de. Ganz neu: Betriebe mit den **höchsten Lebensstagsleistungen**.

Weitere **Infos**



Tabelle 1: Zusammensetzung des bisherigen und des neuen RZRobot

| Merkmal | bisherige Zusammensetzung | | neue Zusammensetzung | |
|--|---------------------------|--------------------|----------------------|--------------------------------|
| | relatives Gewicht | Mindestanforderung | relatives Gewicht | Definition, Mindestanforderung |
| Melkbarkeit (RZD) | 20 % | ≥ 94 | 20 % | Optimalmerkmal* bei 106, ≥ 90 |
| Zellzahl (RZS) | 15 % | - | - | - |
| RZEuterfit | - | - | 10 % | - |
| Fundament | 15 % | - | - | - |
| Bewegung | - | - | 15 % | - |
| Strichplatzierung hinten (negativ gewichtet) | 20 % | ≤ 106 | 15 % | Optimalmerkmal* bei 94, ≤ 110 |
| Strichlänge | 20 % | ≥ 94 | 10 % | Optimalmerkmal* bei 106 |
| Euter | 10 % | - | 10 % | - |
| Strichplatzierung vorne | - | - | 10 % | Optimalmerkmal* bei 100, ≥ 90 |
| Euterbalance | - | - | 10 % | Optimalmerkmal* bei 100, ≤ 124 |
| RZRobot | 100 % | ≥ 100 | 100 % | ≥ 100 |

*quadratische Abweichung vom Optimum für Berechnung berücksichtigt

Weltklassifizierertagung in Italien

Bei der 15. Weltklassifizierertagung der WHFF fand vom 16.–18. April in Cremona ein intensiver Austausch unter 50 Vertretern aus 27 Nationen statt. Aus Deutschland nahmen Dr. Stefan Rensing (vit), langjähriges Arbeitsgruppenmitglied, und Dorothee Warder (BRS) teil, die nun auf Stefan Rensing in der Arbeitsgruppe folgt.

In der ersten der zwei theoretischen Sessions wurden die Standarddefinitionen (18 Merkmale), die Korrelationen zwischen den Ländern auf Interbull-Basis sowie die phänotypischen Korrelationen der Merkmale in den einzelnen Merkmalkomplexen vorgestellt. Daneben wurden eine Empfehlung zur Einführung von Vorderbeinstellung und Euterbalance als internationale Standardmerkmale und eine harmonisierte Mängelliste erarbeitet. Die Annahme dieser Empfehlungen muss nun noch durch den WHFF-Vorstand erfolgen. Die zweite Session befasste sich mit der Rolle der

Klassifizierung in der Zukunft und dem Strukturwandel der Landwirtschaft, der in den unterschiedlichen Regionen Einfluss hat.

Hierzu gab es Eingangspräsentationen aus Frankreich, Neuseeland, Brasilien und den USA. Während z. B. in den USA 1992 noch rund 40 Klassifizierer arbeiteten, sind es heute nur noch 14 Klassifizierer. Diese Entwicklung birgt eine große Herausforderung für die Holsteinzucht, die es anzugehen und bestmöglich zu gestalten gilt. In den



German Dairy Show in 2025 entfällt

2025 wird nach Diskussionen und Abstimmungen in zahlreichen Gremien keine German Dairy Show stattfinden. Stattdessen plant der BRS eine BRS-Convention, ein Zusammentreffen für Rinderhalter mit umfangreichem Rahmenprogramm. 2027 werden dann wieder nationale Rasseschauen durchgeführt.

zwei praktischen Harmonisierungssessions lag der Fokus am ersten Tag auf der gesamten linearen Beschreibung und am Folgetag bei den beiden neuen linearen Merkmalen Vorderbeinstellung und Euterbalance sowie der Stärke und Bewegung. Dabei wurden in 5 Gruppen unterschiedliche Kühe bewertet. Jeweils ein Arbeitsgruppen-Mitglied hat die Harmonisierung in den Gruppen geleitet. Der Austausch mit den Klassifizierern der anderen Länder ist für die Arbeit auch der deutschen Klassifizierer sehr wertvoll und hilft, weltweit einheitliche Standards zu etablieren.

Dorothee Warder, BRS

CFIT – Futtereffizienz auf Basis von Kameradaten

Wenn die Zuchtbranche in der vergangenen Zeit ihre Aufmerksamkeit auf die Entwicklung neuer Merkmale gelegt hat, dann standen zuletzt vor allem Merkmale im Vordergrund, die einen direkten Zusammenhang zu gesellschaftlich und politisch woken Themen wie Klima- oder Umweltschutz besaßen. Und der erst im April neu eingeführte RZFutterEffizienz (RZFE) spielt in genau dieser Liga. Wobei ein hoher Zuchtwert für Futtereffizienz natürlich nicht nur gut für das Klima (CO₂-/CH₄-Ausstoß), sondern auch für den Geldbeutel des Milchviehhalters ist.

Um aber solche Merkmale zu entwickeln und valide rechnen zu können, benötigt es eine quantitativ wie qualitativ gesicherte Datenlieferung. Und zwar dauerhaft. Für ein Merkmal wie den RZFE sind dabei zukünftig vor allem Daten über die tägliche Futtermittelaufnahme und dazugehörige Gewichtsdaten eines Tieres notwendig und das möglichst aus der Praxis. Aber woher sollen praxisnahe Daten kommen, wenn nicht aus staatlichen oder halbstaatlichen und mit Wiegetrögen und Waagen ausgestatteten Versuchsbetrieben, die es in Deutschland ja auch nur in überschaubarer Anzahl gibt? Eine Antwort darauf haben die deutschen Verbände seit diesem Sommer in dem von Viking (DK) angebotenen CFIT (Cattle Feed Intake System), einem kamerabasierten System zur Futtermittelaufnahme- und Gewichtsdatenerfassung, gefunden. Nach fast einem Jahr Vorlauf ist das System, dessen Herzstück die über dem Futtertisch aufgehängten 3D-Kameras sind, erstmals in einem deutschen Betrieb instal-

liert und liefert Daten. Trotzdem ist der Weg, bis die Daten aus der 200-köpfigen Herde der Beecken-Wischmann GbR in Schleswig-Holstein den deutschen RZFE zu noch mehr Sicherheit und Genauigkeit verhelfen, etwas steinig. Die Daten, die die 3-Kameras über die Futtermittelaufnahme und die Gewichte der Kühe im Stall der GbR liefern, müssen über verschiedene Schnittstellen gemeinsam mit den tierindividuellen Daten und Informationen aus den Computern des vit und des LKV zu Viking geliefert werden, bevor sie dann (aufbereitet) zum vit zurückkommen und dort in die Zuchtwertschätzung einfließen. In enger Zusammenarbeit von vit, LKV Schleswig-Holstein, dem BRS als Koordinator und Viking sind aber alle Hürden gemeistert und die ersten echten Daten zur Futtermittelaufnahme aus einem konventionellen Praxisbetrieb stehen der deutschen Zuchtwertschätzung nun zur Verfügung.

Stephan Schneider, BRS

Holstein als Rasse der Wahl – eine Rasse mit Action

Die World Holstein Friesian Federation (WHFF) ist die globale Vereinigung der Enthusiasten der Rasse Holstein. Im vergangenen Herbst trafen sich die Repräsentanten von Holstein Züchtereinigungen, Landwirte und Mitarbeiter der gesamten Milchwirtschaft in Puy du Fou, Frankreich zur Weltkonferenz. Der Tagungsort war beeindruckend und die Tagung hatte auch einen festlichen Touch, da sie gemeinsam mit der 100-Jahr-Feier der Prim'-Holstein abgehalten wurde. Mit dem Einführungsvortrag hatte ich die Ehre, einerseits die Vorteile unserer wundervollen Rasse darzustellen und andererseits auch einige Gedanken zur Verbesserung zu äußern.

Ein Thema, welches viele Holsteinzüchter beschäftigt, ist die Inzucht. Wenn wir die Pedigrees der Tiere in den Top-Zuchtlis-ten anschauen, so ist uns allen klar, dass eigentlich nur wenige Familien repräsentiert sind. Und viele dieser Familien werden in gleich mehreren Ländern sehr stark genutzt. In einer kürzlich veröffentlichten WHFF-Studie haben die weltweiten Rechenzentren der Zuchtwertschätzung eine Zusammenfassung der mittleren Inzuchtgrade nach Geburts-jahr bereitgestellt. Es ist alarmierend, dass diese Zahlen mit einer auch noch steigenden Geschwindigkeit ansteigen, wo-bei ein Aufwärtshaken in jüngerer Zeit mit der genomischen Selektion in Verbindung gebracht werden kann. Also, was ist zu tun?

Nun, die Holsteinzüchter sind nicht in einem Vakuum tätig. Es existiert eine große wissenschaftliche Gemeinschaft, welche sich mit der Explosion der genomischen Zahlen beschäftigt, wobei das Verstehen von genetischem Fortschritt, die Anpassung an den Klimawandel, und sogar die die Kräfte der Evolution selbst im Zusammenhang gesehen werden. Neue Erkenntnisse der Molekularbiologie, der Gen-regulation und der Dynamik von Populationen werden be-influssen, wie wir zukünftige Holstein-Zuchtprogramme entwerfen.

Seit der Zeit Darwins, der berichtete, dass verschiedene Fin-kenarten auf verschiedenen Inseln der Galapagos-Gruppe leben, versuchen Wissenschaftler zu verstehen, was auf der DNA-Ebene passieren muss, damit derartige Unterschiede entstehen. Die neuen Werkzeuge der Untersuchung von DNA haben zum Erstaunen der Wissenschaftler dazu bei-getragen, herauszufinden, dass Hauptverursacher der Un-

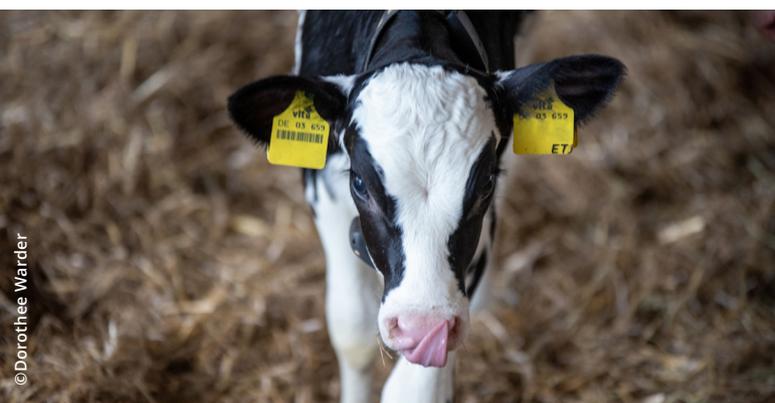
terschiede die Interaktion zwischen Genen ist. Diese Inter-aktionen kontrollieren das An- und Abschalten von Genen, wieviel Protein tatsächlich kodiert wird und welches die Ziel-Gewebe sind. Eine jüngere Studie aus Australien bestätigte, dass ca. 70 % des genetischen Fortschritts bei Rindern seine Ursache in Unterschieden in der Genexpression hat.

Auch bei Kühen unterschiedlicher Leistungshöhe können ähnliche Gene vorliegen, die Gene der hochleistenden Kühe interagieren aber in einer effizienteren Art und Weise. Wenn man Unterschiede zwischen verschiedenen Milchrinder-rassen betrachtet, stellt man fest, dass das physiologische Netzwerk in unterschiedlicher Weise verwoben ist. Unter-schiedliche Gen x Gen – Interaktionen erlauben es in den verschiedenen Rassen auf hochleistende, fruchtbare und gesunde Kühe zu züchten – allerdings in unterschiedlicher Art und Weise. Dies bedeutet, dass jede der Milchrinder-rassen einen etwas anderen biologischen Pfad beschriftet hat, um dasselbe Ziel zu erreichen. Genetiker nennen dieses Phänomen genetische Redundanz. Es gibt mehrere genetisch verschiedene Lösungen zur Erreichung desselben Phänotyps. Auch innerhalb der Rasse Holstein können wir Redundanz in unseren Zuchtprogrammen nutzen.

Dies bedeutet, dass jede der Milchrinderrassen einen etwas anderen biologischen Pfad beschriftet hat, um dasselbe Ziel zu erreichen.

Eine wichtige Komponente der genetischen Redundanz ist Epistasie (Wechselwirkung zwischen Genen). Dabei kann ein bestimmtes Gen in einer Familie einen positiven Effekt ha-ben und einen gegenteiligen Effekt in einer anderen Familie. Der Wert eines epistatischen Effekts unterscheidet sich zw-ischen den Familien, weil er davon abhängt, welche anderen Gene in der Familie vorhanden sind. Aufgrund von Epistasie werden in unterschiedlichen Familien unterschiedliche Gen-kombinationen selektiert und dies trägt zum Erhalt genet-ischer Diversität bei.

In den derzeitigen Verfahren der Zuchtwertschätzung wer-den alle Tiere in derartiger Weise gleichbehandelt, dass sich die einzigartigen Gen x Gen-Interaktionen der unter-schiedlichen Familien gegenseitig aufheben. Wir selektieren für Gene, welche einen gleichartigen bzw. additiven Effekt über die gesamte Population haben, anstatt für epistatische Kombinationen von Genen zu selektieren. Die Tiere mit dem höchsten Zuchtwert sind Tiere mit der höchsten Summe „guter“ Gene. Das genetische Top-Material konzentriert sich



Die Interaktion zwischen Genen ist die Hauptursache für Unterschiede.

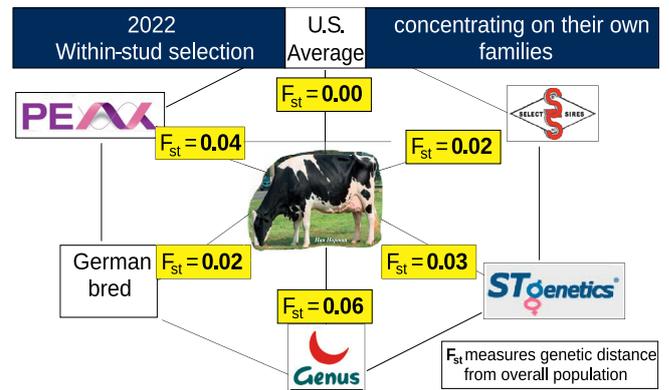
immer mehr, da wir die züchterischen Werkzeuge wie Genotypisierung, Embryo-Transfer, etc. in bestimmten Familien verstärkt anwenden. Daraufhin selektieren wir Nachkommen dieser Elite-Familien, verpaaren sie und dies resultiert in einem Anstieg der Inzucht.

Ironischerweise liegen die Dinge so, dass die genomische Selektion zu einem Anstieg der Inzucht auf kurze Sicht geführt hat, während wir annehmen können, dass die Inzucht auf lange Sicht eine geringere Bedeutung haben wird. Die Kombination der genomischen Selektion mit der Anwendung von gesextem Sperma, Embryotransfer und dem beschränkter gewordenen Zugang zu junger Genetik hat dazu geführt, dass einzelne Zuchtorganisationen und Länder sich genetisch immer stärker unterscheiden. Abb. 1 zeigt die Maßzahlen der genetischen Differenzierung (F_{st} = Maßzahl genetischer Unterschiede zwischen Subpopulationen) und damit die Populationsstruktur der US-Holstein-Population für das Jahr 2022. Jede der verschiedenen Zuchtorganisationen fokussiert sich auf ein wenig andere Gruppen von Tieren. Zur Interpretation der Werte: Ein F_{st} -Wert von 0 steht dabei für keine Unterschiede, 0.15 wäre der mittlere Unterschied zwischen verschiedenen Milchrinderrassen und 0.30 wäre der Unterschied zwischen einer Milch- und einer Fleischrinderrasse. Die derzeitigen Unterschiede zwischen den Zuchtorganisationen entsprechen ca. einem Viertel der genetischen Unterschiede, die man zwischen Milchrinderrassen finden kann.

Dies ist der Beginn einer Zeit, in der man aus unterschiedlichen Holstein-Linien auswählen kann.

Die Selektion innerhalb der Zuchtprogramme hat dazu geführt, dass das Zuchtmaterial jeweils aus leicht unterschiedlichen Familien besteht. Dies ist der Beginn einer Zeit, in der man aus unterschiedlichen Holstein-Linien auswählen kann. Zuchtprogramme können dieses Konzept auch so erweitern, dass innerhalb ihres Programms mehrere Linien verfügbar sind und genutzt werden können. Die Züchter könnten dann zwischen den Linien rotieren und weiter einen hohen genetischen Fortschritt realisieren und dabei gleichzeitig die Inzucht in ihrer Herde minimieren und zur genetischen Diversität der gesamten Population beitragen. Fortschritte im großen Feld der Genetik werden den Holsteinzüchtern helfen, verschiedene Linien zu entwickeln. Während wir neue wissenschaftliche Erkenntnisse anwenden, werden wir sehen, dass sich sowohl die Möglichkeiten für eine Vorausschätzung bei einer Selektion innerhalb als auch zwischen Linien immer weiter verbessern und das Verständnis für das, was auf molekularer Ebene geschieht, wird stetig erweitert. Unsere künftigen Zuchtstrukturen werden die unterschiedlichen epistatischen Genkombinationen in unterschiedlichen Holsteinlinien besser nutzen können. Neue genetische Werkzeuge, welche die Veränderungen in der Genexpression messen, werden uns in die Lage verset-

Abb. 1: Populationsstruktur der US-Holstein-Population im Jahr 2022



zen, besser zu verstehen, wie unterschiedliche Holstein-Familien auf immer höheren Niveaus produzieren aber hierzu unterschiedliche Gene und unterschiedliche Gennetzwerke nutzen.

Die Existenz mehrerer Holsteinlinien muss aber nicht bedeuten, dass wir alle in verschiedene Richtungen gehen. Ganz im Gegenteil. Es bedeutet, dass wir unsere genetischen Ressourcen klüger nutzen sollten. Zuchtorganisationen werden ihre Programme auch wirklich umsetzen müssen. Nationale Zuchtwertschätzstellen werden multiple nationale Zuchtwerte bereitstellen müssen und dies beinhaltet Zuchtwerte auf die gesamte Population bezogen, sowie – inkl. der eigenen genomischen Lernstichprobe – auch Zuchtwerte mit Bezug auf jede im Land verwendete Linie. Unsere internationalen Organisationen wie WHFF und Interbull werden genetische Werkzeuge erarbeiten müssen, welche die genetischen Distanzen zwischen Linien und den über alles gesehenen Inzuchtzuwachs in der globalen Population routinemäßig überwachen. Die nationalen Zuchtorganisationen werden viel Zeit für eine intensive Ausbildung zu den Vorteilen dieses neuen Zuchtschemas und dazu, wie man sinnvollerweise mehrere Linien in der eigenen Herde nutzen kann, investieren müssen.

Holsteinzüchter haben ihre Basis immer auch in der Wissenschaft gesehen. Dies ist auch der Grund dafür, weshalb die Holsteinzucht als erste unter allen Sparten der Tierzucht die genomische Selektion nutzte. Andere Sparten folgten unserer Führung. Wieder einmal schauen wir auf neue Erkenntnisse, die uns helfen werden, Zuchtprogramme so anzupassen, dass wir einerseits die Rasse immer weiter verbessern und andererseits die genetische Diversität auch auf lange Sicht erhalten können. Als Treuhänder der Rasse haben wir die Verpflichtung, den zukünftigen Holsteinzüchtern eine Kuh zu übergeben, welche die genetisch-bedingte Fähigkeit hat, auch in den nächsten 100 Jahren die Nummer Eins der Milchrinder zu sein.

Tom Lawlor, Holstein Association USA
 (übersetzt von Hermann Swalve, Uni Halle)

Datenvernetzung für die Milchkuh – iDDEN Nur der internationale Ansatz verspricht Erfolg

Milchviehhalter sind seit jeher sehr innovativ und stehen technischen Neuentwicklungen offen gegenüber. Mit größer werdenden Tierbeständen und knapper werdender Arbeitszeit besteht inzwischen zunehmend der Bedarf, das ‚Auge des Herrn‘ mit technischen Hilfsmitteln zu ergänzen. Inzwischen Standard ist die elektronische Brunsterkennung mit Hilfe von Sensoren und immer mehr das Monitoring von wichtigen Körperfunktionen wie z. B. das Wiederkauverhalten. Ein weiterer Treiber für Messungen direkt am Tier ist das automatische Melken, das durch die o. g. Arbeitsknappheit immer häufiger eingesetzt wird (siehe Abb.1).

Die Rinderhalter befinden sich also aktuell in einer Phase, wo viele Daten im Überfluss vorhanden sind, in der die Kombinationsmöglichkeiten dieser unterschiedlichen Datenquellen aber noch begrenzt sind. Vor allem unterschiedliche Schnittstellen und Definitionen der Dateninhalte erschweren eine gemeinsame Nutzung im Management der Betriebe. Auch für die Zucht wären Informationen aus den Sensorsystemen interessant. So könnten z.B. mit Daten zu Zitzenstellung und Euterform die Robotereignung, mit Daten zu Körpertemperatur und Wasseraufnahme die Hitzetoleranz oder mit BCS-Daten aus Kameras die Stoffwechselstabilität von Milchkühen züchterisch positiv beeinflusst werden. **Hier kommt jetzt die iDDEN GmbH („International Dairy Data Exchange Network“) ins Spiel.**

In der iDDEN GmbH haben sich landwirtschaftliche Dienstleistungsunternehmen als Gesellschafter zusammengefunden, um gemeinsam mit Stalltechnikerherstellern und weiteren Akteuren in Europa, Nordamerika und Australien das lange währende Problem der Datenintegration zu lösen.

Internationaler Zusammenschluss

Für das Netzwerk iDDEN haben sich deshalb nationale Rechenzentren aus inzwischen 15 Ländern in Zusammenarbeit mit den wichtigsten Technikerherstellern zusammengeschlossen, die insgesamt ca. 20 Millionen Milchkühe repräsentieren. Der erste Schritt der Basisarbeit ist damit gelegt, jetzt geht es darum, dass alle Akteure die neuen Richtlinien und Standards des Internationalen Komitees für den Austausch von Tierdaten (ICAR ADE) integrieren. Perspektivisch wird dieser ICAR ADE

Standard dazu führen, dass die jetzigen Insellösungen verschwinden und man mittelfristig Daten aus den Techniken auf den Betrieben untereinander und mit den Datenbanken aus Milchleistungsprüfung, Herdbuch und Besamung kombinieren kann. Da ist sehr viel Programmierarbeit gefordert, aber nur so kann ein international verwendeter Standard genau dieses Ergebnis ermöglichen.

Datenvernetzung

iDDEN selbst ist eine Datenaustauschplattform, die standardisiert unter strengen Sicherheitsstandards Daten austauscht. Die Daten selbst werden nach der erfolgten Ablieferung beim Empfänger in iDDEN wieder gelöscht, damit Datenmissbrauch ausgeschlossen werden kann. Dabei garantieren die bestehenden Datennutzungs- und Datenverfügungsrechte sowie die Zustimmung seitens jeden Datenlieferanten strengsten Datenschutz und bilden die fundamentale Grundlage des Datenaustauschs.

Regionale Verbreitung

iDDEN wurde als nicht gewinnorientierte Gesellschaft von sieben bäuerlich gehaltenen Organisationen gegründet. Die Länder Deutschland, Österreich und Luxemburg werden in diesem Verbund durch die Gesellschafter Rinder Daten Verbund (RDV GmbH) und Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. (vit w.V.) vertreten.

Aktueller Stand der Implementierung

Nachdem in den Jahren 2020 und 2021 hauptsächlich die Entwicklungsarbeiten getätigt wurden, konnte im Jahr 2022 mit der konkreten Arbeit begonnen werden. Inzwischen sind über 30 Datenpakete definiert und in der iDDEN Datenaustauschplattform verfügbar gemacht worden. Fast alle Gesellschafter sind inzwischen an iDDEN angeschlossen, so dass der Austausch mit Dritten angegangen werden konnte. Inzwischen arbeiten GEA und DeLaval als international operierende Technikkonzerne, sowie weitere Technikerhersteller wie Afimilk, smaXtec und CowManager aktiv an einem Austausch von Tier- und Betriebsdaten mit den Rechenzentren. Lely wird mittelfristig als strategischer Partner von iDDEN auch an diesem Datenaustausch teilnehmen.



Abb. 1: Kühe & Roboter fahren gemeinsam auf dem Karussell mit