

# Abschlussbericht des EIP-Projektes „Populationsmanagement“ der OG Tiergenetische Ressourcen in Schleswig-Holstein

## Kurzdarstellung

Tiergenetische Ressourcen sind Rassen, die nach Zuchtzielen entstanden sind, die unter anderem auch auf lange Lebensleistung und Robustheit zielten und die für Schleswig-Holsteins Landstriche, Klima und Futterangebot gezüchtet wurden, also lokal angepasste Rassen sind. Tiergenetische Ressourcen sind in ihrer Biodiversität europa- und weltweit gefährdet – auch die für das Projekt ausgewählten Rassen (Angler Rind, Angler Sattelschwein, Schleswiger Kaltblut, Rotbuntes Rind in Doppelnutzung, Weißkopfschaf, Weiße Edelziege) sind sehr geringe, und/oder sinkende Bestände festzustellen.

In den vergangenen zehn Jahren kam es im Bereich der Tierzucht, insbesondere in Milchrinder-Zuchtprogrammen, zu beachtlichen Veränderungen durch die Einführung der genomischen Selektion. Der genetische Fortschritt wird durch die genomischen Verfahren verdoppelt. Diese Entwicklung erhöht den Druck auf kleine und kleinste Populationen und gefährdet tiergenetische Ressourcen zunehmend.

Mit dem angestrebten Modellprojekt „Tiergenetische Ressourcen“ sollen Wege gefunden werden, wie die Landwirte und Halter der schleswig-holsteinischen Rassen (Angler Rind, Angler Sattelschwein, Schleswiger Kaltblut, Rotbuntes Rind in Doppelnutzung, Weißkopfschaf, Weiße Edelziege) die neue Methodik der Nutzung genomischer Information ebenfalls nutzen können.



Abbildung 1: Die sechs Projektrassen: Schleswiger Kaltblut Pferd, Weiße Deutsche Edelziege, Deutsches Weißköpfiges Fleischschaf mit Züchter Kay Poggensee, Routbunt DN, Angler Sattelschwein, Angler Rind

## **I. Ausgangssituation und Bedarf**

Was war das (praktische) Problem bzw. die „Innovationslücke“, die zum Zusammenschluss der OG und zur Durchführung des Innovationsprojektes anregen?

Mit dem Projekt „Populationsmanagement“ ging es darum innovative genomische Methoden zur Erhaltung tiergenetischer Ressourcen zu etablieren. Durch die Stärkung der „In situ“ Konservierung von tiergenetischen Ressourcen wird die genetische Diversität erhalten, indem die gefährdete Rasse weiterhin von Landwirten, unter den Bedingungen gehalten wird, in denen sich die Rasse entwickelt hat, oder wo sie aktuell am häufigsten anzutreffen ist. Diese Form der Erhaltung von tiergenetischen Ressourcen sollte angestrebt werden, weil so eine Weiterentwicklung der Rasse bezüglich der Anpassung an sich ändernde Produktionsbedingungen möglich ist. Hierbei handelt es sich aber trotzdem noch um kleine oder kleinste Populationen und deshalb muss in solchen Populationen besonders das Risiko der Inzucht beachtet werden.

## **II. Projektziel und konkrete Aufgabenstellung**

Im Rahmen des Innovationsprojektes "Populationsmanagement" sollte das Potential von genomischer Information für die Rassen Angler Rind, Rotbunt in Doppelnutzung, Angler Sattelschwein, Deutsches Weißköpfiges Fleischschaf, Weiße Deutsche Edelziege und Schleswiger Kaltblut untersucht werden. Die Basis hierfür waren umfangreiche Pedigree-Analysen, welche beim Angler Rind und bei Rotbunt in Doppelnutzung auch eine detaillierte Analyse des Fremdblutanteils beinhaltete, und eine SWOT (Strengths (Stärken), Weaknesses (Schwächen), Opportunities (Chancen) und Threats (Risiken) ist ein Instrument der strategischen Planung) Analyse für jede Rasse zur Ermittlung der Stärken und Schwächen der beteiligten Rassen.

Folgende Meilensteine wurden während des Projektes erreicht:

1. Die SWOT Analyse über 6 Rassen wurde abgeschlossen und die Ergebnisse ausgewertet.
2. Die Pedigree-Analyse der Rinder Rotbunte in DN wurde abgeschlossen.
3. Die Pedigree-Analyse Deutsches Weißköpfiges Fleischschaf wurde abgeschlossen.
4. Die Pedigree-Analyse Deutsche Weiße Edelziege wurde abgeschlossen.
5. Die Pedigree-Analyse der Angler Sattelschwein wurde abgeschlossen.
6. Die Analyse der Rotbunte in DN-Genotypen wurde abgeschlossen.
7. Die Pedigree-Analyse Angler Rind wurde abgeschlossen.
8. Die Pedigree-Analyse Schleswiger Kaltblut Pferde wurde abgeschlossen.
9. Die Analyse des Fremdblutanteils bei Rotbunter in DN wurde abgeschlossen.
10. Die Analyse der Angler Rind-Genotypen wurde abgeschlossen.
11. Die Analyse der Angler Sattelschwein-Genotypen wurde abgeschlossen.
12. Die Analyse der Deutsches Weißköpfiges Fleischschaf-Genotypen wurde abgeschlossen.
13. Die Sequenz-Analyse der Schleswiger Kaltblut Pferde wurde durchgeführt.



Abbildung 2: Laborarbeiten an der Universität Kiel

### III. Mitglieder der OG

Karl-Dieter Fischer (Landwirt)

Hardy Marienfeld (Landwirt)

Heiner Iversen (Landwirt und Vorstand Förderverein Angler Sattelschwein e.V.)

Eike Fandrey (Landwirt)

Prof. Dr. Kay Poggensee (Landwirt)

Susanne und Andreas Krause (Ziegenzüchter)

#### **Verbände/Vereine:**

Matthias Leisen (RSH eG)

Janine Bruser (Landesverband Schaf- und Ziegenzüchter)

Gunnar Jacobs (Verein Schleswiger Pferdezüchter e.V.)

Heiner Iversen (Vorstand Förderverein Angler Sattelschwein e.V.)

#### **Wissenschaft:**

Prof Hartl (CAU Populationsgenetik)

Prof Thaller (CAU Tierzucht)

#### **in beratender Funktion:**

Karola Stier (Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen e.V., GEH)

Dr. Martina Henning (Friedrich-Löffler-Institut Mariensee)

Prof. Dr. Groeneveld (Friedrich-Löffle-Institut Mariensee a. D.)

### IV. Projektgebiet

Das Projektgebiet war Schleswig-Holstein.

## **V. Projektlaufzeit und -dauer**

01.07.2015-30.11.2018

## **VI. Budget**

408.262,34 €

## **VII. Ablauf des Vorhabens**

Das Projekt startet vorzeitig mit dem am 05.05.2015 erhaltenen Bescheid zur Zustimmung zum vorzeitigen Vorhabenbeginn. Am 04.09.2015 wurde im Rahmen der NORLA der Förderbescheid von Minister Habeck überreicht. Das Projekt „Populationsmanagement“ ist von Beginn an in Meilensteine aufgeteilt worden, die im beantragten Umfang abgearbeitet worden sind. Den Auftakt bildete am 10.11.2015 ein Kick-Off Meeting mit Mitgliedern der operationellen Gruppe und weiteren interessierten Landwirten und Gästen. Im Jahr 2016 fanden wie geplant die SWOT-Analysen/ Befragungen der Landwirte statt (für alle Rassen wurden effiziente Handlungsstrategien identifiziert, der extensive Weidemastversuch bei den Weißkopfschafen und die Pedigree-Analysen für Angler Rind und Angler Sattelschwein statt. Im Jahr 2017 wurden die Pedigree-Analysen für Weißkopfschaf, Rotbunt DN und Schleswiger Kaltblut abgeschlossen. Zudem wurden die Genotypisierung bei den Rinderrassen umgesetzt und mit der Kryokonserven bei den Angler Sattelschweinen begonnen. Im Jahr 2018 wurden die Pedigree-Analysen bei den Deutschen Weißen Edelziegen, die Genotypisierungen bei Deutschen Weißkopfschafen sowie die Sequenzierungen bei den Schleswiger Kaltblutpferden abgeschlossen. Durch Verzögerungen im Ablauf, insbesondere bei der Probenahme, wurde das Projekt um fünf Monate kostenneutral verlängert bis zum 30.11.2018.

## **VIII. Zusammenfassung der Ergebnisse**

### **B Eingehende Darstellung**

#### **I. Verwendung der Zuwendung**

Verwendung im Einzelnen (inklusive Auflistung der wichtigsten Positionen des zahlenmäßigen Nachweises) mit Gegenüberstellung der vorgegebenen Ziele und möglicher weiterer Verwendung von Investitionsgütern

#### **II. Detaillierte Erläuterung der Situation zu Projektbeginn**

##### **a) Ausgangssituation**

Die Landwirte und Züchter der sechs für das Projekt ausgewählten Rassen hatten unterschiedliche Probleme im Populationsmanagement: Während es bei den Rinderrassen Rotbunt DN und Angler Rind vor allem um die Anpaarungsplanung mit Hilfe von genomischen Daten ging, sowie um die Fremdblut-Einkreuzungen, waren es bei den Weißkopfschafen und Angler Sattelschwein insbesondere die Vermeidung von einem Inzuchtzuwachs. Bei den Weißen Deutschen Edelziegen ging es um eine Pedigree- Analyse und beim Schleswiger Kaltblut standen Gesundheitsmerkmale im Mittelpunkt.

## b) Projektaufgabenstellung

### Aufgaben waren:

Für alle beteiligten Rassen wurde zu Beginn des Projektes ein Fragebogen für eine SWOT Analyse entworfen. Dies geschah in enger Zusammenarbeit mit den Landwirten und Zuchtverbänden. Somit konnte sichergestellt werden dass die im Projekt durchgeführten Untersuchungen sich an praxisrelevanten Problemen orientierten und dass die Annahmen zu den Stärken und Schwächen der einzelnen Rassen das Meinungsbild der Landwirte und Züchter widerspiegelt.

In der Vergangenheit wurden von den Landwirten, bei den beiden beteiligten Rinderrassen andere Rassen, zum Beispiel Red Holstein, eingekreuzt. Populationsgenetische Analysen und Fremdgeneinflusschätzung anhand von Pedigree-Daten bei den beiden Rinderrassen (Angler Rind, Rotbunte DN) waren nötig, um den Einfluss dieser Rassen zu quantifizieren. Des Weiteren sollte die Populationsstruktur und die genetische Diversität der Rinderrassen Rotbunt DN und Angler mittels genomischer Information beschrieben werden. Dies ist nötig, um auch den Landwirten, welche diese beiden Rassen halten, einen Einstieg zur Nutzung genomischer Information zu gewährleisten. Bei den Rassen Weißkopfschaf, Weiße Deutsche Edelziege, Angler Sattelschwein und Schleswiger Kaltblut sollten ebenfalls Pedigree-Analysen durchgeführt werden um den Haltern und Züchtern dieser Rassen aktuelle Informationen über gängige Populationsparameter wie Inzucht und effektive Populationsgrößen zur Verfügung zu stellen. In einem weiteren Schritt sollte der Nutzen von genomischer Information in der praktischen Zuchtplanung für diese Rassen untersucht werden. Die Aufgaben waren unter anderem:

Anpaarungsempfehlung beim Weißköpfigen Fleischschaf mit Hilfe der genomischen Daten

- Identifikation verschiedener Angler Sattelschwein Eberlinien zur Erhöhung der genetischen Diversität.
- Entwicklung einer Anpaarungsempfehlung für die Angler Sattelschweinpopulation.
- Auswertung der genomischen Informationen (Whole Genome Sequences) des Schleswiger Kaltblutpferdes, um seltene Varianten im Genom zu identifizieren.

## . III. Ergebnisse der OG in Bezug auf

- a) Wie wurde die Zusammenarbeit im Einzelnen gestaltet (ggf. mit Beispielen, wie die Zusammenarbeit sowohl organisatorisch als auch praktisch erfolgt ist)?

Die Zusammenarbeit erfolgte durch regelmäßigen Austausch auf Treffen und bei Sitzungen/Veranstaltungen, durch Emailkorrespondenz und Anrufe.

- b) Was war der besondere Mehrwert des Formates einer OG für die Durchführung des Projekts?

Der Mehrwert lag in der Interdisziplinarität der Gruppe: Landwirte, Züchter, Wissenschaftler, Zuchtverbände arbeiteten zusammen und brachten ihre Sachkenntnis und ihren unterschiedlichen Blickwinkel mit ein.

c) Ist eine weitere Zusammenarbeit der Mitglieder der OG nach Abschluss des geförderten Projekts vorgesehen?

Ja, das Netzwerk wird bestehen bleiben und weiter am Thema „Tiergentische Ressourcen“ zusammenarbeiten

#### **IV. Ergebnisse des Innovationsprojektes**

a) Zielerreichung (wurde eine Innovation im Projekt generiert?)

Ja, es wurden erstmalig in Schleswig-Holstein genomische Daten für Angler Sattelschwein und Weißkopfschaf erhoben und für die wichtigen Themen Anpaarungsplanung und Inzucht analysiert. Bei den Rindern konnte es gelingen einen Zuchtwert zum Fremdblut zu generieren. Bei den Schleswiger Kaltblutpferden wurde erstmal Tiere sequenziert.

#### **Ergebnisse:**

##### **Angler Rind und Rotbunt DN:**

Beide Rassen weisen eine starke Fremdrasseneinkreuzung über die Zuchthistorie auf. Der größte Einfluss kam durch die Holstein Friesian (Rotbunt), wobei die genetische Eigenständigkeit beider Rassen durch Hauptkomponentenanalysen weiterhin gegeben ist. Jedoch sind die Angler Rinder deutlich verwandter mit den Holstein Friesian als die Doppelnutzungsrasse Rotbunte. Die Inzucht ist beim Angler Rind moderat, hingegen beim Rotbunten DN etwas erhöhter durch einen frühzeitig geschlossenen Nukleus. Mit Hilfe verschiedener Selektionsmethoden ist es möglich den ursprünglichen Rasseanteil nachhaltig zu erhöhen bei einer reduzierten Inzucht.

##### **Weißköpfiges Fleischschaf:**

Die Population weist eine erhöhte Inzucht auf. Zudem ist die Auswahl an unverwandten Zuchtböcken sehr begrenzt. Eine Anpaarungsempfehlung wirkt unterstützend, um die Inzucht zu kontrollieren und die genetische Diversität zu erhalten.

##### **Angler Sattelschwein:**

Die Population weist insgesamt eine geringe Inzucht auf bis auf einige wenige Einzeltiere, die sowohl männlich als auch weiblich sind. Durch die Analyse der Verwandtschaftsverhältnisse (Matrizen) ist eine gezielte Anpaarung möglich. Zur gleichen Zeit wird der Inzuchtanstieg kontrolliert. Das Angler Sattelschwein ist eine genetisch eigenständige Population, welches durch den Vergleich mit konventionellen und anderen regionalen Rassen innerhalb einer Hauptkomponentenanalyse bestätigt wurde. Momentan stehen 16 Zuchteber zur Verfügung, die jeweils genetisch miteinander verglichen wurden, um Linienzugehörigkeiten und Verwandtschaften aufzudecken. Insgesamt konnten 8 Linien identifiziert werden, wobei Kreuzungstiere Berücksichtigung finden sollten.



Abbildung 3: Laborarbeiten Universität Kiel, DNA- Extraktion der Angler Sattelschweine

### **Weißer Deutsche Edelziege:**

Das Ziel war die Analyse des Pedigrees der Weißen Deutschen Edelziege mit Daten zu 1. Vollständigkeit und Qualität der untersuchten und verfügbaren Pedigree-Datensätze, 2. Entwicklung der Inzucht, 3. Effektive Populationsgröße, sowie 4. Anzahl von Gründertieren. Da die Anzahl der Züchter in Schleswig-Holstein sehr gering ist, wurde eine bundesweite (mit Ausnahme von Brandenburg) Pedigree Analyse in 6 Datensätzen durchgeführt und zudem die Bunte Deutsche Edelziege für die Auswertung hinzugenommen. Die Pedigree- Analyse ergab: 1. Qualität Pedigree-Datensätze: Mit einem durchschnittlichen kompletten Generationsäquivalent von 0,24%, 0,32%, 0,3%, 1,91%, 0,44% und 2,02% zeigen alle Datensätze eine geringe Qualität auf und leider eine suboptimale Pedigree-Tiefe. Dadurch sind alle errechneten Kennzahlen vorsichtig zu interpretieren. 2. Entwicklung der Inzucht: Die Inzuchtkoeffizienten (0,11 %, 0,28 %, 0,24 %, 1,55 %, 0,35 %, 2,15 %) sind vergleichsweise relativ mittelmäßig. Die prozentuale Inzuchtzunahme (0,57 %, 0,98 %, 0,91 %, 1,08 %, 0,95 %, 1,11 %) ist jedoch nicht zu unterschätzen. 3. Effektive Populationsgrößen bei vollständigen Generationen betragen zwischen 45,01 und 87,23. 4. Anzahl von Gründertieren: Die bedeutendsten Ahnen zeigen relativ niedrige marginale Genanteile. Da der Genpool der Populationen nicht von wenigen Ahnen erklärt wurden, kann die Diversität als vergleichsweise hoch angesehen werden.

### **Beitrag des Ergebnisses zu förderpolitischen EIP Zielen**

Förderpolitische Ziele sind der verbesserte Wissenstransfer zwischen landwirtschaftlicher Praxis und Wissenschaft sowie die Förderung von Innovation und Kooperation. Beides wurde im Projekt „Populationsmanagement“ erreicht.

## **Nebenergebnisse – „by- catches“? Was hat sich evtl. unerwartet aus der Zusammenarbeit, durch das Projekt ergeben?**

Eines der wichtigsten Nebenergebnisse war sicherlich der extensive Weidemastversuch (ohne Kraftfutterzugabe während der Mastperiode) mit Bocklämmern des Deutschen Weißköpfigen Fleischschafes. Auf Wunsch der Praktiker entstand dieser Weidemastversuch. Es wurden folgende Ergebnisse generiert: Während des Mastversuches wurden die Leistungsparameter Tagesgewichtszunahmen (TGZ), Mastendgewicht, Messung der Fett- und Muskelaufgabe mittels Ultraschalles und Bemuskelungstypes beurteilt. Die Versuchstiere der Rasse zeigten eine vielversprechende Mastleistung auf extensiven Grünlandstandorten. Eine Leistungsspitzengruppe aus 5 Tieren überschritt eine TGZ von 350 g. Ein Einzeltier erreichte eine durchschnittliche TGZ von ca. 400 g, was mit Zunahmen auf konventioneller Fütterungsbasis (Kraftfutter) vergleichbar wäre. Diese Ergebnisse haben eine neue Diskussion um Zuchtauswahlkriterien in Bezug auf Mast- und Fleischqualität ausgelöst.



Abbildung 4: Aufstallung der Weißkopfbocklämmer zum Mastversuch und Verkauf der Böcke auf der Auktion in Husum

**Ein weiteres Nebenergebnis:** Motiviert durch die Ergebnisse beim Angler Sattelschwein, haben auch die Züchter der bedrohten Mangalitza Wollschweine (Wollschweine Register) Tiere genotypisiert. Das Potential der Genotypen liegt hier in der Analyse der verwandtschaftlichen Beziehungen. Dies ist beim Wollschwein essenziell, da es nahezu keine Pedigree-Informationen gibt.

## **Schleswiger Kaltblut**

Nach einer vorherigen Pedigree-Analyse der Rasse wurde eine genomische Untersuchung durchgeführt, um zwei Ziele zu erreichen.

1. Erstens, um die genetische Vielfalt innerhalb der gefährdeten Rasse anhand von sequenzierten Daten einiger weniger Tiere zu beschreiben.
2. Ist es möglich Genomregionen zu identifizieren, welche Assoziationen zum Sommerekzem zeigen. Dazu wurden die Genome von sechs Tieren (3 betroffene und 3 nicht betroffene) sequenziert. Etwa 11,4 Millionen Einzelnukleotidpolymorphismen (SNPs) wurden aufgerufen und durch geeignete



Qualitätskontrollfilter auf 8.647.404 reduziert. Die Analysen, einschließlich der genetischen Diversität und der genomweiten Assoziationsstudie (GWAS), basieren auf den 8.647.404 autosomalen SNPs.

Die genetischen Diversitätsstudien zeigten ein unterschiedliches Maß an beobachteter Heterozygotie (0,208 bis 0,391) bei Individuen mit einem Durchschnittswert von 0,330. (2) Bei zwei Individuen konnte basierend auf der beobachteten vs. erwarteten Heterozygotie ein sehr hoher Inzuchtgrad (16% und 35%) festgestellt werden. berechnet wurden. Vorläufige Ergebnisse des GWAS zeigten keinen Hinweis auf einen Zusammenhang zwischen dem Krankheitsmerkmal und bestimmten Genomregionen.

## **V. Nutzen der Ergebnisse für die Praxis**

a) Sind nutzbare/verwertbare Empfehlungen, Produkte, Verfahren, oder Technologien entstanden?

Ja, besonders hervorzuheben sind die Ergebnisse bei Rotbunt DN, die einen wichtigen Bestandteil zur Entwicklung einer genomischen Zuchtwertschätzung bilden.

Zudem die genomischen Daten bei den Angler Sattelschweinen als Inputparameter zur zukünftigen Zuchtplanung.

b) Gibt es weitergehende (wissenschaftliche) Fragestellungen aus den Projektergebnissen, die zukünftig zu bearbeiten sind?

Weitere Forschungsfragen sind:

- Bei Angler Rind und Rotbunt in Doppelnutzung: Weiterentwicklung Kooperativer Genomischer Zuchtprogramme und optimaler Nutzen von Genbanken und deren Pflege.

- Beim Deutschen Weißköpfigen Fleischschaf: Weiterentwicklung neuer Leistungsprüfungsformen und Zuchtplanungsrechnungen mit diesen neuen Formen der Leistungsprüfung.

- Bei der Weißen Deutschen Edelziege: Einfluss von Saanenziege genauer untersuchen. Wie stehen deutsche Ziegenrassen international bei der Diversität da.

- Beim Schleswiger Kaltblut Pferd: Identifikation von "breed Private Alleles". Genomische Verwandtschaft zu anderen Kaltblutrassen.

- Beim Angler Sattelschwein: Simulationen zur genomischen Anpaarungsplanung. Zuchtplanung mit einer reduzierten Anzahl von Eberlinien.

## **VI. Administration und Bürokratie**

Wie wurde der bürokratische Aufwand eingeschätzt?

Der bürokratische Aufwand war besonders um den Abrechnungszeitraum hoch. Mit den durchschnittlich 10h/Woche konnte die Zusammenarbeit und die Administration jedoch gewährleistet werden.

## VII. Nutzung des Innovationsbüro (Innovationsdienstleister, IDL)

Darstellung, ob und in welchem Umfang das Innovationsbüro nutzbringend und erforderlich für OG und Projektergebnis war. Ggf. Verbesserungsvorschläge. Das Innovationsbüro ist grundsätzlich nutzbringend und stand jederzeit für Fragen zur Verfügung. Gut war auch die Organisation und Unterstützung bei der Öffentlichkeits- und Netzwerkarbeit mit anderen OGs.

Bei der Erstellung der Abrechnungsunterlagen ist die Hilfe durch das Innovationsbüro besonders wichtig, um Formfehler zu vermeiden. Hier ist eine enge Abstimmung mit dem Sachbearbeiter aus dem Ministerium zu begrüßen.

## VIII. Kommunikations- und Disseminationskonzept

a) Darstellung, in welcher Weise die Ergebnisse kommuniziert oder verbreitet wurden, ggf. mit Verweis auf Veröffentlichungen und Angabe der Quellen.

Die Ergebnisse sind auf verschiedene Weise kommuniziert und verbreitet worden, vor allem bei Treffen und Veranstaltungen. Es wurde jedoch auch publiziert und über die Öffentlichkeitsarbeit für die Dissemination gesorgt.

Nachfolgend sind alle Veröffentlichungen dargestellt:

### Artikel und Vorträge

a) Wissenschaftliche Artikel:

ADDO, S., SCHÄLER, J., HINRICHS, D., THALLER, G. (2017): Genetic Diversity and Ancestral History of the German Angler and the Red-and-White Dual-Purpose Cattle Breeds Assessed through Pedigree Analysis. *Agricultural Sciences* 8: 1033-1047.

SCHÄLER, J., WELLMANN, R., STRATZ, P., BENNEWITZ, J., THALLER, G., HINRICHS, D. (2018): Performance of a novel breeding value in context of breed conservation. *Proceedings of the World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, vol. Challenges – Species Conservation*, 22.

SCHÄLER, J., ADDO, S., THALLER, G., HINRICHS, D. (2018): Exploration of conservation and development strategies for local cattle breeds in Northern Germany. *Animal – An International Journal of Animal Bioscience*, *in revision*.

SCHÄLER, J., THALLER, G., HINRICHS, D. (2018): Implementation of Breed-Specific Traits for a Local Sheep Breed. *Agricultural Sciences* 9(8), DOI: 10.4236/as.2018.98067

SCHÄLER, J., KRÜGER, B., THALLER, G., HINRICHS, D. (2018): Comparison of ancestral, partial, and genomic inbreeding in a local pig breed to achieve genetic diversity. *Conservation Genetics Resources*, 1-10, DOI: 10.1007/s12686-018-1057-5

SCHÄLER, J., WELLMANN, R., BENNEWITZ, J., THALLER, G., HINRICHS, D. (2018): Genetic diversity and historic introgression in German Angler and Red Dual Purpose cattle and possibilities to reverse introgression. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A – Animal Science*, *in revision*.

b) Wissenschaftliche Vorträge:

- ADDO, S., SCHÄLER, J., HINRICHS, D., THALLER, G. (2017): Use of genealogical information in the assessment of genetic diversity in native cattle breeds. 68<sup>th</sup> EAAP Tagung Tallinn, Book of Abstracts No. 23, 101
- ADDO, S., HINRICHS, D., THALLER, G. (2017): Genetic diversity in the Schleswig Draught Horse population and the German White-Headed Mutton Sheep population in Schleswig Holstein. DGfZ & GfT Tagung, Stuttgart. Book of Abstracts No. C18
- SCHÄLER, J., WELLMANN, R., BENNEWITZ, J., THALLER, G., HINRICHS, D., (2017): Optimum Contribution Selection lokaler Rinderrassen anhand von Pedigree und Markerdaten mit historischer Migration. DGfZ & GfT Tagung, Stuttgart. Book of Abstracts No. A20
- SCHÄLER, J., ADDO, S., THALLER, G., HINRICHS, D. (2017): Application of combined decision models to investigate management strategies for local cattle breeds. 68<sup>th</sup> EAAP Tagung Tallinn, Book of Abstracts No. 23, 185
- SCHÄLER, J., WELLMANN, R., STRATZ, P., BENNEWITZ, J., THALLER, G., HINRICHS, D. (2018): Performance of a novel breeding value in context of breed conservation. Proceedings of the World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. 11: 22. Auckland, Neuseeland.
- ADDO, S., MORSZECK, M., HINRICHS, D., THALLER, G. (2018): Genome-wide diversity and admixture of Angler and Red-and-White dual-purpose cattle. 69<sup>th</sup> EAAP Tagung, Dubrovnik, Book of Abstracts No. 24, 166
- SCHÄLER, J., ADDO, S., HINRICHS, D., THALLER, G. (2018): Promote breed conservation by implementing breed specific traits for a local sheep breed. 69<sup>th</sup> EAAP Tagung, Dubrovnik, Book of Abstracts No. 24, 103

## Öffentlichkeitsarbeit



Abbildung 5: Prof. Dr. Dirk Hinrichs beim Radio- Interview mit dem NDR

Am 24. Juli 2015 wurde das EIP-Projekt „Populationsmanagement“ im Rahmen der Wissenschaftlichen Beiratssitzung in der Arche Warder dem Wissenschaftlichen Beirat vorgestellt.

Am 10.09.2015 informierte sich Hr. Weißke vom Landesamt Sachsen über das EIP-Projekt vor Ort in der Arche Warder.

Am 22.09.2015 besuchte Staatssekretärin Frau Dr. Schneider die Arche Warder. Ihr wurde das EIP-Projekt sowie der aktuelle Stand vorgestellt.

Am 01.12.2015 besuchte der Workshop „EIP-Innovationsdienstleister“ mit der Deutschen Vernetzungsstelle Ländlicher Raum das EIP-Projekt und der aktuelle Stand des Projektes „Populationsmanagement“ wurde vorgestellt.

Vom 19. bis 21.04.2016 nahm die OG „Tiergenetische Ressourcen“ an einem EIP-AGRI Workshop in Italien teil.

Am 19.Mai 2016 nahm die EIP-Gruppe „Tiergenetische Ressourcen“, als stellvertretendes Projekt, im Rahmen der "open project days"/"Europa öffnet sich!" teil.

Am 10.06.2016 Teilnahme am Treffen der Hybridschweine Nord

Am 22.07.16 fand zudem eine Präsentation des Projektstandes und Ergebnisse vor dem Wissenschaftlichen Beirat der Arche Warder statt.

Am 18.05.2016 erschien ein Artikel über das EIP Projekt in der „Hallo Rendsburg“. Am Freitag, 20.Mai 2016 berichtete die Landeszeitung über den Besuch der Staatssekretärin und das EIP Projekt.

Am 23.Juli 2016 erschien ein Artikel über den Weidemastversuch im Rahmen des EIP Projektes im Bauernblatt.

Vom 15.-17.09.2016 nahm Sowah Addo für die OG am „10th European Agrobiodiversity Seminar“ der SAVE-Foundation (Slowenien) teil.

Am 31.10.2016 lief ein Beitrag über die OG "Tiergenetische Ressourcen" in der Radiosendung "Von Binnenland und Waterkant" auf NDR 1 Welle in der Reihe "platt levt".

OG- Treffen am 09.12.2016: Vortrag über den aktuellen Stand von Bastian Krüger.

Am So, 21.05.2017 präsentierte sich die Gruppe beim Tag der offenen Tür in Futterkamp.

Projekt-Vorstellung bei der „Langen Nacht der Wissenschaft“ (Juni 2017, Humboldt Universität Berlin).

Am 14.07.2017 wurde der Stand des EIP Projektes beim Treffen des Wissenschaftlichen Beirats der Arche Warder vorgestellt.

Am 26. und 27.8.2017 wurde das EIP-Projekt auf der Sitzung der Arbeitsgemeinschaft Deutscher Sattelschweinzüchter vorgestellt.

Zudem fand eine Teilnahme am 68th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science (EAAP) in Tallinn vom 27.8.-01.09.2017 statt.

Heiner Iversen nahm am 26.08.2017 bei der Sitzung der Arbeitsgemeinschaft deutscher Sattelschweinzüchter teil und stellte dort das EIP Projekt und die OG Tiergenetische Ressourcen vor.

Die OG Tiergenetische Ressourcen präsentierte sich am 07.09.2017 auf der NORLA.

Am 26.09.2017 war die Arche Warder mit der OG Tiergenetische Ressourcen der Veranstaltungsort für eine Betriebsbesichtigung und Präsentation bei der Innovationstagung: "EIP & Horizon 2020- wie den Brückenschlag gestalten?".

Am 03.11.2017 veranstaltete die OG Tiergenetische Ressourcen in der CAU Kiel eine Vortragsveranstaltung namens „Biodiversität in der Landwirtschaft- Genetische Ressourcen als Schlüssel zu einer nachhaltigen Landwirtschaft?“ mit internationaler Beteiligung von Partneruniversitäten aus Wageningen (Niederlande) und Aarhus (Dänemark).

Vom 15. bis zum 20. Oktober 2017 stellten Sowah Addo und Jonas Schäler das Projekt Populationsmanagement am Research Center in Wageningen (Niederlande) vor

Am 21.10.2017 hat Jonas Schäler an einem Züchertreffen der Mangalitza Schweinezüchter teilgenommen.

Vom 26. - 28.10.2017 wurde ein Projekttreffen mit den wissenschaftlichen Partnern der Universität in Hohenheim durchgeführt.

Sowah Addo nahm am 14.11.2017 am VALERIE Symposium in Brüssel teil, wo eine intelligente und interaktive Suchmaschine für Forschungsergebnisse zur Verwendung von Landwirten, Förstern, Beratern und Forschern vorgestellt wurde.

Vorstellung der Ergebnisse auf der Vorstandssitzung Förderverein Angler Sattelschwein in der Arche Warder am 10.01.2018.

Vom 09.02.-16.02.2018 wurde das Projekt auf dem Weltkongress für angewandte Genetik in der Nutztierwissenschaft in Auckland, Neuseeland vorgestellt.

Vorstellung der Ergebnisse beim Wissenschaftlichen Beirat am 13.07.2018.

Am 12.08.2018 wurde die Arbeit der OG in Bezug auf die Angler Sattelschweine auf dem Schweinetag vorgestellt.

Vom 27. bis 31. August 2018 nahmen Sowah Addo und Jonas Schäler am 69. Annual Meeting of the European Federation of Animal Science in Dubrovnik, Kroatien teil und stellten dort in Vorträgen die Ergebnisse aus der OG vor.

Die Ergebnisse des Projektes in Bezug auf das Deutsche Weißköpfige Fleischschaf wurden im November und Dezember 2018 auf den Bezirksversammlungen (01.11.2018 in Meldorf, 07.11.2018 in Husum, 09.11.2018 in Südtondern, 20.11.2018 in Eiderstedt, 27.11.2018 in Südwestholstein, 29.11.2018 in Osterrönfeld, 05.12.2018 in Lensahn und 07.12.2018 in Südholstein) vorgestellt und mit den Praktikern diskutiert.

### **Grundsätzliche Schlussfolgerungen (ggf. Fazit zur Eignung von EIP-Förderung zur Generierung von Innovation und Schließung von Lücken zwischen Praxis und Wissenschaft) und eventuelle Vorschläge zur Weiterentwicklung der EIP AGRI.**

Zusammenfassend kann festgestellt werden:

Das EIP-Projekt „Populationsmanagement“ hat gezeigt, dass die Nutzung von genomischen Daten auch für kleine Populationen wertvolle Daten liefert, insbesondere bei der Einschätzung der Inzucht.

Im EIP-Projekt „Populationsmanagement“ wurde in vorbildlicher Weise den Bedürfnissen von Tierhaltern lokaler Rassen mit wissenschaftlichen Ansätzen Rechnung getragen. Dazu zählen innovative Ansätze wie die Nutzung genomischer Information zur Klärung individueller Verwandtschaftsverhältnisse als auch zur präzisen Beschreibung der genetischen Diversität. Erst im steten und direkten Austausch mit der Zuchtpraxis konnten diese und weitere wesentliche Fragestellungen wie die Abschätzung der Stärken und Gefährdungen der lokalen Rassen zielgerichtet bearbeitet werden. Zukünftig könnten die beteiligten Landwirte noch stärker in den Wissenstransfer auch über die Projektphase hinaus eingebunden werden. Im Weiteren sollte überlegt werden, Demonstrationsprojekte für unmittelbar drängende Fragen (z.B. Gebrauchskreuzung mit Fleischrassen, Alternativen Ferkelkastration) auch außerhalb festgeschriebener Programmphasen zu fördern.

Deutlich wurde, dass noch eine Optimierung der Verwendung von Genotypischen Daten notwendig ist, um das Verhältnis zwischen notwendigem "Input" (insbesondere Kosten) und dem gewünschten Ergebnis zu verbessern.

Das Projekt hat die Startphase einer Entwicklung begleitet. Somit kann die grundsätzliche Schlussfolgerung gezogen werden, dass sich die EIP-Förderung zur Generierung von Innovationen und Schließung von Lücken zwischen Praxis und Wissenschaft eignet.