

EIP-Projekt „Populationsmanagement OG Tiergenetische Ressourcen



Wir fördern den ländlichen Raum



Landesprogramm ländlicher Raum: Gefördert durch die Europäische Union - Europäischer Landwirtschaftsfonds für die Entwicklung des ländlichen Raums (ELER) und das Land Schleswig-Holstein
Hier investiert Europa in die ländlichen Gebiete

Leadpartner Arche Warder e.V.

2015-2018

Abschlussbericht

Abschlussbericht des EIP-Projektes „Populationsmanagement“

Kurzdarstellung

Als „Tiergenetische Ressourcen“ werden Nutzierrassen bezeichnet, bei denen Zuchtziele u.a. eine lange Lebensleistung sowie Robustheit berücksichtigt werden. Gleichzeitig sollten sie für Schleswig-Holsteins Areale, die lokalen Witterungsbedingungen sowie das vorhandene Futterangebot geeignet sein, sogenannte lokal angepasste Rassen (autochthone Rassen). Tiergenetische Ressourcen sind in ihrer Biodiversität europa- und weltweit gefährdet. Dies gilt auch für die für das Projekt ausgewählten Rassen (Schleswiger Kaltblut, Weiße Deutsche Edelziege, Deutsches Weißköpfiges Fleischschaf, Rotbuntes Rind in Doppelnutzung, Angler Sattelschwein, Angler Rind, siehe Abb. 1), die alle sehr geringe und/oder sinkende Bestände aufweisen.

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

Mit dem angestrebten Modellprojekt „Tiergenetische Ressourcen“ sollten Wege gefunden werden, in welcher Form die Landwirte und Halter der schleswig-holsteinischen Rassen (Angler Rind, Angler Sattelschwein, Schleswiger Kaltblut, Rotbuntes Rind in Doppelnutzung, Deutsches Weißköpfiges Fleischschaf, Weiße Deutsche Edelziege) die neue Methodik genomischer Information einsetzen können.



Abb. 1 a-f: Die 6 Projektrassen: Schleswiger Kaltblut Pferd, Weiße Deutsche Edelziege, Deutsches Weißköpfiges Fleischschaf mit Züchter Kay Poggensee, Rotbunt DN, Angler Sattelschwein, Angler Rind

I. Ausgangssituation und Bedarf

Mit Hilfe des Projektes „Populationsmanagement“ sollten innovative genomische Methoden zur Erhaltung tiergenetischer Ressourcen etabliert werden.

Landwirte, die sich entscheiden autochthone, gefährdeten Rassen zu halten, leisten einen wichtigen Beitrag für den Erhalt genetischen Diversität. Diese Form der Erhaltung von tiergenetischen Ressourcen - „In situ“ Konservierung - sollte angestrebt werden, weil somit eine Weiterentwicklung der Rasse bezüglich der Anpassung an sich ändernde Produktionsbedingungen weiterhin möglich ist. Dennoch handelt es sich darüber hinaus noch um kleine bzw. kleinste Populationen und deshalb muss in solchen Populationen besonders das Inzucht-Risiko beachtet werden.

II. Projektziel und konkrete Aufgabenstellung

Im Rahmen des Innovationsprojektes "Populationsmanagement" sollte das Potential von genomischen Informationen 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, sowie eine Stärken-Schwächen-Chancen-Risiken (SWOT)-Analyse für jede beteiligte Rasse zur Ermittlung der Besonderheiten.

Folgende Meilensteine wurden während des Projektes erreicht:

Die SWOT-Analyse über 6 Rassen wurde abgeschlossen und die Ergebnisse ausgewertet. Die Pedigree-Analyse wurde ebenfalls für alle 6 Rassen durchgeführt. Die Untersuchungen bezüglich des Fremdblutanteils (bei Rotbunt in DN) sowie der Genotypen (bei Angler Rind, Angler Sattelschwein und Deutschen Weißköpfigen Fleischschafes) wurden beendet. Die Sequenz-Analyse der Schleswiger Kaltblut Pferde wurde ebenso durchgeführt.



Abb. 2: Laborarbeiten an der Universität Kiel

III. Mitglieder der OG

Leadpartner: Arche Warder Zentrum für alte Haus- und Nutztierassen e.V.

- Prof. Dr. Dr. Kai Frölich
- Stefanie Klingel

Mitglieder:

- 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. Dr. Hartl (CAU Populationsgenetik)
- Prof. Dr. Thaller (CAU Tierzucht)

in beratender Funktion:

- Karola Stier (GEH)
- Dr. Martina Henning (Friedrich-Löffler-Institut Mariensee)
- Prof. Dr. Groeneveld (Friedrich-Löffler-Institut Mariensee a. D.)

IV. Projektgebiet

Schleswig-Holstein

V. Projektlaufzeit und -dauer

01.07.2015-30.11.2018

VI. Budget

408.262,34 €

VII. Ablauf des Vorhabens

Der zeitliche Ablauf des Projektes richtete sich nach dem, was die Halter als wichtig für die praktische Umsetzung erachtet hatten. Die unterschiedlichen Arbeitspakete und die zeitliche Abfolge wurden mit der Praxis und den wissenschaftlichen Mitarbeitern abgesprochen.

Das Projekt startete am 05.05.2015 mit dem Zustimmungsbescheid für einen vorzeitigen Vorhabenbeginn. Am 04.09.2015 wurde im Rahmen der NORLA der Förderbescheid von Minister Habeck offiziell überreicht.

Das Projekt „Populationsmanagement“ wurde von Beginn an in Meilensteine aufgeteilt, 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 die SWOT-Analysen / Befragungen der Landwirte statt. So wurden für alle Rassen effiziente Handlungsstrategien identifiziert. Der extensive Weidemastversuch bei den Deutschen Weißkopfschafen und die Pedigree-Analysen für Angler Rind und Angler Sattelschwein wurden durchgeführt.

Im Jahr 2017 wurden die Pedigree-Analysen für Weißkopfschaf, Rotbunt DN und Schleswiger Kaltblut abgeschlossen. Zudem wurde die Genotypisierung bei den Rinderrassen umgesetzt und mit der Kryokonservierung 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

A. 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 Deutschen Weißköpfigen Fleischschafen und Angler Sattelschweinen insbesondere die Vermeidung von Inzuchtzuwachs. Bei den Weißen Deutschen Edelziegen ging es vorrangig um eine Pedigree-Analyse und beim Schleswiger Kaltblut standen Gesundheitsmerkmale im Mittelpunkt.

b) Projektaufgabenstellung

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 widerspiegelte.

In der Vergangenheit wurden in der Zucht der beiden beteiligten Rinderrassen (Angler Rind, Rotbunte DN) seitens der Landwirte oft andere Rassen, zum Beispiel Red Holstein, eingekreuzt. Populationsgenetische Analysen und Fremdgeneinflussschätzungen anhand von Pedigree-Daten bei diesen beiden Rinderrassen waren nötig, um den Einfluss der eingekreuzten Rassen zu quantifizieren. Des Weiteren sollten die Populationsstruktur und die genetische Diversität der Rinderrassen Rotbunt DN und Angler mittels genomischer Information beschrieben werden. Dies ist nötig, um Landwirten, welche diese Rassen halten, einen Einstieg der Nutzung genomischer Information zu gewähren.

Bei den Rassen Deutsches Weißköpfiges Fleischschaf, 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:

- 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,
- Anpaarungsempfehlung beim Weißköpfigen Fleischschaf mit Hilfe der genomischen Daten.

B. Ergebnisse der OG

Die Zusammenarbeit erfolgte durch regelmäßigen Austausch auf Treffen und bei Sitzungen / Veranstaltungen sowie durch Emailkorrespondenz und Telefonate.

a) *Was war der besondere Mehrwert des Formates einer OG für die Durchführung des Projektes?*

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

b) *Ist eine weitere Zusammenarbeit der Mitglieder der OG nach Abschluss des geförderten Projektes vorgesehen?*

Die Zusammenarbeit wird auch nach dem Ende des Projektes weitergeführt. Nachhaltigkeit war ein wichtiger Faktor für dieses Projektes und daher wird das entstandene Netzwerk bestehen bleiben / eventuell auch ausgebaut werden. Das Thema „Tiergenetische Ressourcen“ konnte im Rahmen des Projektes lediglich exemplarisch an den sechs Rassen begonnen werden und soll in Zukunft gemeinsam weiter fortgeführt werden.

C. Ergebnisse des Innovationsprojektes

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

Es wurden erstmalig in Schleswig-Holstein genomische Daten für die Rassen Angler Sattelschwein und Deutsches Weißköpfiges Fleischschaf erhoben und für die wichtigen Themen Anpaarungsplanung und Inzucht analysiert. Bei den Rindern gelang es, einen Zuchtwert zum Fremdblut zu generieren. Bei den Schleswiger Kaltblutpferden wurden erstmals Tiere sequenziert.

Ergebnisse:

Angler Rind und Rotbunt DN

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

Deutsches Weißköpfiges Fleischschaf

Die Population weist eine erhöhte Inzucht auf und der durchschnittliche Inzuchtkoeffizient, basierend auf Pedigreeinformation, betrug 0,105. 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, mit Ausnahme einiger weniger sowohl männlicher als auch weiblicher Einzeltiere. Durch die Analyse der Verwandtschaftsverhältnisse (Matrizen) ist eine gezielte Anpaarung möglich. Zur gleichen Zeit wird der Inzuchtanstieg kontrolliert. Die Rasse Angler Sattelschwein ist eine genetisch eigenständige Population. Dies wurde durch den Vergleich mit konventionellen und anderen regionalen Rassen innerhalb einer Hauptkomponentenanalyse bestätigt. Momentan stehen 16 Zuchteber zur Verfügung, die jeweils genetisch miteinander verglichen wurden, um Linienzugehörigkeiten und Verwandtschaftsverhältnisse zu klären. Insgesamt konnten acht Linien identifiziert werden.



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

Weißer Deutsche Edelziege

Das Ziel der Analyse des Pedigrees war es:

1. Vollständigkeit und Qualität der untersuchten und verfügbaren Pedigree-Datensätze,
2. Veränderungen der Inzucht,
3. Effektive Populationsgröße sowie
4. Anzahl von Gründertieren zu prüfen.

Da die Anzahl der Züchter in Schleswig-Holstein sehr gering ist, wurde eine bundesweite (mit Ausnahme von Brandenburg) Pedigree Analyse in sechs Datensätzen durchgeführt und zudem die Bunte Deutsche Edelziege für die Auswertung hinzugenommen.

Die Pedigree-Analyse ergab hinsichtlich der vier o.g. Untersuchungsziele:

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. Die Diversität kann als vergleichsweise hoch angesehen werden.

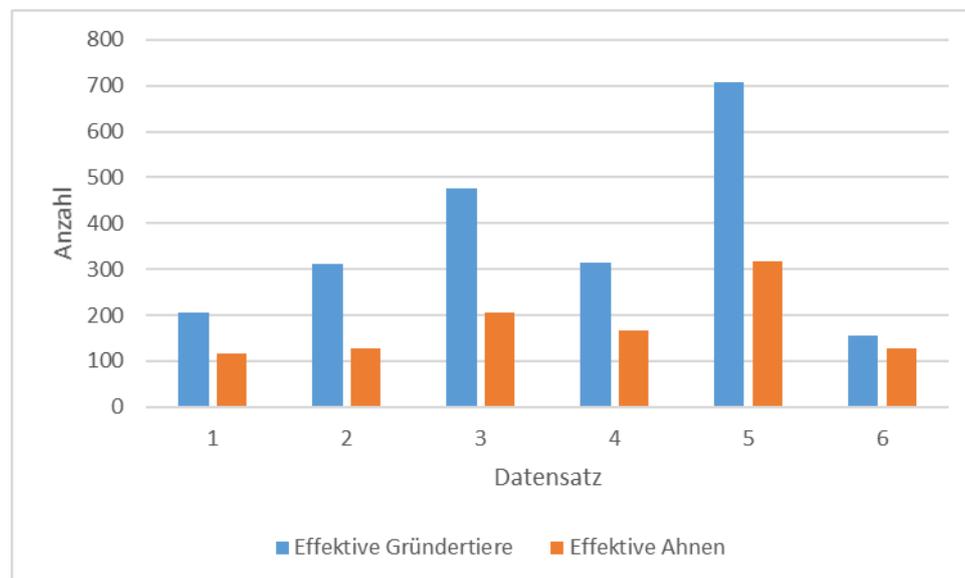


Abb. 4: Anzahl Effektiver Gründer und Ahnen

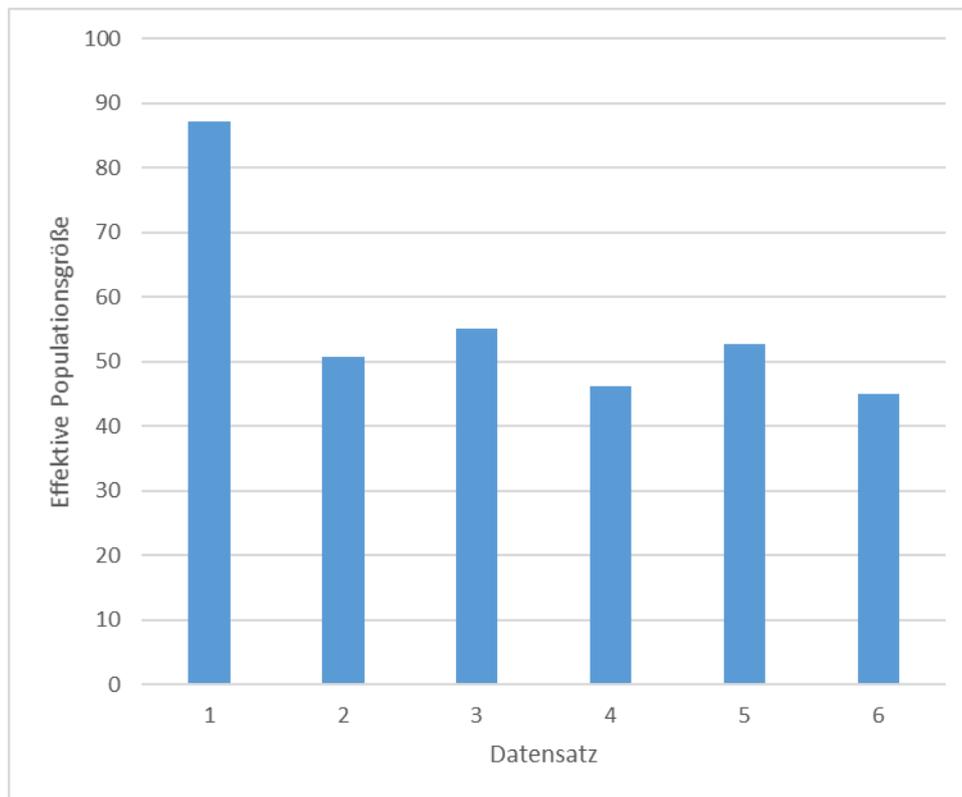


Abb. 5: Effektive Populationsgröße bei vollständiger Generation

D. 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 in diesem Projekt „Populationsmanagement“ vollumfänglich erreicht.

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

Deutsches Weißköpfiges Fleischschaf

Eines der wichtigsten Nebenergebnisse war sicherlich der extensive Weidemastversuch (ohne Krafftterzugabe während der Mastperiode) mit Bocklämmern des Deutschen Weißköpfigen Fleischschafes. Auf Wunsch der Praktiker entstand dieser Versuchsansatz. Es wurden folgende Ergebnisse generiert: Während des Mastversuches wurden die Leistungsparameter Tagesgewichtszunahmen (TGZ), Mastendgewicht, Messung der Fett- und Muskelaufgabe mittels Ultraschall und Bemuskelungstyp beurteilt. Die Versuchstiere der Rasse zeigten eine vielversprechende Mastleistung auf extensiven Grünlandstandorten. Eine Leistungsspitzengruppe aus fünf Tieren überschritt eine TGZ von 350 g. Ein Einzeltier erreichte eine durchschnittliche TGZ von ca. 400 g, was mit Zunahmen auf konventioneller Fütterungsbasis (Krafftter) vergleichbar ist.



A



B

Abb. 6 A und B: Aufstallung der Weißkopfböcklämmer zum Mastversuch und Verkauf der Böcke auf der Auktion in Husum

Diese Ergebnisse haben eine neue Diskussion um Zuchtauswahlkriterien in Bezug auf Mast- und Fleischqualität ausgelöst.

Angler Sattelschwein

Motiviert durch die Ergebnisse beim Angler Sattelschwein, haben auch die Züchter der bedrohten Mangalitza Wollschweine (Wollschweine Register) Tiere genotypisieren lassen. 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. Bestimmung der genetischen Vielfalt innerhalb der gefährdeten Rasse anhand von sequenzierten Daten einiger weniger Tiere.

2. Mögliche Identifizierung von Genomregionen, welche Assoziationen zum Sommereczem zeigen.

Es wurden die Genome von sechs Tieren (drei betroffene und drei 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 diesen 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. Bei zwei Individuen konnte basierend auf der beobachteten vs. erwarteten Heterozygotie ein sehr hoher Inzuchtgrad (16% und 35%) festgestellt werden. Vorläufige Ergebnisse des GWAS zeigten keinen Hinweis auf einen Zusammenhang zwischen dem Krankheitsmerkmal und bestimmten Genomregionen.

Tab. 1: Genetische Diversitätsparameter beim Schleswiger Kaltblutpferd

Tier ID	Status	Beobachtete Heterozygotie	Pedigree-basierte Inzucht	Genomische Inzucht		Anzahl an Nachkommen
		Ho	FPED	FROH	FHOM	
G19010	krank	0.384	0.049	0.099	-0.196	21
G19011	krank	0.358	0.059	0.162	-0.117	23
G19012HS	krank	0.391	0.023	0.087	-0.220	51
G19013	gesund	0.373	0.043	0.163	-0.164	2
G19014HS	gesund	0.267	0.025	0.120	0.168	4
G19015	gesund	0.208	0.025	0.101	0.351	29
Mittelwert		0.330	0.037	0.122	-0.030	

HS: mütterliche Halbschwester

FROH: Inbreeding derived from runs of homozygosity

FROH: inbreeding derived from the excess of homozygosity

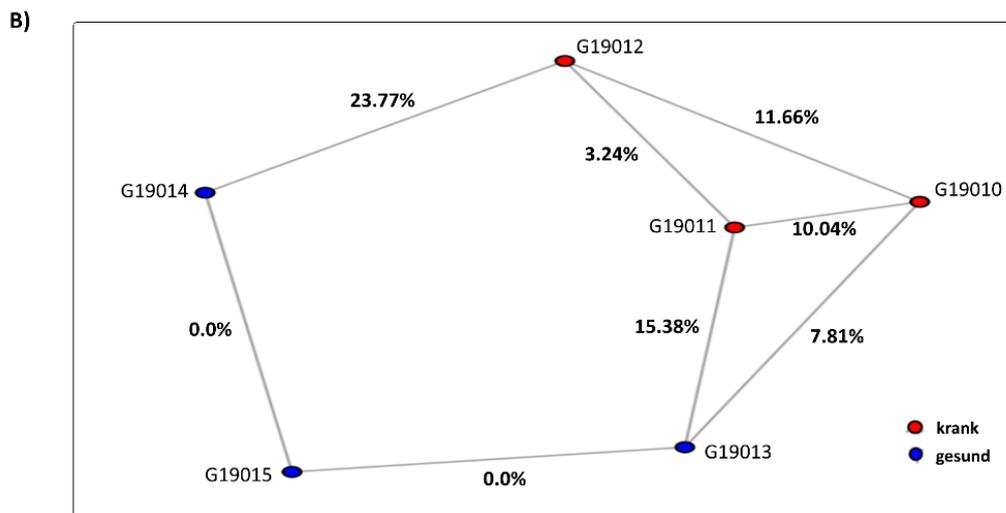
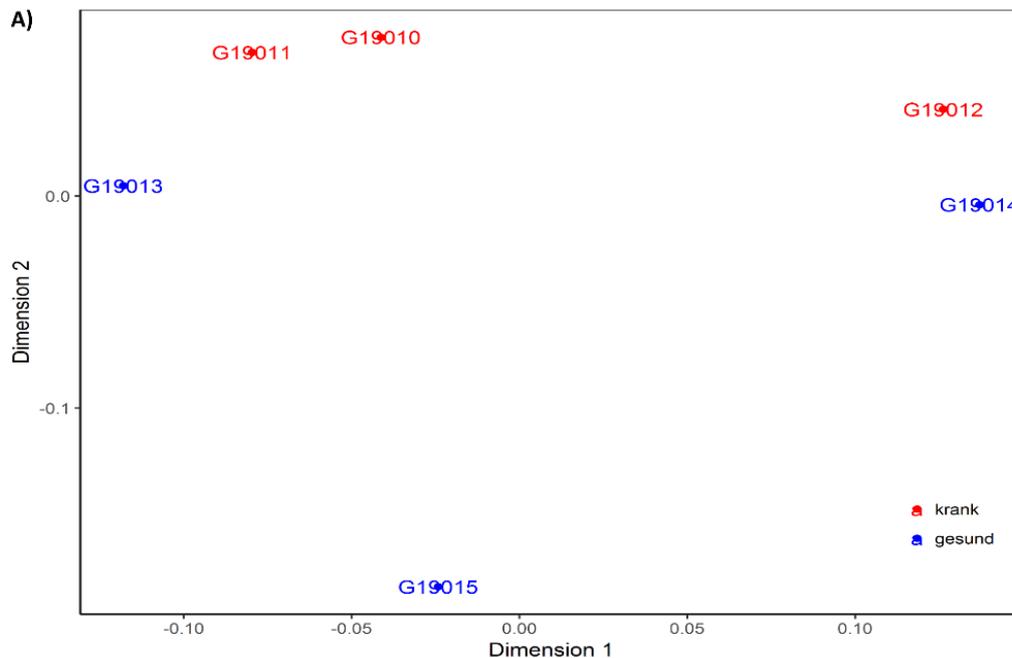


Abb. 7 A zeigt die Ergebnisse der Hauptkomponentenanalyse und bestätigt die Pedigree-Information, dass zwei Tiere Halbgeschwister sind.

Abb. 7 B beschreibt die genomische Verwandtschaft zwischen den Tieren. G1905 hat die geringste Verwandtschaft zu allen anderen Tieren. Dies erklärt warum es in der Hauptkomponentenanalyse so separiert wird.

F. Nutzen der Ergebnisse für die Praxis

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

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

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

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

Weitere Forschungsfragen sind:

- Angler Rind und Rotbunt DN: Weiterentwicklung kooperativer genomischer Zuchtprogramme und optimaler Nutzen von Genbanken und deren Pflege.
- Deutsches Weißköpfiges Fleischschaf: Weiterentwicklung neuer Leistungsprüfungsformen und Zuchtplanungsrechnungen mit diesen neuen Formen der Leistungsprüfung.
- Weiße Deutsche Edelziege: Abklärung des Einflusses von Saanenziegen.
- Schleswiger Kaltblut Pferd: Identifikation von "breed private alleles". Abklärung der genomische Verwandtschaft zu anderen Kaltblutrassen.
- Angler Sattelschwein: Simulationen zur genomischen Anpaarungsplanung sowie Zuchtplanung mit einer reduzierten Anzahl von Eberlinien.

G. 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.

H. Nutzung des Innovationsbüros (Innovationsdienstleister, IDL)

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.

I. Kommunikations- und Disseminationskonzept

Die Ergebnisse sind auf verschiedene Weise kommuniziert und verbreitet worden, vor allem bei Treffen und Veranstaltungen. Darüber hinaus wurde vielfach in wissenschaftlichen Zeitschriften publiziert und über die Öffentlichkeitsarbeit für die Dissemination gesorgt.

Nachfolgend sind alle Veröffentlichungen dargestellt:

1. 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. 68th 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. 68th 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. 69th 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. 69th EAAP Tagung, Dubrovnik, Book of Abstracts No. 24, 103

2. Öffentlichkeitsarbeit und Verbreitung



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

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

Am 10. September 2015 informierte sich Hr. Weißke vom Landesamt Sachsen über das EIP-Projekt vor Ort in der Arche Warder.

Am 22. September 2015 besuchte Staatssekretärin Frau Dr. Schneider die Arche Warder. Ihr wurde das EIP-Projekt sowie der aktuelle Stand vorgestellt.

Am 01. Dezember 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. April 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. Juni 2016 Teilnahme am Treffen der Hybridschweine Nord

Am 22. Juli 2016 fand zudem eine Präsentation des Projektstandes und der Ergebnisse vor dem Wissenschaftlichen Beirat der Arche Warder statt.

Am 18. Mai 2016 erschien ein Artikel über das EIP Projekt in der „Hallo Rendsburg“.

Am 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. September 2016 nahm Sowah Addo für die OG am „10th European Agrobiodiversity Seminar“ der SAVE-Foundation (Slowenien) teil.

Am 31. Oktober 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. Dezember 2016: Vortrag über den aktuellen Stand von Bastian Krüger.

Am 21. Mai 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. Juli 2017 wurde der Stand des EIP-Projektes beim Treffen des Wissenschaftlichen Beirats der Arche Warder vorgestellt.

Am 26. und 27. August 2017 wurde das EIP-Projekt auf der Sitzung der Arbeitsgemeinschaft Deutscher Sattelschweinzüchter vorgestellt.

Zudem erfolgte eine Teilnahme am “68th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science (EAAP)” in Tallinn vom 27. August - 01. September 2017.

Heiner Iversen nahm am 26. August 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. September 2017 auf der NORLA.

Am 26. September 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. November 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 20. Oktober 2017 stellten Sowah Addo und Jonas Schäler das Projekt Populationsmanagement am Research Center in Wageningen (Niederlande) vor

Am 21. Oktober 2017 hat Jonas Schäler an einem Züchtertreffen der Mangalitza Schweinezüchter teilgenommen.

Vom 26. - 28. Oktober 2017 wurde ein Projekttreffen mit den wissenschaftlichen Partnern der Universität in Hohenheim durchgeführt.

Sowah Addo nahm am 14. November 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. Januar 2018.

Vom 09. - 16. Februar 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. Juli 2018.

Am 12. August 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

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 zur Ferkelkastration) auch außerhalb festgeschriebener Programmphasen zu fördern.

Deutlich wurde allerdings, 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 Schlussfolgerung gezogen werden, dass sich die EIP-Förderung zur Generierung von Innovationen und Schließung von Lücken zwischen Praxis und Wissenschaft gut eignet.