

***Entwicklung und Etablierung eines
innovativen Zuchtwertschätzverfahrens für
lokale Rinderrassen in Baden-Württemberg***

**Dissertation zur Erlangung des Doktorgrades der
Agrarwissenschaften (Dr. sc. agr.)**

Fakultät Agrarwissenschaften

Universität Hohenheim

Fg. Tiergenetik und Züchtung (460g)

vorgelegt von

Sebastian Philipp Kohl

geboren in Landau in der Pfalz

2019

Institut für Nutztierwissenschaften der Universität Hohenheim

Fachgebiet für Tiergenetik und Züchtung

Prof. Dr. Jörn Bennewitz

**Entwicklung und Etablierung eines innovativen
Zuchtwertschätzverfahrens für lokale Rinderrassen in
Baden-Württemberg**

Dissertation

Zur Erlangung des Doktorgrades der Agrarwissenschaften (Dr. sc. agr.)

Sebastian Philipp Kohl

M. sc. agr.

geboren in Landau in der Pfalz

Hohenheim 2019

Tag der mündlichen Prüfung:	04.12.2019
Prüfungsleitung:	Prof. Dr. Stefan Böttinger
1. Prüferin, Berichterstatterin:	Priv. Doz. Dr. Pera Herold
2. Prüfer, Mitberichterstatter:	Prof. Dr. Dirk Hinrichs
3. Prüfer:	Prof. Dr. Jörn Bennewitz

Unterstützt durch die Rinderunion Baden-Württemberg e.V., das Ministerium für Ländlichen Raum und Verbraucherschutz Baden-Württemberg, das Landesamt für Geoinformation und Landentwicklung Baden-Württemberg und die H. Wilhelm Schaumann Stiftung.

Inhaltsverzeichnis

Einleitung	1
Zusammenfassung	5
Summary	7
Kapitel 1	9
Kapitel 2	31
Kapitel 3	59
Allgemeine Diskussion	87
Literatur	103
Danksagungen	109
Liste der in die Dissertation eingebundenen Publikationen	111
Gesamtliste aller Publikationen	112
Curriculum Vitae	113
Eidesstattliche Versicherung	115

Einleitung

Durch strukturelle Organisation der Tierhaltung und Tierzucht wurden tierzüchterische Maßnahmen im „Gesetz über die Haltung des Faselviehs“ (1837) erstmals geregelt. Die neue Gesetzgebung war der Grundstein für die Bildung von Zuchtgenossenschaften. Durch gemeinsame Interessen ihrer Mitglieder und an regionale Begebenheiten angepasste Viehschläge, wurde die eigenständige Zucht spezieller Rassen bewahrt (Bussemer et al., 1996). Mit Ende des Zweiten Weltkriegs trat die Arbeitsleistung als züchterisches Merkmal von Rindern in den Hintergrund. Züchterische Maßnahmen waren von höheren Leistungen in Milch und Fleisch geprägt, um die Versorgungslage der Bevölkerung zu verbessern. Durch Abschnittsselektion und anschließende Verpaarung phänotypisch überlegener Zuchttiere konnte die mittlere Leistung ihrer Nachkommen gegenüber dem Populationsmittel gesteigert werden. Die Einführung der Zuchtwertschätzung ermöglichte es, basierend auf mathematischen Modellen, den Phänotyp um Umwelt- und Resteffekte zu korrigieren. Somit wurde die Abschnittsselektion noch effizienter. Doch dieser Ansatz hat ein Negativum: Die Akkumulation von Inzucht. Unter Annahme einer unverwandten diploiden Basispopulation ist, ab der zweiten Generation von Nachkommen, das Aufeinandertreffen abstammungsgleicher Allele an einem Locus eines Individuums möglich. Dieses Phänomen ist als Inzucht definiert und lässt sich durch den Inzuchtkoeffizienten zwischen 0 und 1 quantifizieren. Das absolute Niveau des Inzuchtkoeffizienten wird häufig fehlinterpretiert. Ein sicheres (oder unsicheres) Niveau existiert nicht (Woolliams et al., 2015a). Aus züchterischer Sicht ist ein moderates Niveau von Inzucht sogar erwünscht, da Allele mit positiver Korrelation zum Merkmalskomplex des Zuchtziels fixiert werden sollen, d.h. in homozygoter Form vorliegen sollen. Entscheidend ist der Anstieg des durchschnittlichen Inzuchtkoeffizienten in der breiten Population (Woolliams et al., 2015a). Durch Abschnittsselektion in geschlossenen Populationen wird die Inzuchtrate (Δf) erhöht. Die Folge einer zu hohen Δf ist Inzuchtdepression mit reduzierter Fruchtbarkeit, Fitness oder phänotypischer Ausprägung letaler Allele (Falconer and Mackay, 1996). Somit unterliegen heutige Zuchtprogramme einem Zielkonflikt zwischen der Maximierung des Zuchtfortschritts in Leistungsmerkmalen (ΔG) und der Vermeidung von Inzuchtdepression durch zu hohe Δf . Dieser Zielkonflikt wurde von Meuwissen (1997b) durch die Optimum Contribution Selection (OCS) gelöst. Diese ermöglicht die Maximierung des Zuchtfortschritts, bei gleichzeitiger Restriktion der Inzuchtrate. Hierbei werden die genetischen Beiträge der Selektionskandidaten zur nächsten Generation gemäß ihrer Zuchtwerte und Verwandtschaftskoeffizienten optimiert. Weitere Lösungsansätze für den vorliegenden

Zielkonflikt wurden bspw. von Berg et al. (2006) entwickelt. Der evolutionäre Algorithmus der Software *EVA*, berechnet ebenfalls optimierte genetische Beiträge durch Maximierung einer linearen Funktion von Zuchtwerten und Verwandtschaftskoeffizienten. Reduzierte Inzuchtraten führen zu einer effizienteren Konvertierung der genetischen Diversität in Zuchtfortschritt (Woolliams et al., 2015a). Im Falle einer zukünftigen Änderung der züchterischen Umwelt, könnte eine höhere genetische Diversität wertvoll für die Selektion auf neue Merkmale werden. Zuchtprogramme zur Erhaltung regionaler Rassen verfolgen weitere Ziele: Die Bewahrung der nativen genetischen Diversität und Originalität der Rasse. Allerdings traten durch historische Einkreuzung Leistungsstarker Rassen unverwandte Fremdallele in die ehemals geschlossenen Genpools vieler Regionalrassen ein. Diese reduzieren den Verwandtschaftskoeffizienten ihrer Träger zur Population und sind positiv mit dem Zuchtfortschritt korreliert (Wellmann et al., 2012). Folglich würde die OCS nach Meuwissen zur verstärkten Selektion auf Träger eingekreuzter Allele und somit langfristig zum genetischen Aussterben einer Rasse führen. Wellmann et al. (2012) erweiterten daher den Ansatz der OCS um die fremdgenetischen Anteile einer Rasse und die Verwandtschaft an nativen Allelen (natKin). Die Funktionalität der resultierenden advanced OCS (aOCS) wurde schon mehrfach bewiesen (Wang et al., 2017a; b). In diesem Projekt stehen die Möglichkeiten zur praktischen Umsetzung der aOCS in realen Zuchtprogrammen im Vordergrund.

Lokale Rinderrassen Baden-Württembergs

Im Fokus der vorliegenden Arbeit standen zunächst die drei lokalen Rinderrassen Baden-Württembergs: Vorderwälder, Hinterwälder und Limpurger. Im Folgenden werden die Populationsparameter, Organisationsstrukturen und historischen Entwicklungen dieser Rassen beschrieben. Alle Angaben wurden Hartwig et al. (2013) entnommen.

Das **Vorderwälder Rind** hat seinen Ursprung im Schwarzwald und hat eine milchbetonte Doppelnutzung als Zuchtziel. Die Population umfasst 8 436 Herdbuchkühe, wovon 6 911 an der Milchleistungsprüfung teilnehmen. Die übrigen 1 525 Herdbuchkühe entfallen auf die Mutterkuhhaltung ohne Leistungsprüfung. Insgesamt gibt es 220 geprüfte Altbullen. Um Inzuchtdepression zu vermeiden und die Leistung in den Zielmerkmalen zu steigern, wurden ab den 1960er Jahren die Rassen Airshire, Red Holstein und Montbéliard eingekreuzt. Träger der eingekreuzten Fremdallele waren, bezogen auf das Zuchtziel, genetisch überlegen. Somit wurden diese durch die Abschnittsselektion bevorzugt und zur Nachzucht selektiert. Durch langfristige Anwendung der Abschnittsselektion wurden die Fremdallele in der Population

verbreitet und ihr Anteil am Genpool der Population erhöht. Dies resultierte in einer indirekten Verdrängungszucht der nativen Vorderwälder Allele und führte bis heute zu einem Fremdgenetischen Anteil von etwa 60 %. Das Zuchtprogramm des Vorderwälder Rinds basiert bis heute auf paternalen Linienzucht. Der Anteil des Natursprungs liegt bei 50 % (Hartwig et al., 2013).

Die **Hinterwälder Rasse** ist ebenfalls im Schwarzwald angesiedelt. Sie ist die kleinste mitteleuropäische Rasse und ist durch ihren gedrungenen Körperbau an die Bewirtschaftung der Steillagen des Schwarzwaldes angepasst. Alleinstellungsmerkmale wie Robustheit und Trittsicherheit werden dem Hinterwälder Rind zugesprochen. Allerdings konnten diese durch fehlende Leistungsprüfungen im züchterischen Sinne nicht validiert werden. Die Entwicklung bzw. Durchführung entsprechender Leistungsprüfungen ist aufgrund praktischer Aspekte sehr aufwendig und damit häufig nicht umsetzbar. Die Population umfasst 2 331 Herdbuchkühe, wovon 1 790 in Mutterkuhhöfen gehalten werden. Die restlichen 541 stehen in Milchviehhöfen und nehmen annähernd vollständig an der Milchleistungsprüfung teil. Bezogen auf die Gesamtpopulation der Herdbuchkühe beträgt die Teilnahme an der Milchleistungsprüfung nur 23 %. Somit fehlen häufig Zuchtwerte der zur Zucht eingesetzten Tiere. Das Zuchtziel ist ein milchbetontes Doppelnutzungsrind mit guter Eignung zur Mutterkuhhaltung. Durch ihre geringe Milchleistung wurden, ähnlich wie beim Vorderwälder Rind, leistungsstärkere Rassen eingekreuzt. Der Natursprungsanteil liegt bei 84 %. Auch hier werden Anpaarungsentscheidungen auf Basis von Bullenlinien getroffen (Hartwig et al., 2013).

Das **Limpurger Rind** ist geographisch dem Nordosten Baden-Württembergs zuzuordnen. Mitte des 19. Jahrhunderts wurden die Bestände durch hohe Nachfrage nach qualitativ hochwertigem Fleisch stark dezimiert. Hiervon konnte sich die Rasse nicht mehr erholen und galt in den 1960er Jahren als ausgestorben. In den 1980er Jahren wurden Tiere mit Anteilen von Limpurger Genen aufgefunden. Basierend auf 56 Kühen versuchte man die Rasse zu konsolidieren. Heute umfasst die Rasse etwa 500 Herdbuchkühe und 25 Herdbuchbullen. Der Anteil des Natursprungs liegt bei 12 %. Die Milchleistungsprüfung wird auch hier durchgeführt, allerdings nur bei 22 % aller Herdbuchkühe. Die Zuchtarbeit basiert hauptsächlich auf der Konservierung der genetischen Diversität und hat ein genügsames Doppelnutzungsrind mit guter Eignung zur Mutterkuhhaltung zum Ziel (Hartwig et al., 2013). Auch hier fehlt eine geeignete Leistungsprüfung zur Absicherung der Eignung zur Mutterkuhhaltung.

Alle beschriebenen Rassen werden durch das Agrarumweltprogramm des Landes Baden-Württemberg (MEKA, heute FAKT) zur Konservierung der Agrobiodiversität unterstützt. Diese sieht Subventionszahlungen für eingetragene Herdbuchtiere vor.

Zielesetzungen

Nach einer eingehenden Prüfung der vorliegenden Daten der drei lokalen Rassen wurden Hinterwälder und Limpurger als Modellpopulationen für weitergehende Auswertungen im Rahmen der vorliegenden Arbeit ausgeschlossen. Durch fehlende Leistungsprüfungen und damit nicht vorhandene Zuchtwerte ist eine Anwendung von OCS oder aOCS zur Erhöhung des Zuchtfortschritts nicht möglich. Die vorliegende Arbeit basiert auf der Population des Vorderwälder Rinds als Modellpopulation mit historischer Einkreuzung zur Leistungssteigerung. Dennoch werden in der allgemeinen Diskussion Strategien entwickelt, um Rassen wie Hinterwälder und Limpurger in vereinfachter Form züchterisch bearbeiten zu können.

Die Ziele des Projekts waren: (I) Ein Vergleich verschiedener OCS Methoden, um deren Anwendbarkeit begleitend zur Zuchtwertschätzung und unter gegebenen Populationsparametern nach Hartwig et al. (2013) zu bestätigen. (II) Eine Machbarkeitsstudie zur empirischen Absicherung der Anwendbarkeit der gewählten OCS Methode. Durch die Machbarkeitsstudie sollten die Kosten der Implementierung der OCS beim Vorderwälder Rind abgeschätzt und dem Nutzen gegenübergestellt werden. (III) Die Entwicklung geeigneter Lösungsstrategien zur Implementierung einer OCS Methode im Anschluss an die Zuchtwertschätzung am Landesamt für Geoinformation und Landentwicklung Baden-Württemberg. Im Vordergrund stand dabei die Entwicklung der routinemäßigen Anwendung der OCS Methode. (IV) Die Entwicklung eines geeigneten Zuchtprogramms. Hierbei musste der hohe Natursprunganteil (~ 50 %) der vorliegenden Population beachtet werden.

Zusammenfassung

In den letzten Dekaden sind hohe Inzuchtraten in züchterisch bearbeiteten Rinderrassen unter Anwendung der Abschnittsselektion in die Kritik geraten. Gründe hierfür sind die ineffiziente Konvertierung der genetischen Diversität in Zuchtfortschritt und erhöhtes Risiko für Inzuchtdepression (Falconer and Mackay, 1996; Woolliams et al., 2015a). Eine Lösung bietet die Optimum Contribution Selection (OCS) (Meuwissen, 1997b). Diese ermöglicht die Maximierung des Zuchtfortschritts bei gleichzeitiger Restriktion der Inzuchtrate. Dieser Ansatz wurde von Wellmann et al. (2012) um zwei Komponenten erweitert: Den fremdgenetischen Anteil und die native genetische Diversität der betrachteten Rasse. Erst durch diese Erweiterungen kann die advanced OCS (aOCS) für die Erhaltungszucht von Regionalrassen mit historischer Einkreuzung zur Leistungssteigerung genutzt werden. Die Grundlagenforschung zur Funktionalität der aOCS ist bereits abgeschlossen (Wang et al., 2017a; b). Die Ziele dieses Projekts waren (I) ein Vergleich verschiedener OCS Methoden, um deren Anwendbarkeit begleitend zur Zuchtwertschätzung und unter gegebenen Populationsparametern nach Hartwig et al. (2013) zu bestätigen. (II) Eine Machbarkeitsstudie zur empirischen Absicherung der Anwendbarkeit der gewählten OCS Methode. Durch die Machbarkeitsstudie sollten die Kosten der Implementierung der OCS beim Vorderwälder Rind abgeschätzt und dem Nutzen gegenübergestellt werden. (III) Die Entwicklung geeigneter Lösungsstrategien zur Implementierung einer OCS Methode im Anschluss an die Zuchtwertschätzung am Landesamt für Geoinformation und Landentwicklung Baden-Württemberg. Im Vordergrund stand dabei die Entwicklung der routinemäßigen Anwendung der OCS Methode. (IV) Die Entwicklung eines geeigneten Zuchtprogramms. Hierbei musste der hohe Natursprunganteil (~ 50 %) der vorliegenden Population beachtet werden.

Kapitel 1 enthält eine offene Diskussion der finanziellen, strukturellen und sozialen Hürden, die die Umsetzung der OCS in realen Zuchtprogrammen behindern. Dieses Kapitel bezieht sich auf kooperative Zuchtprogramme in kleinbäuerlichen Strukturen Deutschlands, da dies eine häufige Organisationsstruktur von Regionalrassen ist.

Kapitel 2 ist eine Machbarkeitsstudie. Unter Einbeziehung der diskutierten Hürden aus **Kapitel 1**, wird ein konkretes Zuchtprogramm entwickelt. Dieses soll unter realen Bedingungen umsetzbar sein. Um die Anwendbarkeit des Zuchtprogramms empirisch abzusichern, wird eine stochastische Simulationsstudie durchgeführt. Diese dient der Analyse von Schwachstellen im entwickelten Zuchtprogramm und der Formulierung des

Optimierungsprozesses mit aOCS. Zusätzlich ermöglicht die spezielle Formulierung des Simulationsprozesses einen direkten Vergleich der simulierten und realen Populationen.

Kapitel 3 stellt eine Erweiterung der Machbarkeitsstudie aus **Kapitel 2** dar und soll die Anwendbarkeit des entwickelten Zuchtprogramms unter aktuellen Bedingungen der Vorderwälder Rasse absichern. Der fremdgenetische Anteil der Vorderwälder Rasse lag im Jahr 2014 bei bereits 61 %. Deshalb wurde der Optimierungsprozess der aOCS angepasst, um Möglichkeiten zur Reduzierung der fremdgenetischen Anteile zu prüfen.

Die vorliegende Dissertationsschrift endet mit einer allgemeinen Diskussion. In dieser werden konkrete Empfehlungen erarbeitet, die die Implementierung des entwickelten Zuchtprogramms aus **Kapitel 2** in der Vorderwälder Rasse und vergleichbaren Regionalrassen ermöglichen.

Summary

Over the last decades, cattle breeding schemes that used truncation selection provoked high inbreeding rates and were perceived increasingly critical. Reasons are the inefficient conversion of genetic variance in genetic gain and an increased risk of inbreeding depression (Falconer and Mackay, 1996; Woolliams et al., 2015a). A solution was found by Meuwissen (1997) by introducing Optimum Contribution Selection (OCS). OCS facilitates the maximization of genetic gain meanwhile restricting inbreeding rates to predefined levels. Wellmann et al. (2012) extended the existing OCS approach by two components: Migrant contributions and native genetic variance of the breed under observation. The resulting advanced OCS (aOCS) facilitates the implementation in regional breeds that have been crossbred with commercial breeds for upgrading reasons. Basic research has already been carried out (Wang et al., 2017a; b). The objectives of the underlying project were (I) a comparison of OCS approaches to be implemented in Vorderwald cattle by underlying population parameters following Hartwig et al. (2013). (II) A feasibility study to give empirical prove of the applicability of the chosen OCS approach in Vorderwald cattle. The main focus was on the costs of implementing OCS in Vorderwald cattle. These were contrasted with the benefits. (III) The development of strategies to implement an OCS approach in connection to the breeding value estimation at the Landesamt für Geoinformation und Landentwicklung Baden-Württemberg. The development of routine applications was paramount here. (IV) The development of a suitable breeding scheme that fits a proportion of 50 % natural mating in the actual Vorderwald population.

Chapter 1 is an opinion article about financial, structural and social obstacles that impede the implementation of OCS in real breeding schemes. This chapter is mainly related to small scale cooperative breeding schemes of Germany, since this is a common organizational structure of regional breeds.

Chapter 2 is a feasibility study. On basis of the identified obstacles of **Chapter 1**, a concrete and easy to implement breeding scheme will be developed. A stochastic simulation will be carried out, to reveal flaws in the developed breeding scheme and aOCS approach. Additionally, results of the stochastic simulation are directly comparable to real data.

Chapter 3 is an extension of the feasibility study of **Chapter 2** and proofs the feasibility of the developed breeding scheme under actual conditions of the Vorderwald cattle breed. Migrant contributions to the Vorderwald cattle breed reached 61 % in 2014. Thus, the aOCS approach was modified to test for possibilities of reducing this level.

Summary

The thesis will end with a general discussion. Recommendations will be given, how to implement the developed breeding scheme of **Chapter 2** in Vorderwald cattle and comparable breeds.

Kapitel 1

Problemanalyse zur Implementierung der Selektion nach optimierten Genbeiträgen in kleinen Populationen

S. Kohl¹ und Pera Herold²

¹ Institut für Nutztierwissenschaften, FG Tiergenetik und Züchtung (460 g), Universität Hohenheim, S.Kohl@Uni-Hohenheim.de

² Institut für Tropische Agrarwissenschaften, FG Tierhaltung und Tierzüchtung in den Tropen und Subtropen (490 h), Universität Hohenheim, P.Herold@Uni-Hohenheim.de

Veröffentlichung: Züchtungskunde (2017), 89: 345–358.

Zusammenfassung

Die Selektion nach optimierten Genbeiträgen, englisch Optimum Contribution Selection (OCS), ermöglicht ein Optimieren des Zuchtfortschritts bei gleichzeitiger Begrenzung des Inzuchtzuwachses. Obwohl die Vorzüglichkeit der OCS gegenüber der Abschnittsselektion mehrfach nachgewiesen wurde, fand bisher kaum eine Implementierung in Zuchtprogrammen statt. In der vorliegenden Arbeit sollen Ursachen identifiziert und im Sinne der Organisationstheorie diskutiert werden, die eine Implementierung der OCS in die Praxis behindern. Diskutiert werden organisatorische, finanzielle und politische Aspekte. Grundvoraussetzung der OCS sind Zuchtwerte für die Zielmerkmale sowie Pedigree- oder Markerinformationen. Die nachgeschalteten Berechnungen der OCS ergeben konkrete Einsatzfrequenzen der Zuchttiere einer Population. Somit wird der Genfluss reguliert und die Inzuchtrate optimiert. Schon die Einhaltung der Einsatzfrequenzen stellt die Umsetzung der OCS in Zuchtprogrammen, vor allem mit steigendem Natursprunganteil, vor große Herausforderungen. In theoretischen Simulationen werden die Einsatzfrequenzen per se eingehalten. In der Praxis erfordert dies allerdings eine zentralisierte Organisation der Anpaarungen in einer Population. Es ist anzunehmen, dass dies bei Züchtern und Haltern auf Widerstand stoßen wird, da die Selektion im Kuhpfad und die Anpaarungen in der Herde eine ihrer Kernkompetenzen ist. Die finanziellen Rahmenbedingungen innerhalb der Zuchtprogramme und für die künstliche Besamung sowie die gesetzlichen Regelungen zu Fördermaßnahmen behindern die Umsetzung der OCS in die Praxis. Entscheidend ist insbesondere der Förderrahmen für Erhaltungszuchtprogramme, der es ermöglichen sollte, überbetriebliche Maßnahmen des Zuchtprogramms wie die Herdbuchführung direkt zu fördern und Haltungsprämien mit der aktiven Beteiligung am Zuchtprogramm zu verknüpfen.

Schlüsselwörter: Optimum Contribution Selection, Erhaltungszuchtprogramm, tiergenetische Ressourcen, Fördermaßnahmen;

Summary

Problem analysis of practical implementation of Optimum Contribution Selection in small breeds

Optimum Contribution Selection (OCS) facilitates the optimization of breeding progress while simultaneously restricting inbreeding rates. Although the superiority of OCS compared with Truncation Selection has been proven several times, the implementation of OCS in practical breeding programs is still missing. The aim of this study is to identify possible reasons for the missing implementation and to discuss them in terms of the organizational theory. The Aspects to be discussed originate from organizational, financial and political issues. Basic requirements for OCS are breeding values and pedigree- or markerinformation. The results of the computations by OCS are specific fielding frequencies for sires and dams of a population. Hereby the geneflow is regulated meanwhile the inbreeding rate is optimized. Practical breeding programs face problems to satisfy the fielding frequencies, especially by increasing natural service. In theoretical simulations, the fielding frequencies are satisfied per se. In practical breeding programs, centralized organization of matings are needed. This will lead to pushbacks by breeders, because selection in the dam path and mating decisions are their key tasks. Financial framework conditions for breeding programs and artificial insemination as well as the legal regulation for subventions impede the implementation of OCS in breeding programs. Especially the framework conditions for government-funded measures in conservation breeding programs are major obstacles. Intercompany measures like the maintenance of the herdbook or the active participation of members of the conservation breeding program cannot be subsidized.

Keywords: Optimum Contribution Selection, conservation breeding, genetic resources, government-funded measures

Einleitung

Schon Mitte des 20. Jahrhunderts wurde Inzucht als Problem bei domestizierten Nutztierassen identifiziert. Durch Fokussierung auf maximalen Zuchtfortschritt in Leistungsmerkmalen wie Milch und Fleisch, fand das Management von Inzucht jedoch kaum Beachtung. Durch die Koselektion naher Verwandter aufgrund hoher Zuchtwerte stiegen die Inzuchtraten bei vielen Nutztierassen ab den 1980er Jahren stark an. Inzuchtdepression mit Ausprägung von Letalallelen sowie verminderte Fruchtbarkeit und Fitness sind bekannte Folgen. Die Entwicklung der Inzuchtraten und deren Reduzierung wurden vielfältig diskutiert. GODDARD UND SMITH (1990) beschrieben die Möglichkeit einer Optimierung der Bullenzahlen, um die Inzuchtraten zu verringern. VILLANUEVA ET AL. (1994) erforschten die Selektion nach einem angepassten Index, der das Gewicht der Pedigreeinformationen zur Berechnung der Zuchtwerte reduziert und so die Koselektion naher Verwandter vermeidet. WEIGEL UND LIN (2000) untersuchten die Möglichkeiten eines Anpaarungsalgorithmus zur Reduzierung der Inzuchtrate. Ein wichtiger Schritt war die Entwicklung der Selektion nach optimierten Genbeiträgen, englisch „Optimum Contribution Selection“ (OCS) (MEUWISSEN, 1997; WRAY UND GODDARD, 1994). Mit Hilfe dieser Methode kann der Zuchtfortschritt maximiert werden, während die Inzuchtrate eine vorher definierte Grenze nicht übersteigt. Verschiedene Autoren haben in Modellrechnungen die Überlegenheit dieser Methode gegenüber der Abschnittsselektion nachgewiesen (AVENDAÑO ET AL., 2003; GANDINI ET AL., 2014; KEARNEY ET AL., 2004; KOENIG UND SIMIANER, 2006; SONESSON UND MEUWISSEN, 2000; WEIGEL, 2001).

Andere Autoren konnten zeigen, dass neben der Inzucht auch die Einkreuzung leistungsstarker Rassen die Eigenständigkeit lokaler Populationen gefährdet (HARTWIG ET AL., 2014). WELLMANN ET AL. (2012) erweiterten daher den Ansatz der Selektion nach optimierten Genbeiträgen um eine Komponente zur Reduzierung eingekreuzter Genanteile.

Die Implementierung einer OCS Methode erscheint insbesondere in Erhaltungszuchtprogrammen sinnvoll, bei denen ein besonderer Fokus auf die Bewahrung der genetischen Variabilität innerhalb einer Rasse gelegt wird. Die Vielzahl an wissenschaftlichen Publikationen zu den Vorteilen der OCS lässt großes Interesse an der Einführung in die Praxis vermuten. Tatsächlich finden sich jedoch kaum Zuchtprogramme, bei denen die Methode implementiert ist. In der vorliegenden Arbeit sollen Faktoren identifiziert und im Sinne der Organisationstheorie (vgl. HEROLD ET AL., 2012) diskutiert werden, die eine Einführung der Selektion nach optimierten Genbeiträgen in die Praxis behindern.

Organisatorische Aspekte

In Abbildung 1 ist schematisch der Ablauf eines Zuchtprogramms dargestellt. Wie zu sehen ist, fügen sich die Berechnungen der OCS zwischen Zuchtwertschätzung und Selektion ein. Essentielle Bestandteile zur OCS sind Zuchtwerte für die Zielmerkmale sowie Pedigree- oder Markerinformationen für die Verwandtschaftsanalyse bzw. für die Identifikation von Fremdasseneinflüssen.

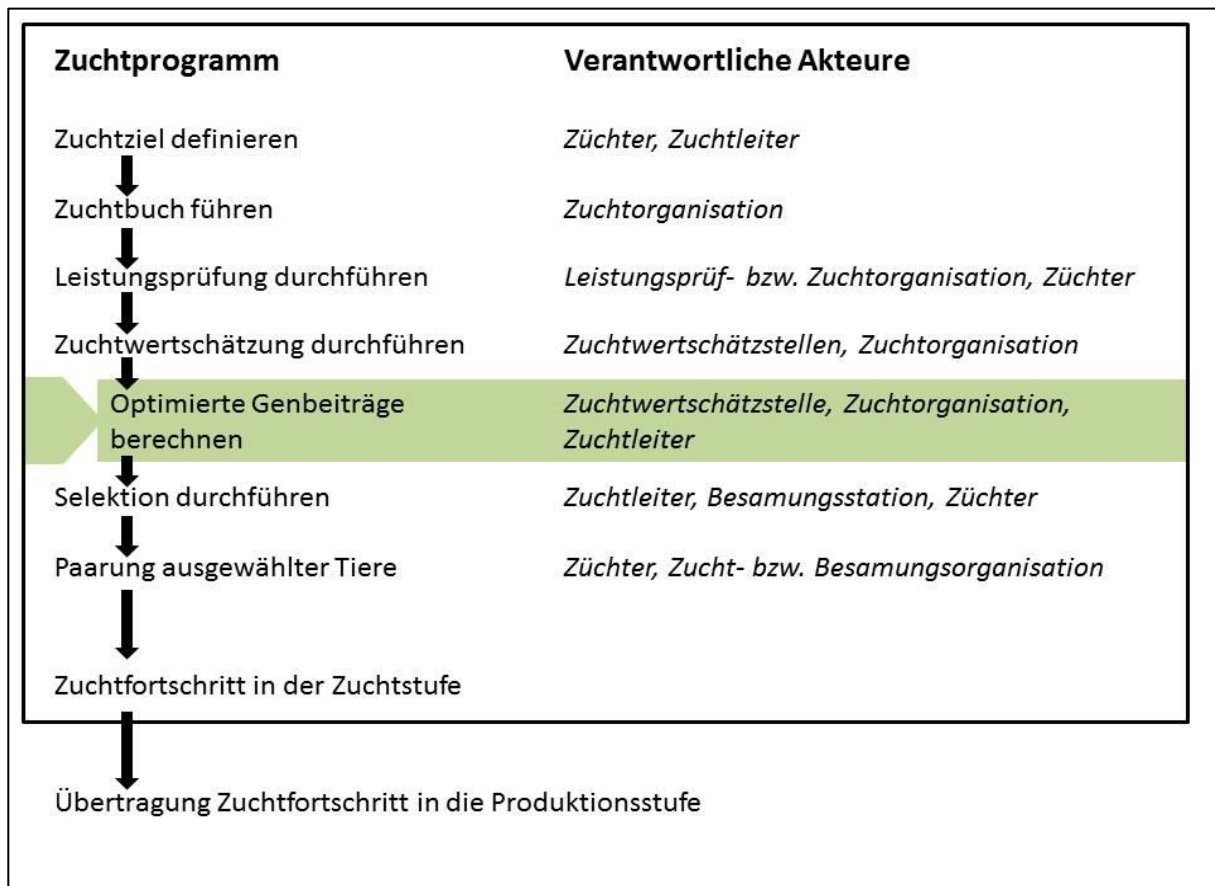


Abb. 1. Ablauf der verschiedenen züchterischen Maßnahmen in einem Zuchtprogramm sowie wesentliche Akteure.

Steps of breeding measures within a breeding program and important stakeholders

Herdbuchführung

Grundvoraussetzung für die Berechnung von Verwandtschaftsverhältnissen und Inzuchtraten einer Population ist ein möglichst lückenloses und tiefes Pedigree oder die Verfügbarkeit von Markerinformationen. Als Maß für die Tiefe und Vollständigkeit eines Pedigrees wird häufig der Pedigree Completeness Index (PCI) (MACCLUER ET AL., 1983) verwendet. Der PCI gibt den Anteil bekannter Ahnen über eine zu definierende Anzahl an Generationen wieder. Ein niedriger PCI schränkt die Möglichkeiten der OCS ein, da keine oder fehlerhafte Annahmen zur Verwandtschaft der Tiere einer Population getroffen werden (OLIEHOEK UND BIJMA, 2009; SØRENSEN ET AL., 2008). Dazu trägt auch die Führung von Zuchttieren der gleichen Rasse in

verschiedenen Zuchtbüchern ohne nationale bzw. internationale Verknüpfung bei. Beim Wechsel in ein anderes Zuchtgebiet werden nur die nötigsten Angaben aus der Zuchtbescheinigung in das neue Zuchtbuch übertragen. Dadurch kommt es zu unvollständigen, fehlerhaften oder fehlenden Pedigrees. Die Verbindung der Tiere zu ihren Ahnen ist gekappt.

Ein weiteres Problem kann durch finanzielle Förderung der Haltung von Herdbuchtieren entstehen: Durch die finanzielle Beihilfe je eingetragenen Herdbuchtier steigt die Zahl registrierter Tiere und damit nimmt die Populationsgröße zu, was für die gefährdeten Rassen zu begrüßen ist. Der Großteil der neu registrierten Tiere kann allerdings nur in das Vorbuch eingetragen werden, da sie zwar rassetypisch aber ihre Vorfahren unbekannt sind. Diese Tiere sind für pedigreebasierte OCS zunächst nutzlos, weil aufgrund der fehlenden Vorfahren-Informationen der PCI gleich null ist. Erst eine vollständige Großelterngeneration führt zu $PCIs > 0$. Diese wird frühestens in der zweiten Nachkommengeneration, also bei den Enkeln der neu registrierten Tiere, erreicht.

Eine zusätzliche Herausforderung zur Umsetzung der OCS ist die richtige Codierung eingekreuzter Tiere anderer Rassen. In der gängigen Zuchtpraxis können solche Tiere teilweise gleich codiert werden wie die Ausgangsrasse. Außerdem besteht die Möglichkeit, Äquirassen zu definieren und Tiere dieser Rassen als reinrassig in das Herdbuch der Ausgangsrasse aufzunehmen. Beispiele hierfür sind die Nutzung von Montbéliard-Bullen in der Fleckviehzucht oder Französisch Alpiner Ziegenböcke bei Bunten Deutschen Edelziegen. Der Landesverband Thüringer Ziegenzüchter e.V. (LTZ) und die Gesellschaft zur Erhaltung alter und gefährdeter Haustierrassen e.V. (GEH) warnt die Züchter der Thüringer Waldziege davor, die genetische Eigenständigkeit ihrer Beobachtungspopulation (TGRDEU, 2016) durch die Einkreuzung britischer Toggenburger-Ziegen zu gefährden. Hintergrund ist die Festlegung der Toggenburger-Ziegen als Äquirasse zur Thüringer Waldziege durch den Ziegenzuchtverband in Rheinland-Pfalz. Somit können in Rheinland-Pfalz importierte britische Böcke direkt in der Herdbuchzucht der Thüringer Waldziege eingesetzt und die Nachzucht aus Toggenburger x Thüringer Waldziege als reinrassige Herdbuchtiere eingetragen werden (LTZ UND GEH, 2014).

Leistungsprüfung

Neben korrekten Daten zur Abstammung der Tiere kommt der Leistungsprüfung für die Zielmerkmale eine wichtige Bedeutung zu. Nur mit Abstammungsinformationen und

Leistungsdaten kann eine Zuchtwertschätzung durchgeführt werden, die das Fundament der OCS bildet. Insbesondere in Erhaltungszuchtprogrammen entstehen dadurch große Hindernisse. Merkmale wie die Milchleistung werden bei gefährdeten Populationen immer seltener erfasst. Oftmals erfolgt dort eine Umnutzung. Beispielsweise vom milchbetonten Zweinutzungsrind unter Milchleistungsprüfung, zur Mutterkuh ohne Milchleistungsprüfung. Wiegen zur Erfassung der Fleischleistung sind aufwendig und daher selten etabliert. Aus den Schlachthöfen fallen für gefährdete Rassen wenige bis gar keine Daten an, da die Tiere überwiegend direkt vermarktet werden. Alten Nutztierassen wird meist eine besondere Robustheit und Widerstandsfähigkeit sowie Anpassung an die jeweilige Entstehungsregion zugeschrieben. In der Regel wird keines dieser Merkmale über eine Leistungsprüfung erfasst und kann damit züchterisch nicht überprüft werden. Deshalb stehen keine Zuchtwerte für diese Alleinstellungsmerkmale zur Verfügung und lassen sie fragwürdig erscheinen.

Selektion

Die Selektion ist einer der wichtigsten aber auch kritischsten Punkte in einem Zuchtprogramm. Werden hier die richtigen Entscheidungen getroffen, ist in der nächsten Generation ein maximaler Zuchtfortschritt in den Zielmerkmalen zu erwarten. In Zeiten der künstlichen Besamung und genomischen Selektion findet die Selektion im Bullenpfad vor allem durch die Besamungsstationen statt. Neben der genetischen Überlegenheit eines Bullen, spielen vor allem strategische Überlegungen zur Sicherung von Marktanteilen und Gewinnstreben eine große Rolle. In den landwirtschaftlichen Betrieben beruht die Entscheidung für einen Bullen auf dessen Gesamtzuchtwert sowie bestimmten betriebsindividuell wichtigen Teilzuchtwerten wie z.B. der Leichtkalbigkeit (SWALVE UND HÖVER, 2003). Auch die Zugehörigkeit zu einer Zucht- oder Besamungsorganisation bestimmt die Auswahl der Bullen durch die Landwirte (SCHIERENBECK, 2012): Es werden aktuelle und vom Anpaarungsplaner vorgeschlagene Bullen ausgewählt oder genommen was gerade „im Tank“ des Besamungstechnikers oder Tierarztes ist. Das „Auge des Züchters“ entscheidet in einem Besamungszuchtprogramm vor allem über die Selektion im Kuhpfad. Züchter und Halter gefährdeter Rassen lehnen Besamungszuchtprogramme oftmals ab, da sie sich in ihrer züchterischen Freiheit eingeschränkt sehen. Zuchtwerte werden kritisch gesehen. Die eigene Einschätzung und Begutachtung gewinnt an Stellenwert.

Gewinnorientierte Selektionsentscheidungen auf dem Bullenpfad durch die Besamungsstationen, Kritik an und Missverständnis von Zuchtwerten seitens der Züchter und der hohe Stellenwert der eigenen Einschätzung auf den Zuchtbetrieben stehen schon in

herkömmlichen Zuchtprogrammen in Konkurrenz zur Umsetzung maximalen Zuchtfortschritts in der Gesamtpopulation. Die Implementierung eines Modells wie der OCS in die züchterische Praxis, mit Selektion von Bullen nach strikten mathematischen Modellen und final definierten Einsatzfrequenzen aller Zuchttiere, ist in höchstem Maße schwierig.

Anpaarungsmanagement

Das Anpaarungsmanagement der Population stellt einen maßgeblichen Faktor in einem Zuchtprogramm dar. Durch die konkreten Einsatzfrequenzen der Zuchttiere bei Verwendung der OCS wird der Genfluss reguliert und die Inzuchtrate optimiert. Durch Befolgung des Anpaarungsplans der OCS werden Anpaarungen naher Verwandter vermieden. Damit sinkt die Wahrscheinlichkeit des Aufeinandertreffens zweier Allele gleicher Herkunft, was die Inzuchtkoeffizienten der Nachkommen verringert und die Möglichkeiten der OCS in der Folgegeneration weiter verbessert (SONESSON UND MEUWISSEN, 2000 UND 2002). In einer Population, in der hauptsächlich künstlich besamt wird, stellt die Umsetzung der Einsatzfrequenzen und des Anpaarungsplans kein Problem dar. Dies konnte auch anhand verschiedener Modellrechnungen gezeigt werden (GRANLEESE ET AL., 2016). In theoretischen Simulationen werden Objektivität, Rationalität und ökonomisch optimiertes Handeln als Prämisse vorausgesetzt. Unter realen Bedingungen ist dies allerdings oft nicht der Fall. Menschen handeln nicht unbedingt verlässlich, sie verfolgen eigene Interessen und lassen sich von Gefühlen oder Wahrnehmungen leiten (BEA UND GÖBEL, 2010). PICOT ET AL. (2008) beschreiben dies als das Organisationsproblem: Durch Nicht-Wissen oder Nicht-Wollen entstehen Koordinations- oder Motivationsprobleme, die das menschliche Handeln und die Abläufe innerhalb einer Organisation beeinflussen. Schon in Besamungszuchtprogrammen stößt eine Reglementierung der Anpaarungshäufigkeit bestimmter Bullen oder das Verschreiben konkreter Anpaarungen auf Widerstand. Die Anpaarungsentscheidung ist eine elementare Aufgabe der Züchter, welche ungerne an Dritte abgetreten wird. In Erhaltungszuchtprogrammen ist der Anteil des Natursprungs in der Regel sehr hoch. Die Einhaltung der Einsatzfrequenzen nach OCS ist eine große Herausforderung. Betriebsspezifische Anpaarungspläne durch Außenstehende erfordern immensen Organisationsaufwand und stoßen oftmals auf Ablehnung bei den Züchtern.

Die Umsetzung der Einsatzfrequenzen erfordert vertragliche Regelungen des Bulleneinsatzes zwischen Zuchtorganisation und Züchtern. Sind Zucht- und Besamungsorganisation nicht in einer Institution vereint, sollten auch zwischen ihnen vertragliche Regelungen getroffen werden. Die Bedingungen sind vom Einzelfall des Zuchtprogramms abhängig und nicht zu

pauschalisieren. Nicht nur die Selektionsentscheidungen und Einsatzfrequenzen der verschiedenen Bullen sind entscheidend, sondern auch die Frage, wer die Kosten für entgangenen Gewinn aus nicht durchgeführten Besamungen bestimmter Bullen trägt. Die Berechnungen der OCS sind immer für das definierte Zuchtziel der Gesamtpopulation optimiert. Herdenspezifische, einzelbetriebliche Zuchtziele müssen unter das Wohl der Gesamtpopulation gestellt werden. Da die Regulation der Inzuchtrate von den Einsatzfrequenzen abhängt (WOOLLIAMS ET AL., 2015), sollten die Anpaarungen zentral durch den Zuchtleiter oder die Zuchtorganisation organisiert werden. Sind die Züchter zu keiner vertraglichen Regelung des Bulleneinsatzes bereit, müssen Alternativen zur Einhaltung der Einsatzfrequenzen gefunden werden. Denkbar sind Streichungen von Bullen von den Besamungslisten, sobald diese ihre maximale Einsatzfrequenz erreicht haben oder die Kopplung von Fördermaßnahmen an die Einhaltung von Anpaarungsvorschlägen durch Zuchtleiter oder Zuchtorganisation.

Besamungsorganisationen sind entweder den Zuchtorganisationen zuzuordnen oder agieren als unabhängige Wirtschaftsunternehmen. Im Gegensatz zur Züchtervereinigung, die als höchste Priorität den Zuchtfortschritt in ihren Mitgliedsbetrieben im Auge haben sollte, handeln unabhängige Besamungsstationen vorwiegend nach ökonomischen Prinzipien und streben Gewinnmaximierung an. Somit kann es zu Interessenkonflikten bei der Umsetzung der OCS kommen. Gerade in kleineren Populationen werden die Berechnungen der OCS geringere Einsatzfrequenzen für die einzelnen Vatertiere ergeben (VGL. WEIGELAND UND LIN, 2002). Die Einsatzfrequenzen sind gleichbedeutend mit der Menge an benötigten Samenportionen pro Bulle und Anpaarungsrunde. Je geringer die Einsatzfrequenzen ausfallen, desto teurer wird die Produktion der Samenportionen für die Besamungsstationen. Damit steigen auch die Besamungskosten für die Züchter. Zur Vermeidung unverhältnismäßig hoher Besamungskosten sollten die Berechnungen der OCS mit einer Mindesteinsatzfrequenz pro Vatertier durchgeführt werden.

Überwiegt in einem Zuchtprogramm der Natursprung oder ist er sogar die einzige verfügbare Anpaarungsmethode, müssen Strategien zur Umsetzung der Anpaarungen nach OCS entwickelt werden. Wie kommt der Bulle zur Kuh oder umgekehrt? Zudem müssen Vatertiere in optimalen Anpaarungssystemen in verschiedenen Herden eingesetzt werden, also zwischen Herden rotieren. Dafür müssen eine Infrastruktur aufgebaut und Hygienekonzepte entwickelt werden. Wo noch vorhanden, sollten historisch gewachsene Strukturen wie die Gemeindebullenhaltung erhalten oder sogar wieder ausgebaut werden.

Gewichtung von Inzuchtzuwachs und Zuchtfortschritt

Da in Erhaltungszuchtprogrammen die Sicherung bzw. die Steigerung der effektiven Populationsgröße die wichtigsten Faktoren sind, muss vorab eine Populationsanalyse durchgeführt werden, um für die vorliegende Population eine geeignete Inzuchtrate zu bestimmen. Zuchtfortschritt und Inzuchtrate der vergangenen Generationen unter Abschnittsselektion sollten berechnet und eine Simulation der vergangenen Generationen unter Anwendung der OCS durchgeführt werden. Die Gegenüberstellung der Ergebnisse aus Simulation und Realität zeigt die Optimierungschancen auf. Der Zuchtfortschritt kann als Gewinn und die Inzuchtrate als Risiko oder Kosten betrachtet werden. Die Inzuchtrate und effektive Populationsgröße die durch die OCS erreicht werden soll, ist von der Risikobereitschaft der Akteure im Zuchtprogramm abhängig.

Wissensstand und Identifikation

Ein Zuchtprogramm mit OCS stellt höhere Anforderungen sowohl an das züchterische Wissen der administrativen Organe im Zuchtprogramm als auch an die Identifikation der Züchter mit dem Zuchtprogramm. Gerade bei den Züchtern und Zuchtverantwortlichen erzeugt die Veränderung Unsicherheit oder Angst vor Misserfolg und wird häufig als Missbilligung der bisherigen Zuchtarbeit empfunden. Aufklärung über notwendige Anpassungen im Zuchtprogramm und eine präzise Darstellung der Fakten, mit Vor- und Nachteilen, in Kombination mit engem persönlichem Kontakt zwischen Wissenschaft und Praxis, sind unumgänglich. Um Wissensasymmetrien zu vermeiden, müsste im Fall der kooperativen Zuchtprogramme eine deutlich intensivere Einbeziehung der Züchter in die Entscheidungsfindungen des Zuchtprogramms erfolgen als derzeit üblich. Bei Zuchtprogrammen von Zuchtunternehmen erscheint die Entscheidungsfindung einfacher. Sie findet in kleineren Gremien (Aufsichtsrat, Geschäftsführung) statt und die Züchter können vertraglich zur Umsetzung verpflichtet werden.

Finanzielle und politische Aspekte

Fördermaßnahmen

Die Konzentration der Tierzucht auf wenige Spezies und Rassen mit überregionaler und teilweise weltweiter Bedeutung schränkte die Attraktivität kleinerer, regionaler Populationen deutlich ein (SCHERF UND PILLING, 2015). Die Einführung der künstlichen Besamung und der genomischen Selektion führte bei Hochleistungsrassen zu einer Beschleunigung des Zuchtfortschritts und damit zu einem rasanten Anstieg der Produktionsdifferenz zwischen den

überregionalen (Welt-)Rassen und den regionalen genetischen Ressourcen (HARTWIG UND BENNEWITZ, 2014). Deren wertgebende Attribute, wie z.B. ihr Beitrag zur Agrobiodiversität, ihr Beitrag zum Erhalt der Kulturlandschaft, ihre Eigenschaft eines lebendigen Kulturgutes oder das In-Sich-Tragen zukünftig wertgebender Eigenschaften, sind allesamt derzeit nicht monetär bewertete Merkmale, die daher nicht zum Einkommen der Landwirte beitragen. Der Erhalt der lokalen Populationen kann aber nicht alleine den Tierhaltern überlassen werden, da die Kosten der Erhaltung den Ertrag aus den Produkten dieser Rassen in der Regel bei weitem übersteigen. Da der Erhalt der regionalen genetischen Ressourcen von gesamtgesellschaftlichem Interesse ist, sollte der Ausgleich des finanziell entgangenen Nutzens mit öffentlichen Mitteln gefördert werden (SCHULTE-COERNE ET AL., 2014). Derzeit erfolgt die Förderung im Rahmen der „Gemeinschaftsaufgabe Agrarstruktur und Küstenschutz“ (GAK), finanziert von Bund und Ländern. Förderfähig sind Zucht- und Vatertiere sowie die Bereitstellung von Tieren für die Sperma- oder Embryonengewinnung (BMEL, 2016). Zum Erhalt der Förderung müssen Tiere einer gefährdeten Rasse im Herdbuch eingetragen sein und der Tierhalter am Erhaltungszuchtprogramm der Zuchtorganisation teilnehmen sowie alle genetisch relevanten Daten für das Zuchtprogramm zur Verfügung stellen (BMEL, 2016). Laut SCHULTE-COERNE ET AL. (2014) und der Empfehlung des FACHBEIRATS TIERGENETISCHE RESSOURCEN (2013) müssen auch gefährdete Rassen züchterisch bearbeitet werden, um eine Steigerung der Wirtschaftlichkeit zu erreichen. Wird in einer gefährdeten Rasse kein Zuchtfortschritt erzielt, steigen die finanziellen Nachteile gegenüber Intensivrassen weiter an. Schon jetzt können diese nicht vollständig durch staatliche Fördermaßnahmen kompensiert werden. Ein weiterer Anstieg der finanziellen Nachteile senkt das Interesse an der Haltung einer gefährdeten Nutztier rasse und trägt somit direkt zu deren Aussterben bei. Die züchterische Bearbeitung von gefährdeten Rassen ist durch das Ziel der Bewahrung genetischer Diversität nur mit moderaten Inzuchtraten und dadurch eingeschränktem Zuchtfortschritt möglich. Eine signifikante Steigerung des Zuchtfortschritts bei gleichbleibender Inzuchtrate ist wünschenswert, um die weitere Ausbreitung der Produktionsdifferenzen zu vermeiden. Diese Faktoren bestärken die Verwendung der OCS in solchen Zuchtprogrammen.

Eine weitere Hürde für die Einführung eines komplexen Züchtungsverfahrens wie der OCS ist der Ausschluss von juristischen Personen und Personengesellschaften von den GAK-Förderzahlungen (BMEL, 2016): Um die Verwandtschaftsverhältnisse in einer Population festzuhalten, ist das Führen eines Zuchtbuchs notwendig. Dies ist Aufgabe der Zuchtorganisationen und verursacht Kosten. Zusätzlich ist die Produktion von

Samenportionen bei gefährdeten Rassen weniger profitabel, da pro Bulle deutlich weniger Portionen abgesetzt werden können als bei den Wirtschaftsrassen. Gerade in Erhaltungszuchtprogrammen spielt die Konservierung der genetischen Vielfalt eine große Rolle. Somit muss höheres Gewicht auf die Reduzierung der Inzuchtrate gelegt werden. Studien haben gezeigt, dass eine starke Restriktion der Inzuchtrate bei den Berechnungen der OCS zur gleichmäßigeren Verteilung der Einsatzfrequenzen über die Selektionskandidaten führt (AVENDAÑO ET AL., 2003; KEARNEY ET AL., 2004; KOENIG UND SIMIANER, 2006; WEIGELAND UND LIN, 2002). Das bedeutet, dass von einer höheren Anzahl Bullen jeweils weniger Spermaportionen produziert werden können. Durch Führung des Zuchtbuchs sowie unrentablerer Spermaproduktion entsteht auch hier ein finanzieller Nachteil aus dem Erhalt tiergenetischer Ressourcen. Durch den Ausschluss der Zuchtorganisationen als juristischer Personen und Personengesellschaften von Förderzahlungen ist eine Kompensation nicht möglich.

Entlohnung nachhaltiger Zuchtarbeit

Die Entlohnung nachhaltiger Zuchtarbeit mit OCS kann nicht ausschließlich durch Ausgleichszahlungen der öffentlichen Hand erreicht werden. Es müssen weitere Möglichkeiten zur Kompensation herangezogen werden. Durch den Einsatz der OCS wird langfristig die höhere genetische Diversität zu gezielteren Selektionsentscheidungen in späteren Generationen beitragen und die Wirtschaftlichkeit einer Rasse erhöhen (SONESSON UND MEUWISSEN, 2000 UND 2002). Durch Fitness- und Fruchtbarkeitsmerkmale im Zuchtziel sinken die Kosten für tierärztliche Behandlungen und mehrfache Inseminationen. GEHRING ET AL. (2017) konnten am Beispiel der Rasse Vorderwälder aufzeigen, dass ein flächendeckendes Gesundheitsmonitoring grundsätzlich zur Beurteilung von Gesundheitsmerkmalen bei kleinen Populationen beitragen kann. Auf Basis der vorhandenen Daten konnten sie derzeit keine Überlegenheit der regionalen Rasse Vorderwälder Rind gegenüber Fleckvieh feststellen. Sie empfehlen daher eine intensivere Teilnahme der Vorderwälder-Betriebe an dem freiwilligen Monitoring. Neben dem Zuchtfortschritt ist auch die reduzierte Inzuchtrate ausschlaggebend für die Verbesserung der Fitness- und Fruchtbarkeitsmerkmale (HERMAS ET AL., 1987). Durch erhöhte genetische Diversität wird Inzuchtdepression vermieden und die Ausprägung von letalen Allelen bzw. Allelen die Erbfehler auslösen reduziert (FALCONER, 1967; WIGGANS ET AL., 1995). Die Verringerung von Tierarzt- und Besamungs-Kosten trägt zur Steigerung der Wirtschaftlichkeit einer Rasse bei.

Möglichkeiten für weitere Entlohnungen durch den Einsatz der OCS bietet die Bewerbung von nachhaltiger Zuchtarbeit am Endprodukt. Regionalrassen bieten große Chancen für die Vermarktung in kurzen Vermarktungsketten, das heißt dort, wo der Mehrwert des Produktes einer speziellen Rasse direkt an den Verbraucher kommuniziert werden kann. GALLI UND BRUNORI (2013) definieren als Merkmale kurzer Vermarktungsketten, dass „kurz“ sowohl eine physische als auch eine soziale Nähe beschreibt. Physische Nähe bedeutet, dass die Produkte nur kurze Wegstrecken transportiert oder direkt auf dem Hof vermarktet werden. Soziale Nähe meint, dass Verbraucher und Erzeuger in direkten Kontakt zueinander treten. Es gibt keine oder nur wenige Zwischenhändler. Mit dem Produkt können Informationen zu seiner Herkunft, der Identität des Produzenten oder den Werten des Verbrauchers ausgetauscht werden. In einer solchen Atmosphäre steigen die Möglichkeiten zur Vermittlung nicht-monetärer Werte genetischer Ressourcen und der Produktqualität. HEROLD ET AL. (2010) zeigten am Beispiel der Schweinezüchtung in Vietnam, wie Zuchtprogramme für lokale Schweinerassen mit einer kurzen Vermarktungskette verbunden werden können. Ansätze für solche kurzen Vermarktungsketten in Verbindung mit Zuchtprogrammen für lokale Rassen in Deutschland sind die Bäuerliche Erzeugergemeinschaft Schwäbisch Hall mit der Züchtervereinigung Schwäbisch-Hällisches Landschwein, das Röhnschaf-Projekt des BUND Hessen (BUND HESSEN, 2016) gemeinsam mit dem Bund Naturschutz in Bayern (BUND NATURSCHUTZ IN BAYERN, 2010) sowie die Züchtervereinigung Limpurger Rind mit dem *Weideochsen vom Limpurger Rind g.U.* (ZÜCHTERVEREINIGUNG LIMPURGER RIND, 2013).

Synthese

Wie bereits gezeigt, stellt die praktische Implementierung der OCS insbesondere Züchtervereinigungen vor große Herausforderungen. In den meisten Bereichen des Zuchtprogramms, vor allem bei Selektion und Anpaarung, müssen Anpassungen vorgenommen werden. Diese schränken die Kompetenzen der Züchter ein und können damit zu einer zunehmenden Unzufriedenheit der Züchterschaft mit ihrer Organisation führen: Die Züchter fühlen sich bevormundet und könnten sich gegen Entscheidungen höherer Instanzen wehren. Zum Ausgleich der Einschränkungen sollten Züchter stärker in die verschiedenen Entwicklungs- und Entscheidungsschritte eines Zuchtprogramms integriert werden. In der Vergangenheit wurden bspw. Zuchtziele und Leistungsprüfungen von der Zuchtorganisation oder der Politik definiert und diktiert. Zur stärkeren Identifikation mit dem Zuchtprogramm, können Zuchtziele in Absprache mit den Züchtern definiert werden. Wie dies funktionieren kann, zeigt die aktuelle Anpassung der Zuchtziele bei Fleck- und Braunvieh im

Zuchtwertschätzverbund DAC (Deutschland – Österreich – Tschechien). Nach wissenschaftlichen Vorarbeiten zu neuen Merkmalen, den genetischen Beziehungen der Merkmale untereinander sowie der aktuellen wirtschaftlichen Gewichte, fanden regionale Veranstaltungen in allen beteiligten Ländern statt, bei denen die Züchter über die aktuellen Arbeiten informiert wurden. Die Züchter konnten das Für und Wider unterschiedlicher Merkmalssets oder Gewichtungen diskutieren und regionale Zuchtziele definieren. Auf zentralen Abschlussveranstaltungen diskutierten die Vertreter der Zuchtorganisationen aus den verschiedenen Ländern die regionalen Varianten und einigten sich auf jeweils einen neuen Gesamtzuchtwert für Fleckvieh und Braunvieh (RINDERZUCHT AUSTRIA, 2016). Da die Entscheidung im Konsens und auf einer breiten Basis getroffen wurde, konnte die Akzeptanz der Veränderungen in der Zuchtwertschätzung, z.B. in der Rangierung von Bullen, gesteigert werden. Weitere Möglichkeiten zur Einbindung der Züchter bestehen im Bereich der Leistungsprüfungen. Die Erhebung der Leistungen fällt in ihren Aufgabenbereich. Die zu prüfenden Leistungen werden derzeit allerdings von Zuchtorganisation und Politik vorgegeben. Nach Besprechung der Zuchtziele und dafür nötiger Leistungsprüfungen mit den Züchtern könnte die Leistungserfassung, wie z.B. Wiegen in der Mutterkuhhaltung, auf größere Zustimmung treffen. Durch die Beteiligung der Züchter an der Erarbeitung der Zuchtziele entsteht Motivation und eine moralische Verpflichtung zur Einhaltung der erarbeiteten Ergebnisse. Bei der Gewichtung der Inzuchtrate als Basis für die Berechnungen der OCS ist eine weitere Integration der Züchter und Tierhalter möglich. Durch wissenschaftliche Aufklärung über akzeptable Inzuchtraten und erreichbaren Zuchtfortschritt werden die Züchter befähigt, am Entscheidungsprozess der Gewichtung teilzunehmen und gleichzeitig größeres Verständnis für die Anwendung der Methode zu gewinnen. Insgesamt kann durch die direkte Einbeziehung der Züchter und Tierhalter das oben beschriebene Organisationsproblem des Nicht-Wissens und Nicht-Wollens durchbrochen werden. Ganz konkret können z.B. regionale Diskussionsgruppen dabei helfen, Informationsasymmetrien zu vermeiden und die Züchter aktiver in die Zuchtarbeit zu involvieren sowie verantwortlicher zu machen. Ansätze hierzu findet man beispielsweise in den Arbeiten Elinor Ostroms „polyzentrische Organisationsstrukturen“ zur gemeinschaftlichen Verwaltung von Gemeingütern (OSTROM, 2009; BPB, 2011). Für die Weiterentwicklung gemeinschaftlicher Zuchtprogramme kann die Idee dörflicher oder kommunaler Zuchtprogramme genutzt werden (vgl. HEROLD ET AL., 2010; VALLE ZÁRATE UND MARKEMANN, 2010; RÖßLER ET AL., 2013; MULLER ET AL., 2015; WOLDU ET AL., 2016). Diese sind auf eine stärkere Beteiligung der Züchter und Tierhalter ausgerichtet.

Die finanziellen Rahmenbedingungen innerhalb der Zuchtprogramme sowie die gesetzlichen Regelungen zu Fördermaßnahmen durch die EU und die Bundesrepublik Deutschland behindern die Umsetzung der OCS in die Praxis. Mit sinkenden Populationsgrößen verringert sich die Profitabilität der Spermaproduktion für die künstliche Besamung. Zuchtbuchführung und Rasseorganisation erzeugen weitere Kosten. In kleineren Populationen mit höheren Natursprunganteilen gewinnt die Optimierung des Zuchtfortschritts unter Einhaltung einer bestimmten Inzuchtrate an Bedeutung. Die OCS ist eine geeignete Methode um die Inzuchtrate und somit die effektive Populationsgröße zu regulieren. Im Bereich der Fördermaßnahmen zum Erhalt genetischer Vielfalt ist ein Umdenken erforderlich: Ein Lösungsansatz ist die Vergabe von staatlichen Fördermitteln für die Durchführung von Erhaltungszuchtprogrammen (SCHULTE-COERNE, 2015) direkt an die Zuchtorganisationen. Damit könnte die Vergabe der Förderzahlungen für die Landwirte z.B. an konkrete Leistungen im Zuchtprogramm gebunden werden. Auch eine Kopplung der Förderzahlungen an den Vattertiereinsatz ist denkbar, um die optimierten Genbeiträge möglichst exakt in der Züchtungspraxis realisieren zu können. Auf diese Weise wird der Einsatz mehrerer Väter auf einem Betrieb und von mehr Vätern über Betriebe hinweg gefördert. Dies hätte zudem einen positiven Effekt auf die Qualität der Zuchtwertschätzung, da bei überbetrieblichem Vattertiereinsatz genetische und Umwelt-Effekte besser voneinander getrennt werden können und die Sicherheit des Zuchtwertschätzverfahrens steigt.

Ein gemeinschaftliches Zuchtprogramm unter Anwendung der OCS erfordert gute Kenntnisse bei den Zuchtverantwortlichen wie Zuchtleitern und Zuchtberatern. Im Rahmen des EU-Projekts „Preparatory action on EU plant and animal genetic resources“ konnte festgestellt werden, dass wissenschaftliche Weiterentwicklungen im Bereich genetischer Ressourcen nur ungenügend genutzt und umgesetzt werden oder nicht die richtigen Akteure erreichen (TRAON, 2016). Kenntnisse über die theoretischen Hintergründe der OCS und ihrer Implementierung sind hierfür ein gutes Beispiel. In Modellsimulationen wurde vielfach die Überlegenheit der OCS gegenüber der Abschnittsselektion gezeigt (AVENDAÑO ET AL., 2003; GANDINI ET AL., 2014; KEARNEY ET AL., 2004; KOENIG UND SIMIANER, 2006; SONESSON UND MEUWISSEN, 2000; WEIGEL, 2001). Diese Ergebnisse erreichten aber nicht die Praxis bzw. scheiterte die Umsetzung an organisatorischen Hindernissen, die Zuchtprogramme mit sich bringen. Die Informationsasymmetrie bezieht sich auch auf die Methodik der Zuchtberatung. In einem gemeinschaftlichen Zuchtprogramm muss auch die Zuchtberatung interaktiv gestaltet sein. Durch theoretische Weiterbildung von Züchtern werden diese befähigt, züchterisch korrekte Entscheidungen zu treffen.

Die Erhaltung genetischer Ressourcen wird durch ihre aktive Nutzung gefördert. Daher ist die Etablierung angemessener Vermarktungswege wichtig. Die OCS ermöglicht auch in kleinen Populationen einen gewissen Zuchtfortschritt bei Begrenzung und Monitoring der Inzuchtrate. Sind Leistungsprüfungen für die Alleinstellungsmerkmale oder besonderen Qualitätsattribute der genetischen Ressourcen etabliert, können Zuchtwerte für diese Merkmale geschätzt und das Zuchtprogramm auf die besondere Produktqualität ausgerichtet werden. Dies schränkt die genetische Vielfalt der Population nicht nennenswert ein. Die Vermarktung genetischer Ressourcen kann langfristig nur funktionieren, wenn ihre besonderen Eigenschaften und ihr Nutzen kommuniziert werden (TRAON, 2016). Spanien und die Schweiz haben bereits ein Label entwickelt mit dem auf die Herkunft einer genetischen Ressource hingewiesen werden kann (AMMANN, 2016; CASTELLANOS MONCHO, 2016).

Die Vorzüglichkeit der OCS steht außer Frage. Es bedarf jedoch einer Vielzahl an flankierenden Maßnahmen, um diese Methode langfristig und nachhaltig in Zuchtprogrammen etablieren zu können. Entscheidend ist insbesondere der Förderrahmen für Erhaltungszuchtprogramme, der es ermöglichen sollte, überbetriebliche Maßnahmen des Zuchtprogramms wie die Herdbuchführung oder die Zuchtleitung direkt zu fördern und Haltungsprämien mit der aktiven Beteiligung am Zuchtprogramm zu verknüpfen.

Danksagung

Die Autoren danken Herrn Dr. Dr. Robin Wellmann für die Durchsicht und hilfreichen Anmerkungen zur Arbeit, der Rinderunion Baden-Württemberg e.V. und dem Ministerium für Ländlichen Raum und Verbraucherschutz Baden-Württemberg für die Finanzierung des Projekts, dem Landesamt für Geoinformation und Landentwicklung in Kornwestheim für die Bereitstellung des Arbeitsplatzes und Herrn Prof. Dr. Jörn Bennewitz und dem Fachgebiet Tiergenetik und Züchtung (460g) der Universität Hohenheim für die Unterstützung.

Literatur

AMMAN, P. (2016): From the old breed to the new product – chances and pitfalls in the marketing of biodiversity-products. 22nd meeting of the Assembly of European National Coordinators for Animal Genetic Resources, 28. August 2016, Belfast, Nordirland, <https://www.rfp-europe.org/assembly/list-of-meetings/belfast-2016/assembly-meeting/> (Stand: 27.01.2016).

AVENDAÑO, S., VILLANUEVA, B. und J.A. WOOLLIAMS (2003): Expected increases in genetic merit from using optimized contributions in two livestock populations of beef cattle and sheep. *J. Anim. Sci.* 81, 2964–2975.

BEA, F.X., und E. GÖBLEL (2010): Organisation, Theorie und Gestaltung. 4. Auflage, Lucius & Lucius, UTB.

BLE (BUNDESANSTALT FÜR LANDWIRTSCHAFT UND ERNÄHRUNG, HRSG., 2016): Rote Liste. Einheimische Nutztierassen in Deutschland 2015.

BMEL (BUNDESMINISTERIUM FÜR ERNÄHRUNG UND LANDWIRTSCHAFT, 2016): Rahmenplan der Gemeinschaftsaufgabe „Verbesserung der Agrarstruktur und des Küstenschutzes“ für den Zeitraum 2016 -2019. <http://www.bmel.de/DE/Landwirtschaft/Foerderung-Agrarsozialpolitik/GAK/Texte/Erlaeuterungen.html> (Stand: 23.01.2017).

BPB (BUNDESZENTRALE FÜR POLITISCHE BILDUNG, 2011): Gemeingüter. APuZ, 28-30/2011. <http://www.bpb.de/shop/zeitschriften/apuz/33200/gemeingueter> (Stand: 12.12.2016).

BUND HESSEN (2016): Die Rettung der Rhönschafe in der Rhön. http://www.bund-hessen.de/themen_und_projekte/natur_und_artenschutz/rhoenschaf/bund_rhoenschafherden/ (Stand: 21.11.2016).

BUND NATURSCHUTZ IN BAYERN (2010): 25 Jahre Rhönschafprojekt. Ein Erfolgsmodell mit Vorbildcharakter feiert Jubiläum. https://www.bund-naturschutz.de/presse-aktuelles/pressemitteilungen/artikel/25-jahre-rhoenschafprojekt.html?no_cache=1&cHash=23e76e8fcfe01ef3cf2d4431dd66b227 (Stand: 21.11.2016).

CASTELLANOS MONCHO, M. (2016): Spanish logo “100% autochthonous breed”: adding value to products from native purebred. 22nd meeting of the Assembly of European National Coordinators for Animal Genetic Resources, 28. August 2016, Belfast, Nordirland,

<https://www.rfp-europe.org/assembly/list-of-meetings/belfast-2016/assembly-meeting/>

(Stand: 27.01.2016).

FACHBEIRAT TIERGENETISCHE RESSOURCEN (2013): Stand, Probleme und Handlungsbedarf bei Erhaltungszuchtprogrammen für einheimische vom Aussterben bedrohte Nutztierassen. Empfehlung. Züchtungskunde, **85**, 85-95.

FALCONER, D.S. (1967): Introduction to quantitative genetics. Oliver and Boyd Ltd.

GALLI, F. und G. BRUNORI (2013): Short Food Supply Chains as drivers of sustainable development. Evidence Document. Document developed in the framework of the FP7 project FOODLINKS (GA No. 265287). Laboratorio di studi rurali Sismondi.

GANDINI, G., STELLA, A., DEL CORVO, M. und G.B. JANSEN (2014): Selection with inbreeding control in simulated young bull schemes for local dairy cattle breeds. J. Dairy Sci. **97**, 1790–1798.

GEHRING, S., HAMANN, H., und P. HEROLD (2017): Beziehung zwischen Gesundheitsdaten und Leistungsmerkmalen bei Fleckvieh und Vorderwälder Rind. Züchtungskunde, **89**, 70- 79.

GODDARD, M.G. und C. SMITH (1990): Optimum Number of Bull Sires in Dairy Cattle Breeding. J. of dairy Sci., **73**, 1113-1122.

GRANLEESE, T., CLARK, S.A., SWAN, A.A. und J.H.J. VAN DER WERF (2015): Increased genetic gains in sheep, beef and dairy breeding programs from using female reproductive technologies combined with optimal contribution selection and genomic breeding values. Genet. Sel. Evol. 47:70. DOI 10.1186/s12711-015-0151-3

HARTWIG, S., und J. BENNEWITZ (2014): Züchterische Aspekte zur Konsolidierung und Weiterentwicklung lokaler Rinderpopulationen. Züchtungskunde, **86**, 19-24.

HARTWIG, S., WELLMANN, R., HAMANN, H. und J. BENNEWITZ (2014): The contribution of migrant breeds to the genetic gain of beef traits of German Vorderwald and Hinterwald cattle. J. Anim. Breed. Genet. **131**, 496–503.

HERMAS, S.A., YOUNG, C.W. und J.W. RUST (1987): Effects of Mild Inbreeding on Productive and Reproductive Performance of Guernsey Cattle. J. Dairy Sci. **70**, 712–715.

HEROLD, P., RÖßLER, R., VALLE ZÁRATE, A. und H. MOMM (2012): Development of organization and planning in animal breeding: I. A review on breeding organization. Arch. Tierz., **55**, 402-414.

- HEROLD, P., ROESSLER, R., WILLAM, A., MOMM, H. und A. VALLE ZÁRATE (2010): Breeding and supply chain systems incorporating local pig breeds for small-scale pig producers in Northwest Vietnam. *Livest. Sci.*, **129**, 63-72.
- KEARNEY, J.F., WALL, E., VILLANUEVA, B. und M.P. COFFEY (2004): Inbreeding Trends and Application of Optimized Selection in the UK Holstein Population. *J. Dairy Sci.* **87**, 3503–3509.
- KOENIG, S. und H. SIMIANER (2006): Approaches to the management of inbreeding and relationship in the German Holstein dairy cattle population. *Livest. Sci.* **103**, 40–53.
- LANDESVERBAND THÜRINGER ZIEGENZÜCHTER E.V. (LTZ) und GESELLSCHAFT ZUR ERHALTUNG ALTER UND GEFÄHRDETER HAUSTIERRASSEN E.V. (GEH) (2014): Züchterrundschreiben 20. August 2014.
- MACCLUER, J.W., BOYCE, A.J., DYKE, B., WEITKAMP, L.R., PFENNING, D.W. und C.J. PARSONS (1983): Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *J. Hered.* **74**, 394–399.
- MEUWISSEN, T.H. (1997): Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *J. Anim. Sci.* **75**, 934–940.
- MUELLER, J.P., RISCHKOWSKY, B., HAILE, A., PHILIPSSON, J., MWAI, O., BESBES, B., VALLE ZÁRATE, A., TIBBO, M., MIRKENA, T., DUGUMA, G., SÖLKNER, J. und M. WURZINGER (2015): Community based livestock breeding programs: Essentials and examples. *J. Anim. Breed. Genet.*, **132**, 155-168.
- OLIEHOEK, P.A. und P. BIJMA (2009): Effects of pedigree errors on the efficiency of conservation decisions. *Genet. Sel. Evol.*, **41**, 9.
- OSTROM, E., (2009): A polycentric approach for coping with climate change. Policy Research Working Paper 5095, The World Bank.
- PICOT, A., DIETL, H. und E. FRANCK (2008): Organisation. Eine ökonomische Perspektive. 5. Auflage, Schäffer-Poeschel Verlag, Stuttgart.
- RINDERZUCHT AUSTRIA (2016): Neue Zuchtziele in der Rinderzucht. Fit, vital und leistungsstark in die Zukunft. ZAR-Seminar 2016, Tagungsband, <https://zar.at/Downloads/ZAR-Seminar.html> (Stand: 23.01.2017).
- RÖßLER, R., HEROLD, P., WEIDELE, A. und A. VALLE ZÁRATE (2013): Definition nutzerspezifischer Zuchtziele für Braunvieh und Hinterwälder Rind in Baden-Württemberg. *Züchtungskunde*, **85**, 173-187.

SCHERF, B.D. und D. PILLING (2015): The Second Report on the State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture. FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture Assessments, Rome, <http://www.fao.org/3/a-i4787e/index.html> (Stand: 21.11.2016).

SCHIERENBECK, S. (2012): Controlling of dairy cattle breeding programs. Dissertation, Georg-August-Universität Göttingen, <https://ediss.uni-goettingen.de/handle/11858/00-1735-0000-0006-AB42-8> (Stand: 27.01.2017).

SCHULTE-COERNE, H. (2015): Empfehlungen des Fachbeirats zu Erhaltungszuchtprogrammen – wesentliche Inhalte und Ziele. Workshop „Umsetzung der Empfehlungen des Fachbeirats Tiergenetische Ressourcen zu Erhaltungszuchtprogrammen“, 9. Dezember 2015, Mariensee.

SCHULTE-COERNE, H., DEMPFLER, L., ENGELS, E.-M., ENGELS, J., FEINDT, P. H., GEROWITT, B., GRANER, A., HAMM, U., HEIßENHUBER, A., HERDEGEN, M., JANßEN, A., SCHRÖDER, S., WEDEKIND, H. und V. WOLTERS (2014): Perspektiven der staatlichen Förderung bedrohter Nutztierassen. Stellungnahme des Wissenschaftlichen Beirats für Biodiversität und Genetische Ressourcen beim Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft.

SONESSON, A.K. und T.H. MEUWISSEN (2000): Mating schemes for optimum contribution selection with constrained rates of inbreeding. *Genet. Sel. Evol.*, **32**, 231.

SONESSON, A.K. und T.H. MEUWISSEN (2002): Non-random mating for selection with restricted rates of inbreeding and overlapping generations. *Genet. Sel. Evol.*, **34**, 23–39.

SØRENSEN, M.K., SØRENSEN, A.C., BAUMUNG, R., BORCHERSEN, S. und P. BERG (2008): Optimal genetic contribution selection in Danish Holstein depends on pedigree quality. *Livest. Sci.*, **118**, 212–222.

SWALVE, H. und K. HÖVER (2003): Untersuchungen an den Ergebnissen von Holstein-Bullen und Kühen in Deutschland. *Arch. Tierz. Dummerstorf*, **46**, 113-126.

TRAON, D. (2016): Findings of the preparatory action. EU-Projekt „Preparatory action on EU plant and animal genetic resources“, Final conference Genetic Resources for EU Agriculture: Status and Vision, 9. Juni 2016, Brüssel, <http://www.geneticresources.eu/events-conferences> (Stand: 27.01.2017).

VALLE ZÁRATE, A. und A. MARKEMANN (2010): Community-based breeding programmes incorporating local breeds: Concept, research results and implementation strategy on pigs in Northern Vietnam. *Proc. 9th WCGALP*, 1.-6. August 2010, Leipzig.

- VILLANUEVA, B., WOOLLIAMS, J.A. und G. SIMM (1994): Strategies for controlling rates of inbreeding in MOET nucleus schemes for beef cattle. *Genet. Sel. Evol.*, **26**, 517- 535.
- WEIGEL, K.A. (2001): Controlling Inbreeding in Modern Breeding Programs. *J. Dairy Sci.*, **84**, *Supplement*, E177–E184.
- WEIGEL, K.A. und S.W. LIN (2000): Use of Computerized Mate Selection Programs to Control Inbreeding of Holstein and Jersey Cattle in the Next Generation. *J. Dairy Sci.*, **83**, 822–828.
- WEIGELAND, K.A. und S.W. LIN (2002): Controlling Inbreeding by Constraining the Average Relationship Between Parents of Young Bulls Entering AI Progeny Test Programs. *J. Dairy Sci.*, **85**, 2376–2383.
- WELLMANN, R., HARTWIG, S. und J. BENNEWITZ (2012): Optimum contribution selection for conserved populations with historic migration. *Genet. Sel. Evol.*, **44**, 34.
- WIGGANS, G.R., VANRADEN, P.M. und J. ZUURBIER (1995): Calculation and Use of Inbreeding Coefficients for Genetic Evaluation of United States Dairy Cattle. *J. Dairy Sci.*, **78**, 1584–1590.
- WILLAM, A. und H. SIMIANER (2011): Tierzucht – Grundwissen Bachelor. Ulmer UTB.
- WOLDU, T., MARKEMANN, A., REIBER, C., KASSEI, G.T. und A. VALLE ZÁRATE (2016): Combining revealed and stated preferences to define goat breeding objectives in Ethiopia. *Livest. Sci.*, **191**, 179-186.
- WOOLLIAMS, J.A., BERG, P., DAGNACHEW, B.S. und T.H. MEUWISSEN (2015): Genetic contributions and their optimization. *J. Anim. Breed. Genet.*, **132**, 89–99.
- WRAY, N. und M. GODDARD (1994): Increasing long-term response to selection. *Genet. Sel. Evol.*, **26**, 431–451.
- ZÜCHTERVEREINIGUNG LIMPURGER RIND E.V. (2013): EU: Weideochse vom Limpurger Rind als geschützte Ursprungsbezeichnung (g.U.) eingetragen. <http://www.limpurger-rind.de> (Stand: 21.11.2016).

Kapitel 2

Advanced Optimum Contribution Selection as a tool to improve regional cattle breeds – a feasibility study for Vorderwald cattle

S. Kohl¹, R. Wellmann¹, P. Herold^{2, a}

¹ *University of Hohenheim, Animal Genetics and Breeding (460g), Garbenstr. 17, 70599 Stuttgart, Germany*

² *State Agency for Spatial Information and Rural Development Baden-Württemberg, Stuttgarter Str. 161, 70806 Kornwestheim, Germany*

^a *Present address: State Agency for Spatial Information and Rural Development Baden-Württemberg, Stuttgarter Str. 161, 70806 Kornwestheim, Germany (for any author of the list whose present address differs from that at which the work was done)*

Corresponding author: Sebastian Kohl. E-mail: S.Kohl@uni-hohenheim.de

Short title: Advanced Optimum Contribution Selection for cattle

Publication: Animal (2020) 14, 1-12, doi:10.1017/S1751731119001484

Abstract

In the middle of the 20th century increasing inbreeding rates have been identified as a threat to livestock breeding. Consequences are reduced fertility and fitness, as well as phenotypic expression of lethal alleles. An important step was the introduction of Optimum Contribution Selection (OCS) by Meuwissen (1997). OCS facilitates simultaneous management of genetic gain and inbreeding rates. However, using a standard OCS methodology in regional breeds with historical introgression for upgrading reasons, could lead to reinforced selection on introgressed genetic material, since it is favourable for genetic gain as well as for reducing the average kinship to the population (Wellmann et al., 2012). Consequently, regional breeds may become genetically extinct by using a standard OCS approach. Thus, an advanced OCS (aOCS) approach by Wellmann (2017) takes introgressed genetic material into account. Major goals of this study were (I) to gather key information for feasibility of aOCS under practical conditions of the actual breeding scheme of Vorderwald cattle, (II) to identify superior strategies for realization in the actual scheme and (III) to examine whether historical breeding decisions, to increase genetic gain by introgression of commercial breeds, could have been avoided by using aOCS. Stochastic simulations of this study were designed to create populations, out of the gene pool actually available in former times, by using aOCS. Simultaneously, all practical constraints of a breeding scheme were met. Thus, simulated populations are comparable with real data. Annual genetic gain was highest in reality (1.56) compared to simulation scenarios (1.12 - 1.40). Introgressed genetic material increased to 61.3 % in reality, but was conserved at a final value of 15.3 % (± 0.78) across simulations. The classical rate of inbreeding and rate of native inbreeding (Wellmann et al., 2012) were constraint to 0.092 % on an annual basis. This is equal to effective population sizes of 100, respectively. Observed values for both rates of inbreeding were 0.082 - 0.087 % and 0.087 - 0.088 % for classical and native kinship, respectively. The corresponding figures in reality were 0.067 % and 0.184 %, respectively. This study proves that aOCS is feasible for Vorderwald cattle. Strategies for implementation have been identified. Finally, we conclude that historical breeding decisions could have been avoided by using aOCS. Genetic gain would be reduced by at least 12.2 %, but introgressed genetic material, genetic diversity and native genetic diversity would be more convenient for a breed under conservation.

Keywords: Migrant Contribution, Native Contribution, Native kinship, Simulation, Regional breed

Implications

Actually, Vorderwald cattle has an extremely high proportion of introgressed genetic material of 61.3 %. The breeding organisation of Vorderwald cattle is aware of that and wants to conserve the remaining native genetic material and consolidate the breed. Economical disadvantages of a breed contribute to the probability of extinction. Thus, advanced OCS seems to be the method of choice to retain native genetic material, genetic diversity and native genetic diversity, meanwhile achieving a moderate rate of genetic gain to reduce that risk.

Introduction

In the middle of the 20th century increasing inbreeding rates have been identified as a threat to livestock breeding. Inbreeding rates (ΔF) were almost unsupervised while the main aim was to maximize genetic gain (ΔG). Consequences are reduced fertility and fitness as well as phenotypic expression of lethal alleles. Management of ΔF and possibilities for their reduction have been widely discussed. Since its invention, Optimum Contribution Selection (OCS) has been the gold standard to maximize ΔG while restricting ΔF to predefined levels (Meuwissen, 1997a; Meuwissen and Sonesson, 1998). Several authors confirmed the superiority of OCS over Truncation Selection (Sonesson and Meuwissen, 2000; Weigel, 2001; Avendaño et al., 2003a; Kearney et al., 2004; Koenig and Simianer, 2006; Gandini et al., 2014). Other authors have shown that introgression of commercial breeds endangers the originality of regional breeds (Hartwig et al., 2014a). In breeds with historical introgression, a standard OCS approach would lead to reinforced selection on introgressed alleles, since carriers of introgressed alleles are less related to the population and superior in terms of breeding values (Wellmann et al., 2012). Consequently, regional breeds may become genetically extinct, by using a standard OCS method. This is why Wellmann et al. (2012) developed an advanced OCS (aOCS) method. Advanced OCS facilitates simultaneous management of ΔG , ΔF , rate of native inbreeding (ΔF_{nat}) (Wellmann et al., 2012) and introgressed genetic material, i.e. Migrant Contributions (MC). In breeds under conservation, the major goals are originality, genetic diversity and uniqueness. At the same time, those breeds have economic disadvantages compared to commercial breeds. However, profitability of a breed will contribute to its chances of conservation (Meuwissen, 2009). This is why aOCS is of great interest for breeds under conservation. Basic research on appropriate exploitation of aOCS procedures has already been carried out (Wellmann et al., 2012; Wang et al., 2017a; b). Thus, this study will examine the possibilities of implementing aOCS in the actual breeding scheme of Vorderwald cattle, as a model population with historical

introgression. Our aim was a comparison with real data. Hence, a simulation study was carried out, based on a breeding population that was actually available in former times. Advanced OCS was designed to maximize ΔG under side constraints. A young sire breeding scheme was designed for stochastic simulations. Similar schemes have been modelled by Gandini et al. (2014). Various annual flows of replacement of proven sires (*FoR-strategy*) will be examined, assuming that this should have an impact on ΔG (Gandini et al., 2014). Additionally, we tested whether the extent of progeny testing of mature bulls (*PT-strategy*) has an impact on ΔG (Gandini et al., 2014) while applying aOCS. All simulation scenarios were carried out for overlapping generations. Major goals of this study were (I) to gather key information for feasibility of aOCS under practical conditions of the actual breeding scheme of Vorderwald cattle, (II) to identify a superior combination of *FoR-strategy* and *PT-strategy* for realization in the actual scheme and (III) to examine, whether historical breeding decisions, to increase ΔG by introgression of commercial breeds, could have been avoided by using aOCS.

Material and methods

Base population

The raw dataset, provided by the State Agency for Spatial Information and Rural Development Baden-Württemberg, consisted of 348,020 individuals with information on sex, breed, date of birth and estimated breeding values (*EBV*) for the total merit index (*TMI*). In Germany, *EBVs* are standardized with mean 100 and a genetic standard deviation of 12. We processed the raw dataset for individuals with known *EBVs* and at least 3 equivalent complete generations (MacCluer et al., 1983). Pruning the raw dataset for these individuals resulted in a pedigree of 94,457 individuals, born between 1938 - 2014. Individuals with unknown pedigree and born before 1970, were defined as native founders with a *MC* of 0 %. Individuals from foreign breeds or with unknown pedigree and born after 1970, were defined as migrant founders with a *MC* of 100 %. This assumption is based on results of Hartwig et al. (2014). Their results prove that heavy introgression of foreign breeds to Vorderwald cattle started in 1970. After defining native and migrant founders, *MC* was calculated with *optiSel* (Wellmann, 2017) for all individuals included in the pedigree. The resulting pedigree was used for population analyses of the real population. To start the simulation process with the breeding population that was available at 1984, the real pedigree was cropped at that point of time.

General Simulation process

The simulation process is visualized in Figure 1. Birth cohorts of 1985 – 2014 consisted of 3,512 individuals on average. Thus, the simulation process was modelled to create 3,512 progeny per iteration, to create a comparable population. The simulation process was carried out for 30 iterations to reflect 30 years in reality. In iteration 1 and 2, there was a lack of male descendants for restock of proven sires (Figure 1). The cropped pedigree included solely proven sires and the first fictitious male descendants cannot be assumed to be mature yet. This is why we subdivided the process in 2 stages. *Stage 1* was carried out for 2 iterations to create fictitious male descendants. Fictitious males of the first iteration were assumed to be mature in iteration 3 (iteration 1 – pregnancy of dam; iteration 2 – rearing). Hence, *Stage 2* comprises an additional section to visualize selection of mature bulls and subsequent progeny testing. *Stage 2* was carried out for the missing 28 iterations. Both stages were carried out for overlapping generations. Each step of the iterative simulation procedure will be described in separate sections in the following (cr. Figure 1).

Sampling of breeding candidates

Each iteration of the simulation process started with sampling of additional individuals to be labelled as deceased. This was modelled to facilitate a realistic deployment of females. Sampling depended on an age distribution that reflects the demography of a cattle population and was carried out for concrete birth cohorts of one year. Birth cohort B_t consisted of all individuals born in the latest iteration t . Sampled living females belonged to birth cohorts $B_t - B_{t-8}$. Subsequently, dams were defined as breeding candidates in birth cohorts $B_{t-1} - B_{t-8}$. Available proven sires belonged to birth cohorts $B_{t-3} - B_{t-14}$, assuming that those were progeny tested and had to produce semen before deployment in the broad population.

Schematic structure of the simulation process

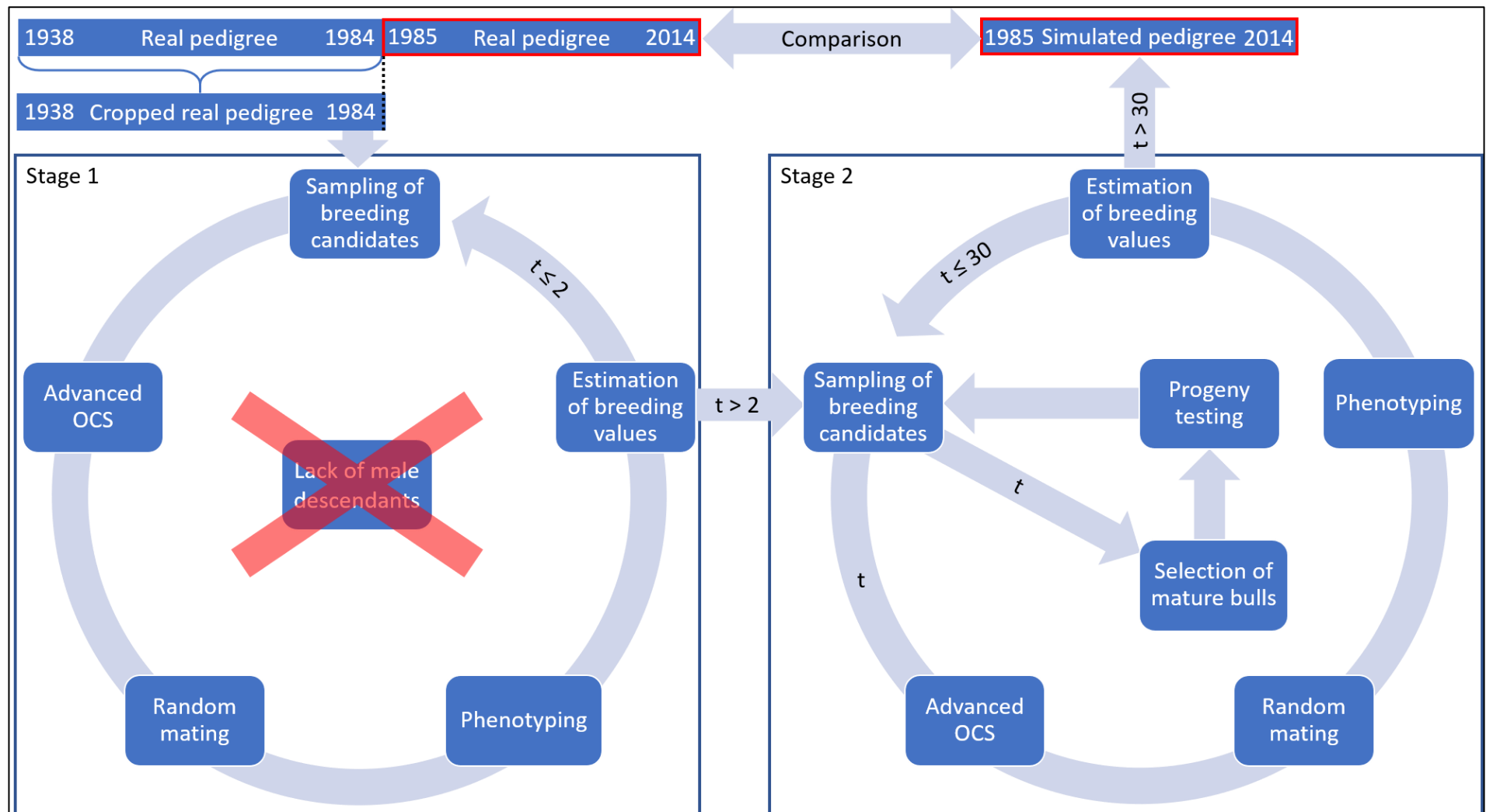


Figure 1 To start the simulation process, the available base population in 1984 was derived by cropping the real pedigree at that point of time. The simulation process was carried out for 30 iterations, equaling 1 year in reality. Thus, a fictitious pedigree was created, comparable to real data.

Advanced OCS

Advanced OCS is implemented in the open source *R* package *optiSel* (Wellmann, 2019) and allows for simultaneous management of ΔG , ΔF , ΔF_{nat} and MC (Wang, Bennewitz, and Wellmann 2017; Wellmann, Hartwig, and Bennewitz 2012). Advanced OCS was solely used for selection of proven sires for deployment in the broad population. The result of an aOCS approach for overlapping generations is a vector c with genetic contributions c_{it} of each individual i to the next birth cohort t . The genetic contribution of each individual i cannot be negative, i.e. $c_{it} \geq 0$. This is a general constraint of OCS approaches. As a second constraint, genetic contributions of each sex equal 0.5, since the proportion of genes of diploid species originate half from sires and half from dams, i.e. $c_t's = 0.5$ and $c_t'd = 0.5$, where s and d are indicative vectors of sex (0/1). Due to the limited number of progeny per cow and year, female contributions were forced to be equal, i.e. $c_t'd_1 = c_t'd_2 = \dots = c_t'd_n$. Since we face a breeding scheme with a substantial amount of natural service (50.2 %), the maximum genetic contribution per sire and year was forced to not exceed 0.05, i.e. $c_{it} \leq 0.05$. As a result, the aOCS procedure selected at least 10 sires per year (i.e. $c_t's / 10 = 0.05$) to satisfy the population under natural mating. According to the absolute number of progeny per birth cohort, a single sire could service a maximum of 351 females on an annual basis ($3,512 / 10 \approx 351$). As objective function, aOCS was designed to maximize ΔG by maximizing $c_{it}'EBV$, where EBV is a vector of $EBVs$ of selection candidates. The maximization of $c_{it}'EBV$ was done under constraints. Effective population sizes of 50 – 100 have been suggested in literature, to keep a breed vital in the long-term (Meuwissen, 2009). Thus, we chose an N_e and a native effective population size ($N_{e(nat)}$; (Wellmann, 2017)) of 100 to restrict ΔF . We calculated ΔF for overlapping generations per year as

$$\Delta F = \frac{1}{2 * N_e * L} = 0.092 \%,$$

where L is the generation interval of 5.41 (Hartwig et al., 2013). The first constraint of the aOCS procedure was defined as an upper bound for average classical kinship in birth cohort $t+1$:

$$ub.classKin_{t+1} = \emptyset classKin + (t - 1983) * \Delta F,$$

where $\emptyset classKin$ is the average classical kinship of living individuals in 1984 (0.017), sampled by the age distribution of the simulation process, and t is the year of optimization. We calculated ΔF_{nat} for overlapping generations as

$$\Delta F_{nat} = \frac{1}{2 * N_{e(nat)} * L} = 0.092 \%,$$

per year.

The second constraint of the aOCS procedure was defined as an upper bound for kinship at native alleles in birth cohort $t+1$:

$$ub.natKin_{t+1} = \emptyset natKin + (t - 1983) * \Delta F_{nat},$$

where $\emptyset natKin$ is the average kinship at native alleles of living individuals in 1984 (0.019). Based on pedigree data, MC is the expected percentage of introgressed alleles carried by an individual i . MC was managed by introducing an additional upper bound for average MC of the next birth cohort $t+1$:

$$ub.MC_{t+1} \leq \emptyset MC_t,$$

where $\emptyset MC_t$ is the average MC of breeding candidates in year t . Computation of genetic parameters MC , $classKin$ and $natKin$ was carried out by *optiSel*. Estimated optimum contributions of sires were allocated randomly across females (cr. Figure 1; “Random mating”), since selection of dams is a key competence of breeders.

Phenotyping

Phenotypes were allocated to females when those belonged to birth cohort B_{t-2} , assuming a performance test at their first lactation. The phenotype of female i was defined as its true breeding value TBV_i , plus an environmental effect. As TBV s are unknown in reality, we assumed EBV s at 1984 to be true ($EBV_{1984} = TBV_{1984}$, where EBV_{1984} was a vector of EBV s of individuals in 1984 and TBV_{1984} was a corresponding vector of TBV s):

$$Phenotype_i = TBV_i + E_i$$

The environmental effect followed a normal distribution:

$$E_i \sim N\left(0, VA_t * \left(\frac{1 - h^2}{h^2}\right)\right),$$

with VA_t being the additive genetic variance assessed through mean inbreeding of the population at time t ($\emptyset F_t$):

$$VA_t = \emptyset F_t * 12^2$$

Vorderwald cattle is a dual-purpose breed with emphasis on milk yield and fitness. The actual breeding objective comprises performance traits with 44 %, 44 % and 12 % for milk yield, fitness and meat production, respectively. According to documentations about historical breeding decisions in Vorderwald cattle (Bussemer et al., 1996), we derived the historical breeding objective. In 1965, this was solely comprised of performance in milk yield and meat production. For 1996, the objective was explained to be 5,000 Kg milk per cow and year, 4.0 % milk fat and 3.6 % milk protein in 1996 (Bussemer et al., 1996). In comparison with the actual breeding objective, we concluded that the direction of selection has been amended

towards fitness, to the disadvantage of meat production. We hypothesized a *TMI*, based on an individual's own performance, that is equivalent to a simulated trait with a heritability of $h^2 = 0.25$. This should be in favour of realized h^2 in reality, since the historical breeding objective comprised no fitness traits. Those are known to be less heritable, compared to performance traits in meat production of cattle (Knapp and Nordskog, 1946; Utrera, 2004; Andersen-Ranberg et al., 2005). The *TBV*s of individuals in ongoing iterations were estimated with:

$$TBV_i = 0.5 TBV_{Sire\ i} + 0.5 TBV_{Dam\ i} + MS_i,$$

where $TBV_{Sire\ i}$ is the true breeding value of the sire and $TBV_{Dam\ i}$ is the true breeding value of the dam of individual i . MS_i represents the mendelian sampling term of individual i , chosen from a normal distribution:

$$MS_i \sim N(0, 0.5 * VA_t).$$

Estimation of breeding values

Estimation of breeding values was carried out with *asReml* (Butler, 2009). The mixed linear model was:

$$y_i = \mu + a_i + e_i,$$

where y_i is the phenotype of individual i , μ is the intercept which was modelled as a fixed effect, a_i is the random animal effect, which equals the *TBV* of individual i , and e_i is the environmental effect for individual i . A breeding value estimation was implemented in simulations to enable changes in *EBVs*, due to increasing accuracies (r) over time. Otherwise, results would be incomparable with real data.

Selection of bull calves (exclusively Stage 2)

Bull calves were selected as candidates for progeny testing in birth cohort B_t . Selection was limited to male descendants of 10 sires with the highest optimum contributions in iteration $t-1$. Selection was done by truncating the best 1, 3 or 5 half-brother/s per sire, on the basis of *EBVs*. In this part, *aOCS* was omitted as discussed later on (cr. *Discussion - aOCS scenarios*). As a result, we examined 3 strategies for flows of replacement (*FoR-strategy*) of proven sires with 10, 30 or 50 young sires for annual restock (*FoR10-*, *FoR30-* and *FoR50-strategy*, respectively).

Progeny testing (exclusively Stage 2)

We assumed bull calves to become mature at the end of B_t . Thus, those were progeny tested in B_{t-1} . Matings for progeny testing were allocated randomly across female candidates belonging to $B_{t-2} - B_{t-8}$. We examined 3 strategies for annual progeny testing of young bulls (*PT-strategy*) with 300, 600 or 900 matings for progeny testing in total (*PT300-*, *PT600-* and *PT900-strategy*, respectively). Combining *FoR-strategies* and *PT-strategies*, resulted in 9 different scenarios of the simulation process as shown in Table 1. Subsequently, young sires got available for deployment in the broad population when those belonged to B_{t-4} .

Genetic gain

For comparison of simulation scenarios and reality, we defined ΔG as the average annual improvement in mean *EBVs* of birth cohorts within a given time period of n years:

$$\Delta G_{t - (t+n)} = \frac{\emptyset EBV_{t+n} - \emptyset EBV_t}{n},$$

where $\emptyset EBV_t$ is the average *EBV* of a given birth cohort t averaged over 5 replicates. To verify average value differences, we performed a *two-factorial ANOVA* and a *Tukey HSD test*. Response variable was $\Delta G_{1984 - 2014}$. We assumed the *FoR-strategy* and *PT-strategy* as factor variables.

Rates of inbreeding

For a better understanding of time specific developments, we defined ΔF and ΔF_{nat} in a given time period of n years, averaged over 5 replicates as

$$\Delta F_{t - (t+n)} = \frac{\emptyset classKin_{t+n} - \emptyset classKin_t}{n}$$

and

$$\Delta F_{nat(t - (t+n))} = \frac{\emptyset natKin_{t+n} - \emptyset natKin_t}{n}$$

Migrant Contribution

Furthermore, we defined ΔMC as the average annual increase in mean *MC* of birth cohorts within a given time period of n years:

$$\Delta MC_{t - (t+n)} = \frac{\emptyset MC_{t+n} - \emptyset MC_t}{n},$$

where $\emptyset MC_t$ is the average *MC* of a given birth cohort t averaged over 5 replicates.

Number of deployed sires

Since natural service is the dominating reproduction path in Vorderwald cattle, the number of annually deployed sires will influence the feasibility of a breeding scheme. This is why we will give an average number of annually deployed sires for each scenario as

$$\emptyset Sires_{1984-2013} = \frac{\sum_{1984}^{2013} \emptyset Sires_t}{29},$$

Where $\emptyset Sires_t$ is the average number of deployed sires in a given year t averaged over 5 replicates.

Results

Restricted parameters

With regard to a feasibility study that considers practical conditions there was marginal variation in values of constraint parameters MC , $classKin$ and $natKin$ (cr. Table 1 for SDs). Hence, results will be visualized exemplarily for scenario *For30 + PT300*. The Development of mean MC in birth cohorts is shown in Figure 2. In reality, $\Delta MC_{1984-1996}$, $\Delta MC_{1996-2005}$, $\Delta MC_{2005-2014}$ and $\Delta MC_{1984-2014}$ were 0.73 %, 2.0 %, 0.88 % and 1.15 %, respectively. Between 1984 to 2005, MC increased by 27.3 %, since $\Delta MC_{1996-2005}$ was 2.7- and 2.3-fold higher compared to $\Delta MC_{1984-1996}$ and $\Delta MC_{2005-2014}$, respectively. In simulation scenarios, $\Delta MC_{1984-1985}$ was -14.8 % (± 0.0004) across all scenarios, reducing MC_{1985} to 11.8 % (± 0.0004). Subsequently, MC was conserved at a final value of 15.3 % (± 0.78) (cr. Table 1 for values of specific scenarios). As a result, $\Delta MC_{1984-2014}$ was -0.38 %.

Development of Migrant Contribution in birth cohorts

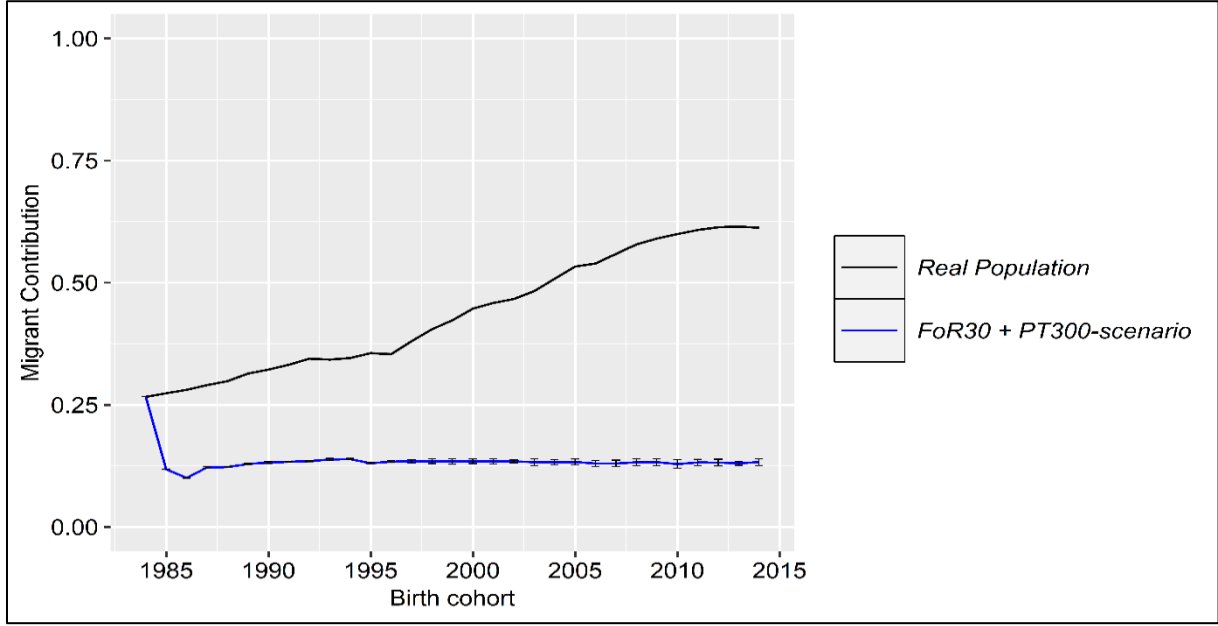


Figure 2 We examined 9 different scenarios. Those depended on combinations of strategies for flow of replacement of sires (FoR-strategy) and number of matings to test young sires for restock (PT-strategy). Presented graphs visualize mean Migrant Contribution (MC) of birth cohorts in the real population (black) and simulated populations averaged over 5 replicates with SD (blue). Development of MC varied virtually negligible across simulation scenarios (Table 1). Thus, results are presented exemplarily for the FoR30 + PT300-scenario (30 young sires for restock with 300 matings for progeny testing, annually) to ensure a clearer presentation.

The development of *classKin* and *natKin* is visualized in Figure 3. *ClassKin* developed with an irregular pattern in the real population; $\Delta F_{1984-1996}$, $\Delta F_{1996-2005}$ and $\Delta F_{2005-2014}$ was 0.09 %, - 0.008 % and 0.13 %, respectively. Overall, $\Delta F_{1984-2014}$ was 0.067 %. On the other hand, *natKin* increased steadily with a $\Delta F_{nat(1984-2014)}$ of 0.184 %. Across all simulation scenarios, *classKin* and *natKin* decreased in 1985 with a $\Delta F_{1984-1985}$ of - 0.2 % and a $\Delta F_{nat(1984-1985)}$ of - 0.05 %. In subsequent iterations both values increased linearly with a $\Delta F_{1984-2014}$ of 0.082 – 0.087 % and a $\Delta F_{nat(1984-2014)}$ of 0.087 – 0.088 %. Constraints for inbreeding rates (*ub.classKin* and *ub.natKin*) and corresponding developments in *classKin* and *natKin* in simulation scenarios are visualized in Figure 4. Approximately, $\Delta F_{nat(1984-2014)}$ (0.087 - 0.088 %) met *ub.natKin* (0.092 %). However, $\Delta F_{1984-2014}$ was lower (0.082 - 0.087 %) across all scenarios, meanwhile being constrained to the same value (*ub.classKin* = 0.092 %).

Development of classical and native kinship in populations

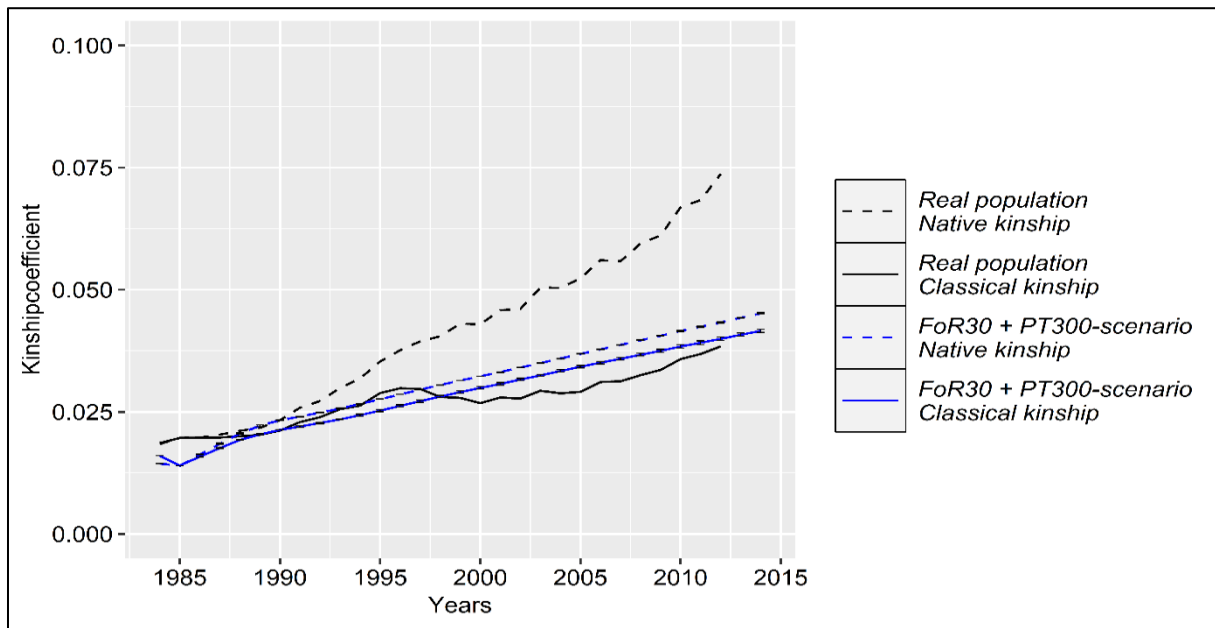


Figure 3 We examined 9 different scenarios. Those depended on combinations of strategies for flow of replacement of sires (FoR-strategy) and number of matings to test young sires for restock (PT-strategy). Presented graphs visualize mean classical kinship coefficient (classKin, solid lines) and native kinship coefficient (natKin, dashed lines) of birth cohorts in real population (black) and simulated populations averaged over 5 replicates with SD (blue). Development of classKin and natKin varied virtually negligible across simulation scenarios (Table 1). Thus, results are presented exemplarily for scenario FoR30 + PT300 (30 young sires for restock with 300 matings for progeny testing, annually) to ensure a clearer presentation.

Development of classical and native kinship with corresponding upper bounds

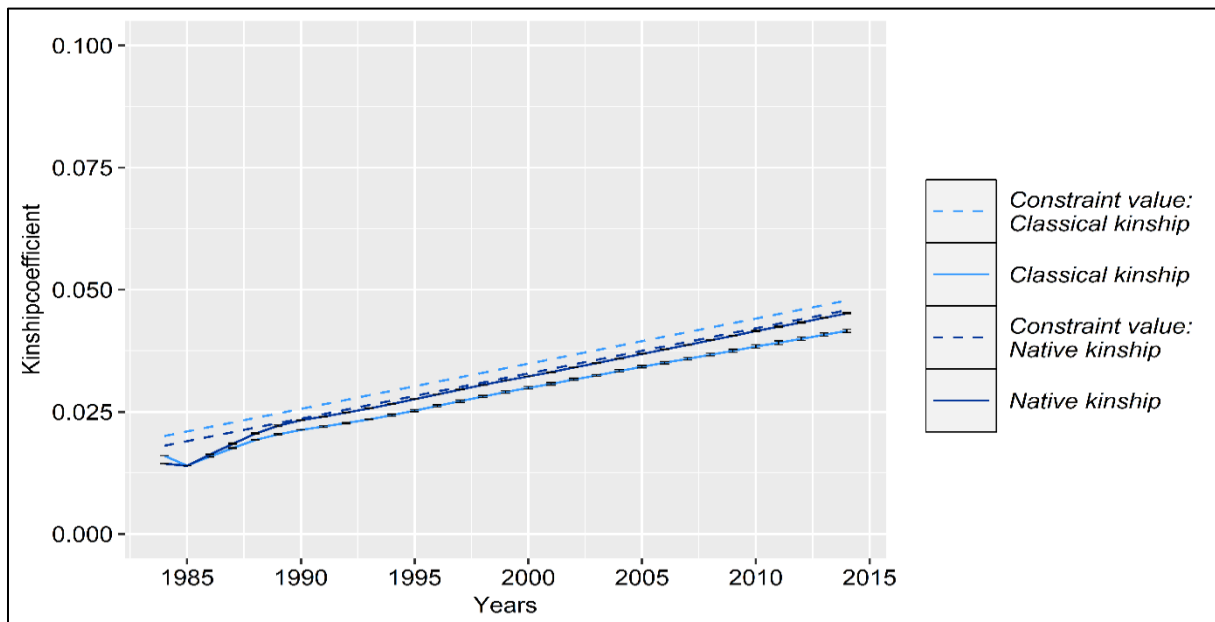


Figure 4 Average classical kinship coefficient (classKin, light blue) and native kinship coefficient (natKin, dark blue). Dashed lines represent corresponding upper bounds in respective iterations. Development of classKin and natKin varied virtually negligible across simulation scenarios (Table 1). Thus, results are presented exemplarily for scenario FoR30 + PT300 (30 young sires for restock with 300 matings for progeny testing, annually) to ensure a clearer presentation.

Genetic gain

Development of ΔG is visualized in Figure 5. Differences in ΔG were not significant across *PT-strategies* ($p = 0.29$). Thus, ΔG is exclusively visualized for scenarios with fewest number of matings for progeny testing (i.e. *PT300-strategy*). In reality, $\Delta G_{1984-2014}$ was highest (1.56), with $\Delta G_{1984-1997}$, $\Delta G_{1997-2006}$ and $\Delta G_{2006-2014}$ of 1.21, 2.26 and 1.36, respectively. All scenarios of the simulation show a strong increase in $\Delta G_{1984-1985}$ (8.8 ± 0.1). Thereafter, ΔG develops almost linearly. Values for $\Delta G_{1984-2014}$ (1.12 – 1.40) of specific scenarios are presented in Table 1. The impact of *FoR-strategies* on ΔG is significant with $p = 3 \cdot 10^{-16}$. Results of the *Tukey HSD test* on *FoR-strategies* averaged over *PT-strategies* are visualized in Figure 6 and presented in Table 1. $\Delta G_{1984-2014}$ of *FoR10-scenarios* (1.12 – 1.18) was significantly inferior ($p = 0.05$) to *FoR30-scenarios* (1.35 – 1.37) and *FoR50-scenarios* (1.35 – 1.40).

Development of genetic gain in reality and different simulation scenarios

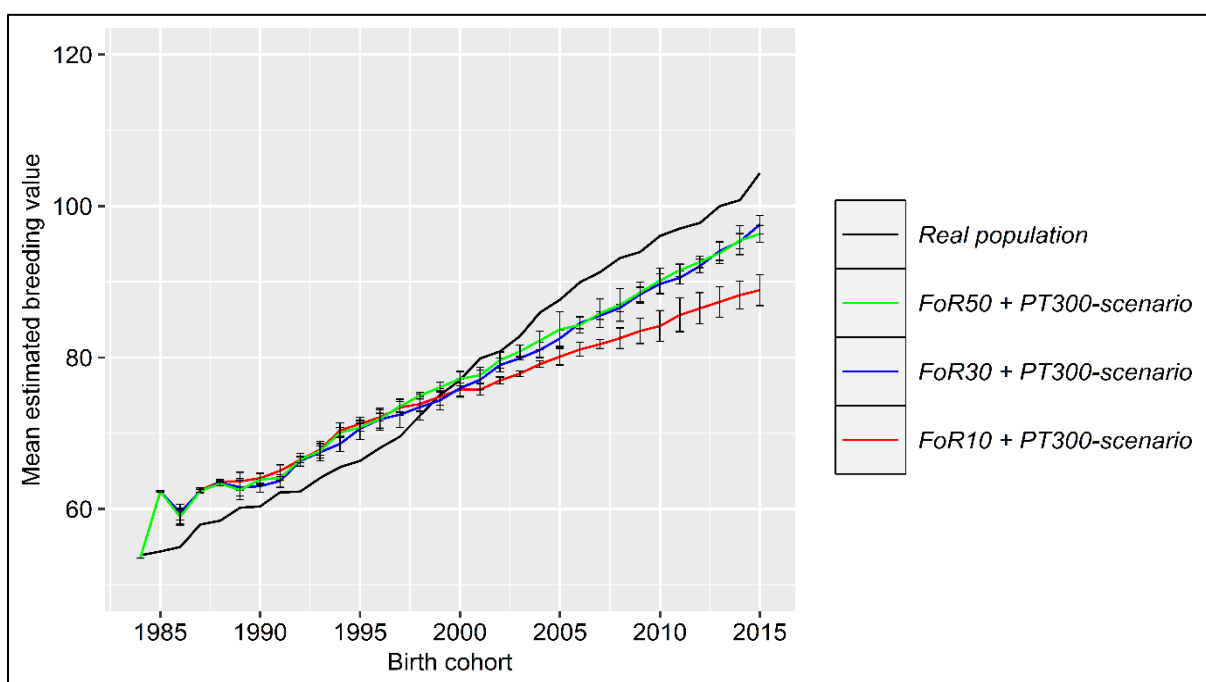


Figure 5 We examined 9 different scenarios. Those depended on combinations of strategies for flow of replacement of sires (FoR-strategy) and number of matings to test young sires for restock (PT-strategy). Graphs visualize the development of mean estimated breeding value (EBV) for the Total Merit Index (TMI) of birth cohorts. Differences were not significant across PT-strategies (Table 1). Thus, graphs are presented for scenarios with the lowest number of matings for progeny testing (300 in total), but various numbers of young sires for annual restock of proven sires (50, 30 or 10; coloured) and real population (black). Results were averaged over 5 replicates. Graphs include SDs.

Average annual genetic gain over 30 iterations of the simulation process

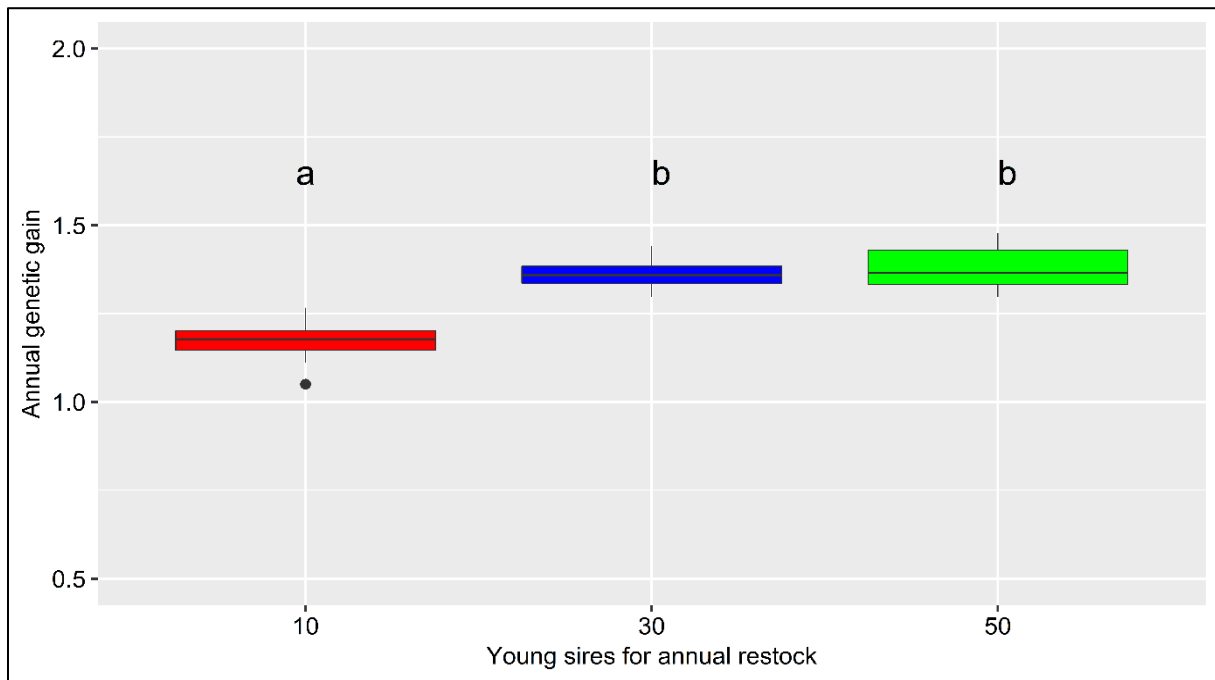


Figure 6 Boxplot of annual genetic gain, measured as improvement in mean estimated breeding values (EBVs) for the Total Merit Index (TMI) among birth cohort B1984 (starting point of simulation) to birth cohort B2014 (end point of simulation). Different colours indicate different flows of replacement of proven sires, with levels of 10, 30 or 50 young sires for annual restock (FoR10, FoR30 and FoR50 strategy, respectively). Additionally, 3 strategies for progeny testing of young sires were examined, with levels of 300, 600 or 900 matings for progeny testing in total (PT300, PT600 and PT900 strategy, respectively). Results of different FoR strategies were averaged over PT strategies, with 5 replicates per strategy combination. Different letters indicate significant differences at $p < 0.01$.

Deployed proven sires

Numbers for $\emptyset\text{Sires}_{1984-2013}$ are presented in Table 1. Across all simulations $\emptyset\text{Sires}_{1984-2013}$ varies between 53.2 - 72.7. In reality, 77.9 ± 30.2 sires were annually deployed.

Discussion

The discussion will cover an analysis of performance and limitations of the given aOCS procedure in connection with the designed young sire breeding scheme. Subsequently, simulation scenarios will be compared in terms of ΔG , MC , $classKin$ and $natKin$. First ideas for improvements in the actual breeding scheme of Vorderwald cattle will be derived. Furthermore, a comparison of simulation scenarios with real data will identify opportunities and limitations of implementation of aOCS and clarify whether historical breeding decisions could have been avoided. Subsequently, we will decide for superior scenarios and give ideas for practical implementation in a young sire breeding scheme. Finally, we will discuss efforts of adding genomic information to *optiSel*. SDs of all parameters (MC , ΔG , ΔF and ΔF_{nat}) were marginal. Thus, our study was based on merely 5 replicates per scenario.

Table 1 Different simulation scenarios are explained by a combination of flow of replacement of sires (*FoR-strategy*) and extent of progeny testing of young sires (*PT-strategy*).

Scenarios	FoR^1	PT^2	PT/YS	n	ΔG^3	ΔF	ΔF_{nat}	MC_{2014}	$\emptyset Sires$
Reality	$\approx 2 - 3^4$	$\approx 250 - 300$	$\approx 50 - 60^5$	1	1.56	0.067	0.184	61.3	77.9 ± 30.2
For10 + PT300	10	300	30	5	$1.12^A \pm 0.06$	0.084 ± 0.002	0.088 ± 0.0003	14.3 ± 0.8	60.3 ± 11.5
For10 + PT600	10	600	60	5	$1.15^A \pm 0.07$	0.087 ± 0.004	0.088 ± 0.0003	15.4 ± 1.8	53.6 ± 10.7
For10 + PT900	10	900	90	5	$1.18^A \pm 0.05$	0.086 ± 0.002	0.088 ± 0.0004	16.5 ± 1.0	53.2 ± 10.3
For30 + PT300	30	300	10	5	$1.35^B \pm 0.03$	0.082 ± 0.001	0.087 ± 0.0005	13.2 ± 0.7	67.9 ± 14.0
For30 + PT600	30	600	20	5	$1.37^B \pm 0.04$	0.084 ± 0.001	0.087 ± 0.0002	15.2 ± 0.7	66.2 ± 13.5
For30 + PT900	30	900	30	5	$1.36^B \pm 0.05$	0.084 ± 0.001	0.087 ± 0.0002	16.1 ± 0.7	57.1 ± 13.5
For50 + PT300	50	300	6	5	$1.35^B \pm 0.06$	0.085 ± 0.001	0.087 ± 0.0001	13.7 ± 0.5	72.7 ± 18.3
For50 + PT600	50	600	12	5	$1.40^B \pm 0.05$	0.085 ± 0.002	0.087 ± 0.0003	14.8 ± 0.8	64.4 ± 14.5
For50 + PT900	50	900	18	5	$1.37^B \pm 0.06$	0.085 ± 0.002	0.087 ± 0.0001	15.4 ± 0.8	56.9 ± 13.1

Scenarios = Different scenarios are explained by combinations of *FoR-strategy* and *PT-strategy*; *FoR* = Annual flow of replacement of sires; *PT* = Extent of progeny testing of young sires; *PT/YS* = Matings for progeny testing per young sire; n = Replicates per scenario; ΔG = Annual genetic gain, measured as improvement in mean estimated breeding values (*EBVs*) for the Total Merit Index (*TMI*) among birth cohorts $B_{1984} - B_{2014}$; ΔF = Rate of Inbreeding for overlapping generations in %; ΔF_{nat} = Rate of native Inbreeding for overlapping generations in %; MC_{2014} = Average Migrant Contribution of birth cohort 2014 as final value; $\emptyset Sires$ = Average number of deployed sires per iteration among birth cohorts $B_{1984} - B_{2013}$;

¹ Three different *FoR-strategies* were examined with 10, 30 or 50 young sires for restock of proven sires per year.

² Three different *PT-strategies* were examined. These were 300, 600 or 900 matings for progeny testing of all young sires in total.

³ Genetic gain was defined as the annual improvement in mean *EBV* of birth cohorts.

⁴ According to personal communication (Dr Franz Maus, February 22, 2018).

⁵ According to (Hartwig et al., 2013).

^{A, B} Different superscripts label significantly different values at $p < 0.01$ in terms of *FoR-strategies*.

Breeding schemes

The actual breeding scheme of Vorderwald cattle is illustrated in Figure 7. All figures are long-term averages of the last 10 years (Dr Franz Maus, personal communication, February 22, 2018). The active breeding population consists of 6,300 dams in total. However, 3,160 dams are serviced naturally by 80 unproven sires and 3,140 dams are serviced by artificial insemination by 10 proven sires. Thus, assuming an even distribution of born males and females 3,150 bull calves are born in the broad population. Out of those 3,150 bull calves, 42 bull calves are selected for a performance test on station. Selection is done by the breeding director on the basis of pedigree-based *EBVs* (Dr Franz Maus, personal communication, February 26, 2019). Subsequently, 37 of the 42 young bulls do not have sufficient performances to justify a progeny test. However, those replace the sires for natural mating without passing a progeny test. Additionally, 40 young bulls for replacement of sires for natural mating originate from field testing. Field testing involves measurement of daily gain and a rating of conformation. As a result, 5 young bulls have sufficient performances on station to justify a progeny test. Subsequently, 2 - 3 out of those 5 young bulls successfully pass the progeny test and get available for restock of proven sires for artificial insemination in the broad population. A time frame of usage of proven sires for artificial insemination is not clearly defined. Young sires that do not pass the progeny test successfully (2 - 3) will restock sires for natural mating. Directed mating is planned, but has not been introduced yet. Gandini et al. (2014) carried out stochastic simulations on basis of young sire breeding schemes and similar population sizes (500 – 6,000 dams) “according to criteria of the European Commission” (Gandini et al., 2004) on “population sizes of local dairy cattle breeds designated as endangered”. Their simulations were carried out by implementing a standard OCS strategy. The breeding scheme for stochastic simulations of our study was based on the actual Vorderwald cattle population and used the young sire breeding schemes of Gandini et al. (2014) as a template. The first major difference of both modelled schemes is the existence of progeny testing of young bulls in our study (*PT-strategies*). This has been reported to have an impact on ΔG (Meuwissen and Sonesson, 1998). Additionally, *FoR-strategies* should have an impact on ΔG (Gandini et al., 2014). Thus, we examined 3 *FoR-strategies* in combination with 3 *PT-strategies*. Furthermore, Gandini et al. (2014) did not consider reasonable amounts of natural service. In comparison to the actual breeding scheme, the scheme of this study omitted performance records as additional selection criterion for young bulls. Finally, progeny testing of all selected mature bulls was a major difference, since sires for natural mating of the actual scheme do not pass a progeny test at all.

The introduction of subsidies for registered breeding animals of Vorderwald cattle provoked heavy registration in the herdbook in recent years. Thus, a breeding population of 6,300 dams (Figure 7) was established. Since all dams are registered breeding animals, a nucleus is non-existent. This is why we did not consider a breeding scheme based on a nucleus.

Actual Breeding scheme of Vorderwald cattle

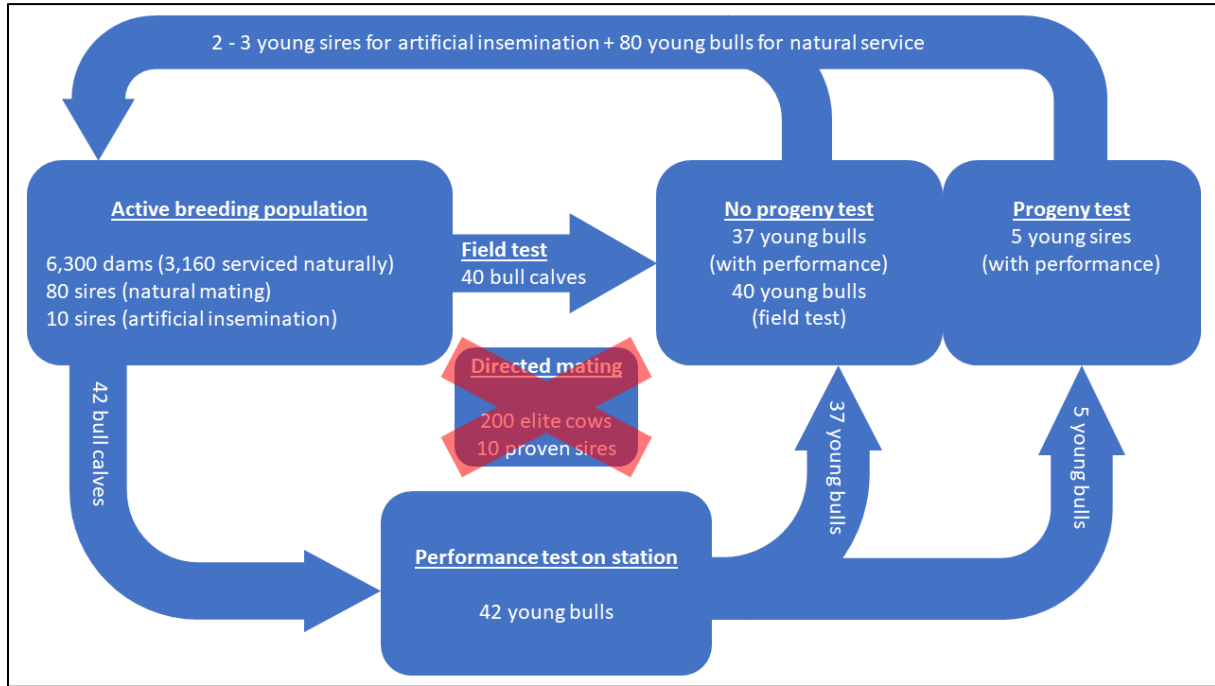


Figure 7 Presented figures are long term averages of 10 years and presented on an annual basis (Dr Franz Maus, personal communication, February 22, 2018). 6,300 dams are available, thereof 3,160 are serviced naturally. 42 bull calves are selected in the broad population for a performance test on station. 37 of those calves will restock sires for natural mating without passing a progeny test. The missing 40 bull calves for restock of sires for natural mating originate from field tests. 5 young bulls successfully pass the performance test on station and are subsequently progeny tested. 2-3 pass the progeny test successfully and will restock proven sires for artificial insemination. Directed mating is planned but has not yet been introduced.

Advanced OCS scenarios

All simulation scenarios show a strong increase in $\Delta G_{1984-1985}$ ($+ 8.8 \pm 0.1$) after the first iteration, while MC was heavily reduced ($\Delta MC_{1984-1985} = -14.8 \% \pm 0.0004$) (Figures 2 and 5). Additionally, $classKin$ and $natKin$ decreased ($\Delta F_{1984-1985} = -0.2 \%$ and $\Delta F_{nat(1984-1985)} = -0.05 \%$) (Figure 4). This might be explained by the identical base population of all simulation scenarios in connection with the optimization opportunities when aOCS is implemented for the first time. Deployed proven sires of the first iteration had an average MC of only $11.1 \% \pm 0.2$ (26.6% in broad population), an average EBV of 71.3 ± 0.3 (53.5 in broad population) and were by chance not closely related across all scenarios (results not shown). In subsequent iterations, all simulation scenarios conserved MC_{2014} to a final value of

15.3 % $\pm$ 0.78. This is reasoned in a lack of the upper bound for MC . The upper bound was expressed as $ub.MC_{t+t} \leq \emptyset MC_t$. Thus, the average MC of population $t+1$ was constraint by the lowest value achieved at any given point of the simulation process, since $ub.MC_{t+1} \geq ub.MC_{t+2} \geq ub.MC_{t+n}$. A fixed $ub.MC$, to the starting value of 26.6 % in the base population, would have been preferable. However, aOCS roughly satisfied the upper bound for ΔF_{nat} ($ub.natKin = 0.092$ %) with 0.087 - 0.088 % across all scenarios. Simultaneously, $ub.classKin$ (0.092 %) was not fully exploited with an ΔF of 0.082 - 0.087 % across all scenarios (Table 1). Native alleles are a subset of all alleles of a given population. Assuming a closed population of Vorderwald cattle in former times, selection within native alleles (domestication, breeding) resulted in related individuals. As soon as foreign alleles (i.e. MC) were introgressed, carriers of those alleles were less related to the population. As an artefact, $classKin$ will always be smaller than $natKin$, and restricting $natKin$ by an upper bound will automatically restrict $classKin$ at a lower level. This is in line with results of scenario *maxEBV.A.D.MC* of Wang et al. (2017a). The constraint setting of their simulation was equal to ours, with upper bounds for MC , ΔF and ΔF_{nat} . We agree with Wang et al (2017a) that a restriction for $classKin$ can be omitted when MC and $natKin$ are restricted. Both parameters, $classKin$ and $natKin$, show a linear and parallel increase across all scenarios (Figure 4). We conclude that aOCS could stop the increasing deviation of $classKin$ and $natKin$ in the actual population and simultaneously conserve (or even reduce) MC . Conserving or reducing MC is of special interest for the actual population, with a MC_{2014} of 61.3 % (Table 1). Since increasing extent of progeny testing per mature bull positively influences the accuracies of $EBVs$, we assumed the *PT-strategy* to have an impact on ΔG . However, a significant impact could not be observed ($p = 0.29$). The extent of progeny testing per mature bull was varied between 6 (*FoR50 + PT300*) and 90 (*FoR10 + PT900*). Thus, the corresponding r was in a range of 0.4 - 0.75 across all scenarios (results not shown), when young sires got available for broad deployment in B_{t-3} . On a population level, fluctuation of $EBVs$ should be compensated across all deployed sires. This might explain the non-significant impact of *PT-strategies* on ΔG . However, we have to be aware of realization of ΔG in single herds, when deploying sires with $r \approx 0.5$. This is analogous to the spread of risk in genomic breeding schemes. Optimally, this spread of risk might be transferred by deploying optimum contributions of sires in each herd (Kohl and Herold, 2017). However, feasibility of this approach is questionable, since $\emptyset Sires_{1984-2013}$ was 53.2 - 67.9 across all scenarios. Hence, we suggest to implement sufficient spread of risk in single herds, even if optimum contributions of sires cannot completely be transferred. Increasing accuracy of breeding value estimation could be an

added value, since broader deployment of sires would result in enhanced approximation of herd effects. Furthermore, $\Delta G_{1984-2014}$ in *FoR30-* and *FoR50-scenarios* was superior (1.36 ± 0.01 and 1.37 ± 0.03 , respectively) to *FoR10-scenarios* (1.15 ± 0.03). We conclude that *FoR30-* and *FoR50-strategy* are superior in terms of ΔG with no drawbacks in terms of MC , ΔF and ΔF_{nat} .

Prior to the actual simulation process, we performed on various other procedures. Those tested for enhanced results by selecting bull calves for progeny testing with an additional aOCS approach. However, results did not improve in any aspect with about twice the computational time. The idea of the actual simulation process was to conserve genetic diversity and uniqueness of the breed, by selecting mature bulls for progeny testing across all deployed proven sires in every year. To ensure sufficient ΔG , mature bulls were selected by truncation.

Comparison with real data

In reality, heavy introgression of Montbéliard took place between 1995 - 2005 to upgrade the breed in terms of daily gain (Hartwig et al., 2014b). As a result, ΔMC increased notably faster than before (2.7-fold) and thereafter (2.3-fold), based on $\Delta MC_{1984-1996}$, $\Delta MC_{1996-2005}$ and $\Delta MC_{2005-2014}$ with 0.73 %, 2.00 % and 0.88 %, respectively. Furthermore, introgression of Montbéliard is directly reflected in the development of ΔG . During introgression, $\Delta G_{1996-2005}$ was 1.9- and 1.7-fold higher, compared to $\Delta G_{1984-1996}$ and $\Delta G_{2005-2014}$, respectively. Additionally, introgression led to decreasing *classKin* (with $\Delta F_{1996-2005} = -0.008$ %), following the explanation of the previous section. Simultaneously, *natKin* heavily increased (with $\Delta F_{nat} = 0.184$), due to replacement of native alleles by *MC* and subsequent directional selection within the remaining native gene variants. These two opposed trends led to a growing deviation between *classKin* and *natKin* in reality. ΔG was higher in reality (1.56) compared with any scenario of the simulation (1.12 - 1.40, Table 1). Four aspects might have contributed to that circumstance: (I) Since this is a feasibility study, it was based on the actual breeding scheme of Vorderwald cattle and was designed to meet all practical constraints. One of those constraints is the absence of selection in the dam path. This is a core competence of breeders. Deducting this core competence would lead to unwillingness of breeders to realize aOCS in their breeding scheme. However, breeders certainly select for superior dams. This might have contributed to higher rates of ΔG in reality. (II) ΔG increases as heritabilities of traits increase (Gandini et al., 2014). We assumed a *TMI*, based on own performance, equivalent to a simulated trait with $h^2 = 0.25$. With respect to a historical breeding objective,

comprising solely performance traits, this might have been too low. (III) Inbreeding has not been supervised in reality. However, low $\Delta F_{1984-2014}$ (0.067 %) compared to simulations (0.082 – 0.087 %) is reasoned in introgression of *MC*, since real $\Delta F_{1996-2005}$ was - 0.008 %. Woolliams et al. (2015) suggested a comparison of ΔG at equal ΔF , because larger ΔF increase risks and turn genetic variance in ΔG inefficiently. Thus, a comparison of real $\Delta F_{2005-2014}$ (0.13) and $\Delta F_{1984-2014}$ of simulations seems more appropriate, since introgression was stopped in 2005 and the genepool was closed again. This results in a 1.5-fold higher ΔF in reality. Additionally, replacement of native alleles by *MC* is undesired in regional breeds under conservation. Thus, a further comparison of $\Delta F_{(nat)1984-2014}$ is advisable with 0.184 % and 0.087 % in reality and across all simulations (2.1-fold higher), respectively. Hence, ΔG in reality was achieved at an expense of genetic diversity and uniqueness. (IV) Introgression caused higher ΔG in reality. Introgression of foreign breeds was avoided in simulations. Additionally, the lack of *ub.MC_{t+1}*, described in the preceding section, entailed an enormous decline in *MC*. However, *MC* is known to be positively correlated to ΔG (Wellmann et al., 2012). Thus, simulation scenarios produced ΔG out of the remaining 11.8 % $\pm$ 0.0003 of *MC₁₉₈₅* (compared to 26.3 % in reality) and inferior native gene variants. Our aim was to clarify whether historical breeding decisions, to increase ΔG by introgression of commercial breeds, could have been avoided by using aOCS. Thus, a comparison of ΔG in reality and superior simulation scenarios seems most appropriate. ΔG in reality was superior to *FoR30-* and *FoR50-strategies*, with 12.8 % and 12.2 %, respectively. However, a direct comparison is interfered, because of the enormous decline in *MC₁₉₈₅*. A further comparison of ΔG is mandatory to demonstrate how poorly *MC* is exploited after introgression was halted in 2005. *MC* increased in reality by 27.3 % in 1984 - 2005 (Figure 2). The additional *MC*, resulted in a higher rate of ΔG of only 12.4 %, based on $\Delta G_{1984-1997}$ (1.21, before introgression) and $\Delta G_{2006-2014}$ (1.36, after introgression). Finally, $\Delta G_{1984-2014}$ in *FoR30-* and *FoR50-scenarios* was superior to $\Delta G_{2006-2014}$ in reality (including exploitable *MC*), with 3.7 % and 4.4 %, respectively. Final values of *MC₂₀₁₄* were 13.2 % - 16.1 % across corresponding scenarios and 61.3 % in reality. Conclusively, historical breeding decisions could have been avoided with a loss of 12.2 - 12.8 % in ΔG , but resulting in an almost unique breed of Vorderwald cattle.

Deciding for superior scenario

FoR30- and *FoR50-strategy* have been identified to be superior to *FoR10-strategy*. *PT-strategies* had no significant impact on ΔG . Involving practical terms, selection of bull

calves as well as husbandry and progeny testing of mature bulls, is a financial issue of the breeding organization. The actual breeding scheme selects 42 bull calves for a performance test on station (Figure 7). Subsequently, 5 of those pass a progeny test. Actually, the breeding scheme of Vorderwald cattle accepts *EBVs* of young sires, on basis of 25 - 30 daughters (Hartwig et al., 2013). Expecting an even distribution of born males and females, at least 50 - 60 matings are required to test 5 young sires. Eventually, this results in 250 - 300 matings in total. The *FoR30-* and *FoR50-strategy* selected 30 or 50 bull calves for progeny testing, respectively. Since differences in ΔG of *FoR30-* and *FoR50-strategy* were not significant, we recommend to implement the *FoR30-strategy* in connection with the *PT300-strategy*. As a result, the number of matings for progeny tests (300) is comparable to actual numbers. This will cause the lowest costs for selection, husbandry and progeny testing, meanwhile maximizing benefits (ΔG).

Improving the breeding scheme

The actual breeding scheme of Vorderwald cattle is confounded by 3 factors. (I) Sires for natural mating do not pass a progeny test. (II) Only half of those have performance records. (III) Directed mating has not been introduced yet. Therefore, bull calves have been selected in the broad population of 6,300 dams (Figure 7). This is cost effective, but the risk of losing promising young sires due to soon drop out of bull calves is high (sale and culling). Restructuration of the breeding scheme might improve population parameters, even before introducing aOCS. Consequent selection of half-brothers over sires, on basis of *EBVs*, is new and organizationally challenging. To simplify that task, we recommend to accelerate the implementation of directed mating. An additional aOCS approach could optimize and allocate matings among elite cows. This might result in further enhanced population parameters (Gandini et al., 2014). As an added value, the risk of losing valuable genetic material, due to soon drop out of bull calves, would be minimized. However, establishment of a nucleus is not possible at the moment. As an assumption of the simulation process, all female descendants of young sires reached the performance test. This is unrealistic, because some of those will be unavailable. However, applying the most cost-effective *FoR30 + PT300-scenario*, 5 daughters reached the performance test in simulations. In connection with a realistic chance of survival of heifers of 72 % (Wathes et al., 2008), 14 - 15 matings are sufficient for progeny testing of mature bulls in reality. Thus, the absolute number of matings for progeny testing increases to 420 - 450 when the *FoR30-strategy* is realized. The additional costs of extended progeny testing (420 - 450 toward 250 - 300 in reality; cr. Table 1) might be

compensated by fewer performance tests of bull calves on station (30 toward 42 in reality, cr. Table 1). In reality, 77.9 ± 30.2 sires were deployed on an annual basis. The *FoR30 + PT300-scenario* deployed 67.9 ± 14.0 sires. Thus, fewer sires will be available to naturally service 3,160 dams. Additionally, realizing optimum contributions in the naturally serviced dam population, is an obstacle to overcome (Kohl and Herold, 2017). Sires for artificial insemination produced semen and were subsequently culled so far. However, it is mandatory to keep a sufficient proportion of sires, to service dams naturally. As a solution, one half-brother could be kept per half-sibling group and year. The idea is, to deploy a half-brother, if aOCS selects for a culled sire. In this way, at least the optimum contributions of the sire-sire-path will be realized. From an organisational point of view, we recommend to establish a bull rotation program (Kohl and Herold, 2017) or re-establish municipal husbandry of sires for natural mating.

Further studies

Following this study, we will examine the impact of applying identified superior strategies to the actual breeding population of Vorderwald cattle in connection with the designed young sire breeding scheme. We will clarify about further possibilities of reducing the number of bull calves for restock of sires. Thus, the *FoR50-strategy* will be replaced by a *FoR20-strategy*. Additionally, we will test for either equalizing or lowering *MC* in the population. This is of special interest, considering the alarming levels of *MC* in the actual population. Finally, an internal cost accounting and analyses of organizational efforts will clarify about financial issues of the breeding scheme.

Adding genomic data

Advanced OCS is available within the open source *R-package optisel*. Pedigree data is known to be biased (Oliehoek and Bijma, 2009). Thus, estimation of *classKin*, *natKin* and *MC* is impeded. Adding genomic information to *optiSel* facilitates the estimation of all parameters, based on shared haplotype segments (runs of homozygosity) (Wang et al., 2017b). As a result, estimates are realized values rather than expected values and entail enhanced selection decisions by the aOCS procedure. However, genomic data is not available at the moment. There are arising projects that aim at genotyping a subpopulation of Vorderwald cattle, but applicability of genome-based methods is unforeseeable.

Conclusion

This study assumes purposive and economically optimal actions of all parties. In reality this is frequently not the case (Kohl and Herold, 2017). Conviction of breeders is essential for effectively realizing aOCS in the given breeding scheme of Vorderwald cattle. Developed strategies should be openly discussed. In this way, a personal commitment might be raised (Kohl and Herold, 2017). Furthermore, this study proves that aOCS with *optiSel* is feasible for Vorderwald cattle, given the designed young sire breeding scheme. Selection of 30 bull calves per year, with subsequent progeny testing, was proposed for annual restock of proven sires. Given the constraint setting of the aOCS procedure, less ΔG arose in superior scenarios (1.35 ± 0.03 in *FoR30 + PT300*), when compared with real data (1.56). However, there was a lack in the upper bound for *MC*. Thus, MC_{2014} was heavily reduced to 15.3 % (± 0.78) across all simulation scenarios. In reality MC_{2014} rose to alarming levels (61.3 %). Genetic diversity was conserved at a $N_{e(nat)}$ of 100 with a ΔF_{nat} of $0.087 \% \pm 0.0005$ in *FoR30 + PT300-scenario*. Hence, the upper bound for ΔF_{nat} was roughly satisfied (0.092 %). This is why we conclude that historical breeding decisions could have been avoided by using aOCS with the *FoR30 + PT300-scenario*. As a result, ΔG would be reduced by 12.2 %, but introgressed genetic material, genetic diversity and native genetic diversity would be more convenient for a breed under conservation to safeguard future changes in livestock breeding.

Acknowledgements

The authors thank the Rinderunion Baden-Württemberg e.V, the Ministry of Rural Affairs, Food and Consumer Protection Baden-Wuerttemberg and the H. Wilhelm Schaumann Stiftung for financing the project, the State Agency for Spatial Information and Rural Development Baden-Württemberg for the workstation and data provision and Prof. Dr. Jörn Bennewitz and the department of Animal Genetics and Breeding (460g) at the University of Hohenheim for their support.

Special thanks are given to reviewers during the peer review process. We appreciated your critical and helpful comments.

Declaration of interest

None

Ethics statement

None

Software and data repository resources

Data and simulation codes will be archived at the State Agency for Spatial Information and Rural Development Baden-Württemberg at Kornwestheim, Germany.

References

- Andersen-Ranberg IM, Klemetsdal G, Heringstad B and Steine T 2005. Heritabilities, Genetic Correlations, and Genetic Change for Female Fertility and Protein Yield in Norwegian Dairy Cattle. *Journal of Dairy Science* 88, 348–355.
- Avendaño S, Villanueva B and Woolliams JA 2003. Expected increases in genetic merit from using optimized contributions in two livestock populations of beef cattle and sheep. *Journal of animal science* 81, 2964–2975.
- Bussemer N, Brodauf W, Maus F and Werkmeister F 1996. Der Umgang mit einer Perle- Die Zucht der Vorderwälderrasse. In *Perlen des Schwarzwaldes- Festschrift zum 100-jährigen Jubiläum der organisierten Zucht der Schwarzwälder Kaltblutpferde und der Vorderwälder-Rinder*, pp. 129–135. Zuchtverband für Fleckvieh und Wäldervieh im RZV.
- Butler D 2009. asreml: asreml() fits the linear mixed model. R package version 3.0. www.vsni.co.uk.
- Gandini GC, Ollivier L, Danell B, Distl O, Georgoudis A, Groeneveld E, Martyniuk E, van Arendonk JAM and Woolliams JA 2004. Criteria to assess the degree of endangerment of livestock breeds in Europe. *Livestock Production Science* 91, 173–182.
- Gandini G, Stella A, Del Corvo M and Jansen GB 2014. Selection with inbreeding control in simulated young bull schemes for local dairy cattle breeds. *Journal of Dairy Science* 97, 1790–1798.
- Hartwig S, Wellmann R, Hamann H and Bennewitz J 2013. Pedigreeanalysen zur Beschreibung der genetischen Variabilität bei Vorderwälder, Hinterwälder und Limpurger. *Zuchtingkunde* 85, 270–88.
- Hartwig S, Wellmann R, Hamann H and Bennewitz J 2014a. The contribution of migrant breeds to the genetic gain of beef traits of German Vorderwald and Hinterwald cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 131, 496–503.
- Hartwig S, Wellmann R, Hamann H and Bennewitz J 2014b. The contribution of migrant breeds to the genetic gain of beef traits of German Vorderwald and Hinterwald cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 131, 496–503.
- Kearney JF, Wall E, Villanueva B and Coffey MP 2004. Inbreeding Trends and Application of Optimized Selection in the UK Holstein Population. *Journal of Dairy Science* 87, 3503–3509.
- Knapp B and Nordskog AW 1946. Heritability of Growth and Efficiency in Beef Cattle. *Journal of Animal Science* 5, 62–70.

- Koenig S and Simianer H 2006. Approaches to the management of inbreeding and relationship in the German Holstein dairy cattle population. *Livestock Science* 103, 40–53.
- Kohl S and Herold P 2017. Problemanalyse zur Implementierung der Selektion nach optimierten Genbeiträgen in kleinen Populationen. *Züchtungskunde*, 345–358.
- MacCluer JW, Boyce AJ, Dyke B, Weitkamp LR, Pfenning DW and Parsons CJ 1983. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *Journal of Heredity* 74, 394–399.
- Meuwissen TH 1997. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *Journal of animal science* 75, 934–940.
- Meuwissen T 2009. Genetic management of small populations: A review. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A — Animal Science* 59, 71–79.
- Meuwissen TH and Sonesson AK 1998. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding: overlapping generations. *Journal of animal science* 76, 2575–2583.
- Oliehoek PA and Bijma P 2009. Effects of pedigree errors on the efficiency of conservation decisions. *Genetics Selection Evolution* 41, 9.
- Sonesson AK and Meuwissen TH 2000. Mating schemes for optimum contribution selection with constrained rates of inbreeding. *Genetics Selection Evolution* 32, 231.
- Utrera AR 2004. Heritability estimates for carcass traits of cattle: a review. *Genetics and Molecular Research* 3, 380–394.
- Wang Y, Bennewitz J and Wellmann R 2017a. Novel optimum contribution selection methods accounting for conflicting objectives in breeding programs for livestock breeds with historical migration. *Genetics, selection, evolution: GSE* 49, 45.
- Wang Y, Segelke D, Emmerling R, Bennewitz J and Wellmann R 2017b. Long-Term Impact of Optimum Contribution Selection Strategies on Local Livestock Breeds with Historical Introgression at the Example of German Angler Cattle. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, g3.300272.2017.
- Wathes DC, Brickell JS, Bourne NE, Swali A and Cheng Z 2008. Factors influencing heifer survival and fertility on commercial dairy farms*. *animal* 2, 1135–1143.
- Weigel KA 2001. Controlling Inbreeding in Modern Breeding Programs. *Journal of Dairy Science* 84, Supplement, E177–E184.
- Wellmann R 2017. optiSel: Optimum Contribution Selection and Population Genetics. <https://CRAN.R-project.org/package=optiSel>.
- Wellmann R 2019. Optimum contribution selection for animal breeding and conservation: the R package optiSel. *BMC Bioinformatics* 20, 25.

Wellmann R, Hartwig S and Bennewitz J 2012. Optimum contribution selection for conserved populations with historic migration. *Genet Sel Evol* 44, 34.

Woolliams JA, Berg P, Dagnachew BS and Meuwissen THE 2015. Genetic contributions and their optimization. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 132, 89–99.

Kapitel 3

Implementation of advanced Optimum Contribution Selection in small-scale breeding schemes: prospects and challenges in Vorderwald cattle

S. Kohl¹, R. Wellmann¹, P. Herold^{2, a}

¹ *University of Hohenheim, Animal Genetics and Breeding (460g), Garbenstr. 17, 70599 Stuttgart, Germany*

² *State Agency for Spatial Information and Rural Development Baden-Württemberg, Stuttgarter Str. 161, 70806 Kornwestheim, Germany*

^a *Present address: State Agency for Spatial Information and Rural Development Baden-Württemberg, Stuttgarter Str. 161, 70806 Kornwestheim, Germany (for any author of the list whose present address differs from that at which the work was done)*

Corresponding author: Sebastian Kohl. E-mail: S.Kohl@uni-hohenheim.de

Short title: Advanced Optimum Contribution Selection for cattle

Publication: *Animal* (2020) 14, 452-463, doi:10.1017/S1751731119002295

Abstract

Vorderwald cattle are a regional cattle breed from the Black Forest in south western Germany. In recent decades, commercial breeds have been introgressed to upgrade the breed in performance traits. On one hand, native genetic diversity of the breed should be conserved. On the other hand, moderate rates of genetic gain are needed to satisfy breeders to keep the breed. These goals are antagonistic, since the native proportion of the gene pool is negatively correlated to performance traits and carriers of introgressed alleles are less related to the population. Thus, a standard Optimum Contribution Selection (OCS) approach would lead to reinforced selection on migrant contributions (*MC*). Our objective was the development of strategies for practical implementation of an OCS approach to manage the *MC* and native genetic diversity of regional breeds. Additionally, we examined the organizational efforts and the financial impacts on the breeding scheme of Vorderwald cattle. We chose the advanced Optimum Contribution Selection (aOCS) to manage the breed in stochastic simulations based on real pedigree data. In addition to standard OCS approaches, aOCS facilitates the management of the *MC* and the rate of inbreeding at native alleles. We examined two *aOCS-strategies*. Both maximized genetic gain, while strategy (I) conserved the *MC* in the breeding population, and strategy (II) reduced the *MC* at a predefined annual rate. These two approaches were combined with one of three flows of replacement of sires (*FoR-strategies*). Additionally, we compared breeding costs to clarify about the financial impact of implementing aOCS in a young sire breeding scheme. According to our results, conserving the *MC* in the population led to significantly ($p < 0.01$) higher genetic gain (1.16 ± 0.13 points/ year) than reducing the *MC* (0.88 ± 0.10 points/ year). In simulation scenarios that conserved the *MC*, the final value of *MC* was $57.6\% \pm 0.004$ while being constraint to 58.2%. However, reducing the *MC* is only partially feasible based on pedigree data. Additionally, this study proves that the classical rate of inbreeding can be managed by constraining only the rate of inbreeding at native alleles within the aOCS approach. The financial comparison of the different breeding schemes proved the feasibility of implementing aOCS in Vorderwald cattle. Implementing the modelled breeding scheme would reduce costs by 1.1% compared to the actual scheme. Reduced costs were underpinned by additional genetic gain in superior simulation scenarios compared to expected genetic gain in reality (+4.85%).

Keywords: migrant contribution, native contribution, native kinship, breeding costs, regional breed

Implications

Vorderwald cattle are a regional cattle breed that has been crossbred with commercial breeds for upgrading in milk and meat performance. This led to decreasing originality and native genetic diversity of the breed. Advanced Optimum Contribution Selection facilitates the management of those parameters and simultaneously maximizes the genetic gain. However, the implementation of advanced Optimum Contribution Selection is impeded by practical limitations. Thus, we developed solutions to practically implement advanced Optimum Contribution Selection in small scale breeding schemes of regional breeds. Eventually, this could contribute to the preservation of the agrobiodiversity.

Introduction

Vorderwald cattle are a livestock breed from the Black Forest in south western Germany. Despite the moderately low performance of the breed, it is well adapted to the local landscape, has a cultural value and contributes to the agricultural biodiversity. Over the past 50 years, the breeding program focused on performance traits, and ignored the value of maintaining the genetic originality of the breed. This led to increased introgression from commercial breeds for upgrading (Hartwig et al., 2014). Introgressed alleles replaced native gene variants and lowered the probability that alleles at a locus are identical by descent. Thus, genetic gain (ΔG) was achieved at a low rate of inbreeding (Δf) (Kohl et al., 2019), but at the expense of decreasing genetic originality. The loss of genetic diversity can be measured in two different ways: (I) by the effective population size (N_e), which is the number of individuals in an idealized population under random mating that would cause the same amount of decrease in genetic diversity as the population under study, and (II) by the native effective population size ($N_{e(nat)}$), which is the corresponding parameter that quantifies how fast the genetic diversity at native alleles is decreasing (Wellmann et al., 2012). Vorderwald cattle actually has an N_e of 102 but a $N_{e(nat)}$ of only 34. This means that genetic diversity is high and the breed is vital in the long-term, but only little of its genetic diversity is explained by native gene variants (Hartwig et al., 2014). Huge amounts of irreplaceable genetic resources have passed genetic bottlenecks. Genetic bottlenecks for the genetic diversity at native alleles are caused by several factors, which include (I) direct displacement of native alleles by introgressed alleles and (II) directional selection for performance traits within the mixture of native and introgressed alleles. Today, performance traits are drastically improved in commercial breeds and consumer demands on animal welfare are rapidly growing. This leads to changes in livestock breeding with traits like robustness, fitness and fertility being increasingly focused.

Selection for ΔG led to effective population sizes as low as 52 in commercial breeds like German Holstein (Koenig and Simianer, 2006). Thus, alleles with large effects on new traits have already passed genetic bottlenecks in commercial breeds (Woolliams et al., 2015). This will impede the selection for new traits. The additional genetic diversity that can be found in local breeds like Vorderwald cattle, is mandatory to safeguard future changes in livestock breeding. As commercial breeds like Red Holstein and Montbéliard have already been introgressed to Vorderwald cattle (Hartwig et al., 2014), there is a need for the management of introgressed genetic material. Optimum Contribution Selection (OCS) has been the standard to maximize ΔG and simultaneously manage Δf (Meuwissen, 1997). However, in breeds with historical introgression for upgrading reasons, OCS would lead to reinforced selection on introgressed alleles, since these are rare in the population and positively correlated to ΔG (Wellmann et al., 2012). Displacement breeding would be the consequence. This is why Wellmann et al. (2012) invented an advanced Optimum Contribution Selection (aOCS) method, which facilitates the simultaneous management of ΔG , Δf , the rate of inbreeding at native alleles ($\Delta f_{(nat)}$) (Wellmann et al., 2012) and the amount of introgressed genetic material, i.e. migrant contributions (MC). The MC is the portion of alleles descending from other breeds. The MC calculated from pedigree data, is the expected percentage of introgressed alleles carried by an individual. On a population level, the MC already exceeds 60% in Vorderwald cattle. Therefore, starting the management of MCs is imperative. This study continues the investigation of Kohl et al. (2019). In that preceding article a deeper insight in the underlying simulation process with explanations of the iterative phenotyping and breeding value estimation of the population under study is given. We examined opportunities to manage the MC with aOCS in Vorderwald cattle until marker data is available. In Germany, most regional breeds cannot afford the costs of genotyping. Additionally, the populations are frequently too small to build proper reference populations. Breeds with related gene pools could extend the reference populations with additional genotype data. However, genotyping and development of methodologies is outstanding. Hence, the genomic management of regional breeds is not widespread. Many regional breeds like Vorderwalder, Hinterwalder, German Angler and German Gelbvieh have to deal with historic migration for upgrading in performance traits (Bennewitz and Meuwissen, 2005). Thus, a pedigree based aOCS approach is of great interest to manage the native genetic diversity and originality of those breeds till marker data is affordable and methodologies are developed. The objectives of this study were (I) the development of strategies for practical implementation of an aOCS approach to manage the MC and $\Delta f_{(nat)}$ in breeding schemes of

regional cattle breeds, (II) to examine the financial effects of implementing aOCS in connection with the modelled breeding scheme of Kohl et al. (2019) in the Vorderwald cattle breed. On one hand, conservation or reduction of the *MC* is needed. On the other hand, moderate rates of ΔG are mandatory to satisfy breeders to keep the breed. This is why we tested two different *aOCS-strategies*. (I) Keeping the *MC* at its current value while maximizing ΔG at a given $\Delta f_{(nat)}$. (II) Gradual displacement of the *MC* by native genetic material with an annual rate of -0.35%, while maximizing ΔG at a given $\Delta f_{(nat)}$. Introduction of an aOCS approach to an existing breeding scheme requires modifications. Especially in regional breeds like Vorderwald cattle, where natural service is an important reproduction technique (50%). This is why we used *ZPLAN+* (Täubert et al., 2010), to examine the financial effects of the modelled breeding scheme compared to the actual scheme of Vorderwald cattle.

Material and methods

The aim of the stochastic simulation was to reflect reality and predict future developments of the breed by using aOCS under practical conditions. Since sufficient marker data is not yet available, and will not be in the foreseeable future, the simulations rely on pedigree data. A detailed description of the simulation protocol and the breeding scheme can be found in Kohl et al. (2019). The simulation process was iterated 21 times, whereby each iteration equaled one year. This reflects 4 generations with overlapping generations, on basis of a generation interval of 5.41 (Hartwig et al., 2013). This timeframe was chosen, because we assume that marker data should be available afterwards. Further opportunities of aOCS by utilizing marker data have already been examined by Wang et al. (2017).

Base population

The raw dataset, provided by the State Agency for Spatial Information and Rural Development Baden-Württemberg, consisted of 354 451 individuals with information on sex, breed, date of birth and estimated breeding values (*EBVs*) for the total merit index (*TMI*). Vorderwald cattle are a dual-purpose breed. The actual *TMI* is composed of performance traits in 44%, 44% and 12% for milk yield, fitness and meat production, respectively. Thus, we assumed a breed specific *TMI* based on an individual's own performance, equivalent to a simulated trait with a $h^2 = 0.25$ for our simulations (Kohl et al., 2019). In Germany, *EBVs* are standardized with mean 100 and a genetic standard deviation of 12. The iterative estimation of breeding values within the simulation process was modelled to reflect this variation and

enable changes in *EBVs* due to increasing accuracies (r) over time. We processed the raw dataset for individuals born before 2012 with at least 3 equivalent complete generations (MacCluer et al., 1983). Pruning the raw dataset for these individuals resulted in a pedigree of 89 911 individuals born between 1938-2012. Individuals born before 1970 and with unknown pedigree were defined as native founders and had a *MC* of 0%. Individuals from foreign breeds and individuals with unknown pedigree born after 1970 were defined as migrant founders with a *MC* of 100%. This assumption is based on results of Hartwig et al. (2014) who found that severe introgression of foreign breeds to Vorderwald cattle started in 1970. After defining native and migrant founders, the *MC* was calculated for all individuals in the pedigree. Birth cohorts 2004-2012 consisted of 3 372 individuals on average. Therefore, the simulation process was designed to create 3 372 progeny per year, assuming that the population size remains constant.

Selection candidates

Each year of the simulation started with sampling of deceased individuals (Kohl et al., 2019). Selection candidates were labeled as purebred in the herd book of Vorderwald cattle. As aOCS was applied for overlapping generations, we defined concrete birth cohorts which spanned one year. Birth cohort B_t consisted of living individuals born in year t . Available proven sires for broad deployment were aged between 3 and 15 years, so these belonged to birth cohorts B_{t-3} to B_{t-15} . Old sires were replaced by young sires, which completed 10 matings for progeny testing in B_{t-1} . As a result, those had accuracies of *EBVs* of ≈ 0.5 (Kohl et al., 2019) by the time of getting available for broad deployment in B_{t-3} . The flow of replacement of sires (*For-strategy*) has a significant impact on ΔG when aOCS is implemented (Kohl et al., 2019). This is why we tested three different strategies: 10, 20 or 30 young sires for annual restock (*For10-*, *For20-*, and *For30-strategy*, respectively). Living dams belonging to birth cohorts B_{t-1} - B_{t-9} were available for breeding.

Advanced Optimum Contribution Selection strategies

The result of OCS approaches for overlapping generations is a vector $\mathbf{c}_t$ with the desired genetic contributions $\mathbf{c}_{it}$ of each individual i to the next birth cohort $t+1$. The genetic contribution of each individual i cannot be negative, i.e. $\mathbf{c}_{it} \geq 0$. This is a general constraint for all OCS approaches. As a second constraint, the total genetic contributions of each sex equal 0.5, since the genes of diploid species originate 50% from sires and 50% from dams, i.e. $\mathbf{c}_t' \mathbf{s}_t = 0.5$ and $\mathbf{c}_t' \mathbf{d}_t = 0.5$, where $\mathbf{s}_t$ and $\mathbf{d}_t$ are indicative vectors of sex (0/1). Due to the limited

number of progeny per cow and year, female contributions were forced to be equal, i.e. $c_{ti} = c_{tj}$ for all females i, j . Advanced OCS was only applied to the bull path. Since we face a breeding scheme with a substantial amount of natural service ($\approx 50\%$), the maximum genetic contribution per male candidate was forced to not exceed 0.05, i.e. $c_{ti} \leq 0.05$ for all males i . As a result, aOCS selected at least 10 sires per year ($c_t's_t / 10 = 0.05$) to satisfy the population under natural service. According to the absolute number of descendants per birth cohort, a single sire could service a maximum of 337 females per year ($3\ 372 / 10 \sim 337$). Maximization of ΔG can be achieved by maximizing $c_t'EBV$, where **EBV** is a vector of *EBVs* for *TMI* of the selection candidates. The maximization of $c_t'EBV$ is done under constraints. Effective population sizes of 50-100 have been suggested in literature to keep a breed vital in the long-term (Meuwissen, 2009). Thus, we chose an $N_{e(nat)}$ of 100 to be on the safe side. As an artefact of introgression, the classical kinship (*classKin*) is smaller than the native kinship (*natKin*). Restricting the *natKin* by an upper bound will automatically restrict the *classKin* and will manage both parameters simultaneously (Kohl et al., 2019). We calculated the desired value for the annual increase in native kinship as

$$\Delta f_{nat} = \frac{1}{2 * N_{e(nat)} * L} = 0.092,$$

, where L is the generation interval of 5.41. The first constraint of the aOCS procedure poses as an upper bound for *natKin* in the population at time $t+1$:

$$ub.natKin_{t+1} = \emptyset natKin_{2012} + (t - 2011) * \Delta f_{nat},$$

where $\emptyset natKin_{2012}$ is the average native kinship of the population in 2012. The second constraint poses as an upper bound for the *MC* in the population at time $t+1$:

$$ub.MC_{t+1} = MC_{2012} - (t - 2011) * \Delta MC,$$

where MC_{2012} is the average *MC* of 58.2% of the base population in 2012 and ΔMC is the desired annual rate of decrease in *MC*. Our aim was to examine the possibilities of reducing the *MC*, and the arising impact on ΔG . We tested two different *aOCS-strategies*. Both strategies maximized ΔG . The *MC* was constrained in the first strategy as $\Delta MC = 0\%$ to conserve the *MC* (*conserve-MC-strategy*), and in the second strategy as $\Delta MC = -0.35\%$ to reduce the *MC* annually (*reduce-MC-strategy*). ΔMC of -0.35% was identified as the maximum value, for which most simulation scenarios solved the optimization problem within the chosen time frame of 4 generations. Both *aOCS-strategies* were combined with all *FoR-strategies*, so six different scenarios were examined in total. Each scenario was replicated 5 times. Presented results are means averaged over replicates.

Genetic gain

For a better interpretation of the results, we calculated ΔG as the average annual improvement in the mean EBV of the birth cohorts between year t_1 and t_2 as:

$$\Delta G_{t_1, t_2} = \frac{\emptyset EBV_{t_2} - \emptyset EBV_{t_1}}{t_2 - t_1},$$

where $\emptyset EBV_t$ is the average EBV of birth cohort t , averaged over 5 replicates. To verify average value differences, we performed a two-factorial ANOVA and a Tukey Honestly Significant Difference (HSD) test. Response variable was $\Delta G_{2012, 2033}$. The *FoR-strategy* and the *aOCS-strategy* were used as factor variables. The development of ΔG in the real population was included for comparison. The average ΔG of real data between 2005 and 2015 was 1.18 points/ year. Hence, we assumed that the ΔG will evolve linearly with 1.18 points/ year in reality.

Rates of inbreeding

We calculated Δf and Δf_{nat} for a time interval spanning from year t_1 to t_2 as

$$\Delta f_{t_1, t_2} = \frac{\emptyset classKin_{t_2} - \emptyset classKin_{t_1}}{t_2 - t_1}$$

and

$$\Delta f_{nat(t_1, t_2)} = \frac{\emptyset natKin_{t_2} - \emptyset natKin_{t_1}}{t_2 - t_1},$$

whereby the average was taken over 5 replicates.

Migrant Contributions

We calculated ΔMC as the average annual change of the mean MC of the birth cohorts for the time interval from year t_1 to t_2 as:

$$\Delta MC_{t_1, t_2} = \frac{\emptyset MC_{t_2} - \emptyset MC_{t_1}}{t_2 - t_1},$$

where $\emptyset MC_t$ is the average MC of a birth cohort t , averaged over 5 replicates.

Number of deployed sires

Since natural service is an important reproduction technique in Vorderwald cattle, the number of annually contributing sires influences the feasibility of a future breeding scheme. This is why we calculated the average number of annually contributing sires:

$$\bar{\text{Sires}}_t = \frac{\sum \text{Sires}_t}{5},$$

where $\sum \text{Sires}_t$ is the sum of sires that contributed to birth cohort t , averaged over 5 replicates.

Breeding costs

We used the software *ZPLAN+* (Täubert et al., 2010) to calculate breeding costs of the young sire breeding scheme (Kohl et al., 2019) in connection with a *For23-strategy* and 10 matings for progeny tests per young bull. The calculated costs of the young sire breeding scheme were compared to the costs of the actual scheme of Vorderwald cattle (Kohl et al., 2019). Reasons for choosing a *For23-strategy* rather than a *For10-*, *For20-* or *For30-strategy* will be given in the discussion (*section - Transfer to a practical breeding scheme*). *ZPLAN+* utilizes a deterministic evaluation of breeding schemes. It is based on selection index theory (Hazel and Lush, 1942) and gene flow (Hill, 1974) in populations with overlapping generations. The results of *ZPLAN+* provide population parameters, discounted costs and discounted returns of a breeding scheme. However, results of *ZPLAN+* were exclusively used to estimate breeding costs per animal and year, because population parameters and discounted returns are based on selection index theory rather than aOCS based simulation results. Alternative softwares to evaluate various breeding schemes are *SelAction* (Rutten et al., 2002) and *ADAM* (Pedersen et al., 2009). The output of *SelAction* includes the response to selection measured in economic units (Rutten et al., 2002). The software *ADAM* uses stochastic simulations to evaluate selective breeding schemes. However, *SelAction* and *ADAM* do not facilitate a monetary evaluation of the costs of different schemes. Hence, we chose *ZPlan+* for our study. The costs of a breeding scheme are composed of fix and variable costs. The fix costs of the actual breeding scheme and the young sire scheme were assumed to be equal. The variable costs included: milk recording (33€/ year/ cow), selection of bull calves (10€/ calve), performance tests of bull calves (50€/ bull), keeping of waiting bulls (100€/ bull/ year), evaluation of daughters (50€/ daughter), production of straws (1€/ straw) and storage of straws (0.03€/ straw) (Priv. Doz. Dr. Pera Herold, personal communication, 10 May 2018). The sum

of all breeding costs is covered by each individual of a breeding scheme. Thus, the total breeding costs were divided by the number of individuals (Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V., 2011).

Results

Genetic gain

Figure 1 shows the development of ΔG in the simulation scenarios and the calculated ΔG in reality. All simulations show a strong increase of the *EBVs* in the first birth cohort ($\Delta G_{2012, 2013} = +9.1 \pm 0.7$), which was followed by slightly lower *EBVs* in the following two birth cohorts ($\Delta G_{2013, 2015} = -0.51 \pm 0.32$). After 2015, the *EBVs* increased linearly in scenarios *conserve-MC + FoR10*, *conserve-MC + FoR20* and *conserve-MC + FoR30* with $\Delta G_{2012, 2033}$ of 1.01 ± 0.05 , 1.24 ± 0.06 and 1.27 ± 0.06 , respectively.

Development of genetic gain of birth cohorts in different simulation scenarios and extrapolated reality for Vorderwald cattle

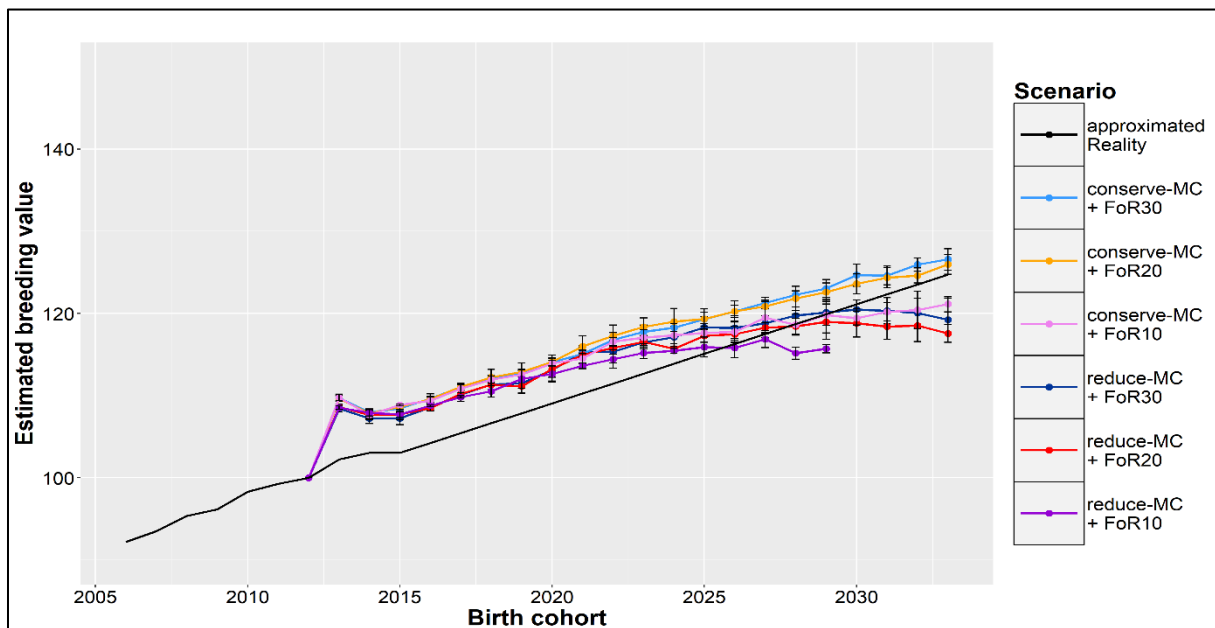


Figure 1 Development of mean estimated breeding values for the total merit index of birth cohorts in simulation scenarios and reality. Development in the real population was calculated based on the real data between 2005 and 2015. We assumed that the genetic gain will evolve linearly with an annual rate of 1.18 points/year. In simulation scenarios, we examined varying flows of replacement of sires with 10, 20 or 30 on an annual basis (FoR10, FoR20 and FoR30, respectively) in combination with two different aOCS strategies. The first one conserved the mean MC in subsequent birth cohorts (conserve-MC). The second one reduced MC with an annual rate of -0.35% (reduce-MC). Results of simulation scenarios were averaged over five replicates ($\pm SD$). aOCS = advanced Optimum Contribution Selection strategy; MC = migrant contribution.

In scenarios *reduce-MC + FoR20* and *reduce-MC + FoR30*, $\Delta G_{2015, 2029}$ (0.80 ± 0.14 and 0.92 ± 0.10 , respectively) was significantly higher ($p = 9 \cdot 10^{-10}$) than the annual increase in the following birth cohorts ($\Delta G_{2029, 2033} = -0.36 \pm 0.36$ and -0.22 ± 0.32 , respectively). As a result, $\Delta G_{2012, 2033}$ was 0.84 ± 0.05 in *reduce-MC + FoR20* and 0.92 ± 0.13 in *reduce-MC + FoR30*.

The optimization problem could not be solved in 2029 for scenario *reduce-MC + FoR10* because no solution existed. However, $\Delta G_{2012, 2029}$ was 0.91 ± 0.05 . According to the Tukey HSD test, $\Delta G_{2012, 2033}$ was significantly affected by the *aOCS-strategy* and by the *FoR-strategy* ($p = 2*10^{-11}$ and $2*10^{-6}$, respectively). Conserving the *MC* realized higher $\Delta G_{2012, 2033}$ (1.16 ± 0.13) than reducing the *MC* (0.88 ± 0.1). The *FoR10-strategy* produced lower $\Delta G_{2012, 2033}$ (1.0 ± 0.05) than the *FoR20-* and *FoR30-strategy* (1.04 ± 0.22 and 1.09 ± 0.21 , respectively). The lower variation of $\Delta G_{2012, 2033}$ in *FoR10-scenarios* is reasoned in the missing results of scenario *reduce-MC + FoR10* in 2033. However, we performed an additional Tukey HSD test for $\Delta G_{2012, 2029}$ that proved present results. Additionally, *conserve-MC + FoR20* and *conserve-MC + FoR30* produced a higher $\Delta G_{2012, 2033}$ than calculated for reality. Other scenarios created less (Figure 1 and Table 1).

Kapitel 3

Table 1 Different simulation scenarios are explained by a combination of implemented aOCS strateg) and FoR strategy of Vorderwald cattle.

Scenarios	FoR ¹	aOCS ²	n	$\Delta G_{2012 - 2033}$ ³	Δf_{nat}	$N_{e(nat)}$	Δf	N_e	MC_{2033}
Reality	$\approx 2 - 3$ ⁴	TS	1	1.18 ⁵	NA ⁶	NA	NA	NA	NA
conserve-MC + FoR10	10	conserve MC	5	$1.01 \pm 0.05^{A, X}$	0.092 ± 0.0004	100.8	0.097 ± 0.002	94.6	57.8 ± 0.18
conserve-MC + FoR20	20	conserve MC	5	$1.24 \pm 0.06^{B, X}$	0.091 ± 0.0006	101.3	0.099 ± 0.004	93.2	57.8 ± 0.28
conserve-MC + FoR30	30	conserve MC	5	$1.27 \pm 0.06^{B, X}$	0.091 ± 0.0005	101.5	0.093 ± 0.004	99.3	57.3 ± 0.51
reduce-MC + FoR10	10	reduce MC	5	NA/ $0.91 \pm 0.05^{7, A, Y}$	0.092 ± 0.0007	101.0	0.090 ± 0.002	103.1	NA/ 50.7 ± 0.29 ⁷
reduce-MC + FoR20	20	reduce MC	5	$0.84 \pm 0.05^{B, Y}$	0.091 ± 0.0007	101.8	0.083 ± 0.002	111.8	49.4 ± 0.10
reduce-MC + FoR30	30	reduce MC	5	$0.92 \pm 0.13^{B, Y}$	0.091 ± 0.0004	101.9	0.081 ± 0.001	114.0	49.2 ± 0.23

Scenarios = Different scenarios are explained by a combination of FoR-strategy and aOCS-strategy; FoR = Annual flow of replacement of sires; aOCS = Advanced Optimum

Contribution Selection strategy; n = Replicates per scenario; ΔG = Genetic gain; Δf_{nat} = Rate of native Inbreeding for overlapping generations per year. Restricted to 0.092;

$N_{e(nat)}$ = Native effective population size; Δf = Rate of Inbreeding for overlapping generations per year. Not restricted by aOCS; N_e = Effective population size; MC_{2034} =

Average migrant contribution of birth cohort 2033 as final value;

¹ Three different FoR-strategies were examined with 10, 20 or 30 young sires for restock per year.

² Two different aOCS-strategies were examined. Either conserving or reducing migrant contributions in the next birth cohort with an annual rate of 0.0% or -0.35%, respectively.

³ Genetic gain was defined as improvement in mean estimated breeding values (EBVs) for the Total Merit Index (TMI) among birth cohorts $B_{2012} - B_{2033}$.

⁴ According to personal communication (Dr Franz Maus, February 22, 2018).

⁵ Genetic gain in reality was calculated based on the real data between 2005 and 2015.

⁶ NA = Not available

⁷ reduce-MC + FoR10 was the only simulation scenario for which the aOCS optimization problem could not be solved in 2029. Thus, NAs relate to 2033. The given figure relates to 2029.

^{A, B, X, Y} Different superscripts label significantly different values at $p < 0.01$ in terms of FoR-strategies (A vs. B) or aOCS-strategies (X vs. Y).

Migrant contributions

The development of the average MC of the birth cohorts is shown in Figure 2. In the *conserve-MC* scenarios, $\Delta MC_{2012, 2013}$ was $-4.33\% \pm 0.25$. In the *reduce-MC* scenarios, $\Delta MC_{2012, 2013}$ was $-6.20\% \pm 0.25$. This decline in MC was followed by an increase till 2015 in all scenarios ($\Delta MC_{2013-2015} = +0.62\% \pm 0.27$). After 2015, the MC evolved linearly and eventually reached $57.6\% \pm 0.004$ and $49.3\% \pm 0.002$ for *conserve-MC*- and *reduce-MC-scenarios*, respectively. As a result, the corresponding $\Delta MC_{2012, 2033}$ were $-0.18\% \pm 0.02$ and $-0.58\% \pm 0.01$. Overall, the *reduce-MC-scenarios* reduced the MC by $8.9\% \pm 0.002$.

Development of MCs of birth cohorts in different simulation scenarios for Vorderwald cattle

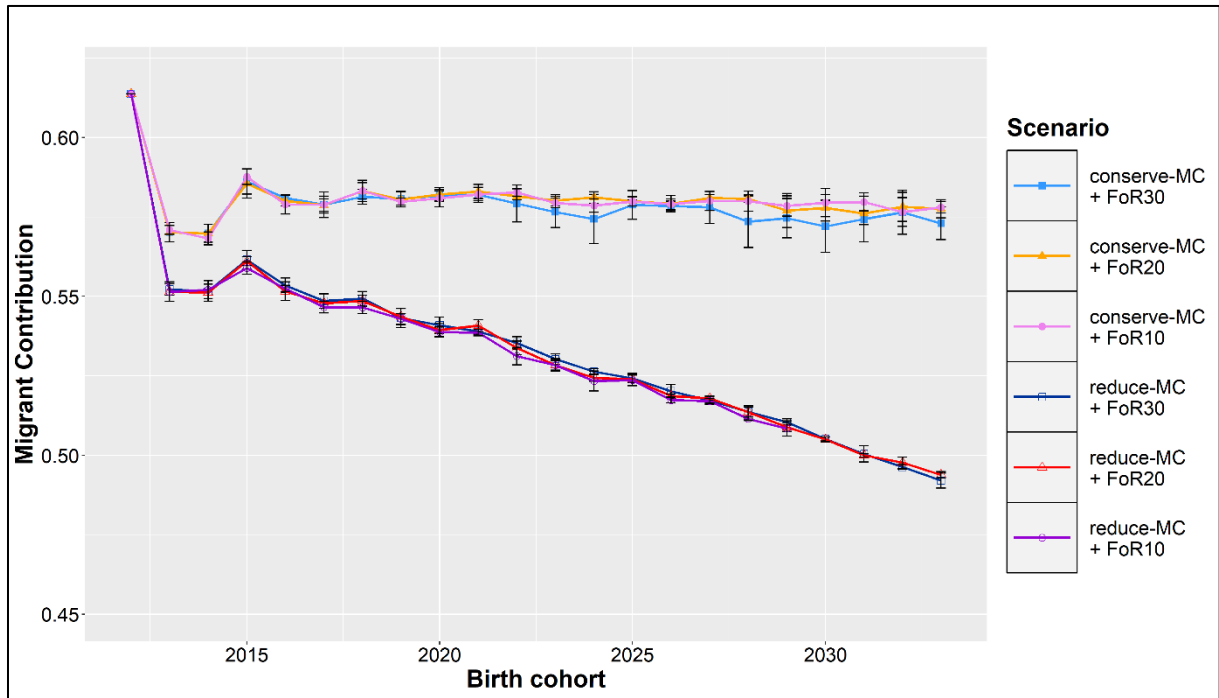


Figure 2 Development of mean MC of birth cohorts in simulation scenarios. We examined varying flows of replacement of sires with 10, 20 or 30 on an annual basis (FoR10, FoR20 and FoR30, respectively) in combination with two different aOCS strategies. The first one conserved the mean MC in subsequent birth cohorts (*conserve-MC*). The second one reduced MC with an annual rate of -0.35% (*reduce-MC*). Results of simulation scenarios were averaged over five replicates ($\pm SD$). MC = migrant contribution; aOCS = advanced Optimum Contribution Selection.

Classical kinship and kinship at native alleles

The realized Δf , Δf_{nat} and the upper bound on Δf_{nat} are visualized in Figure 3. Across all simulated populations the Δf_{nat} was 0.091 ± 0.0006 per year, which was only slightly below the constraint setting of Δf_{nat} (0.092 per year). Δf followed similar trends with 0.091 ± 0.007 across all scenarios, although it was not constrained by the aOCS procedures. As a result, the

realized $N_{e(nat)}$ and N_e were 101.4 ± 0.4 and 102.1 ± 8.7 across all simulated populations, respectively.

Development of average classical and native kinship coefficients of evolving populations in different simulation scenarios for Vorderwald cattle

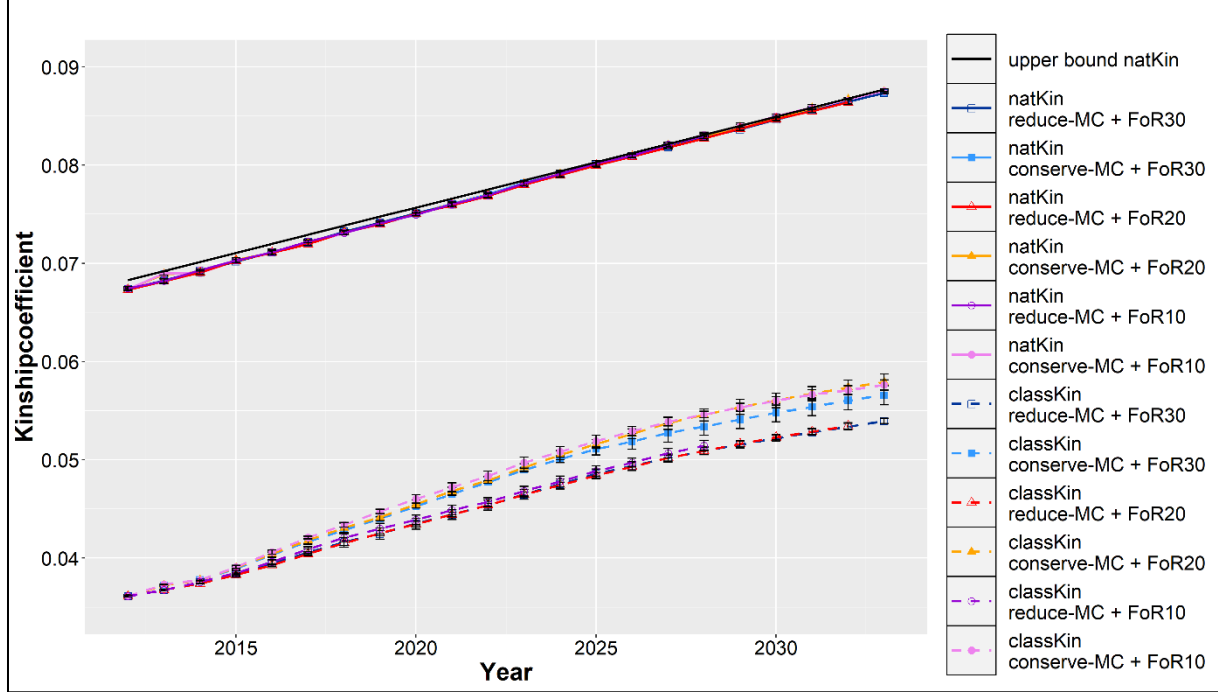


Figure 3 We examined varying flows of replacement of sires with 10, 20 or 30 on an annual basis (FoR10, FoR20 and FoR30, respectively) in combination with two different aOCS strategies. The first one conserved the mean MC in subsequent birth cohorts (conserve-MC). The second one reduced the MC with an annual rate of -0.35% (reduce-MC). Both aOCS strategies restricted the average Kinship at native alleles (natKin) of the population by an upper bound (black and solid), meanwhile the classical kinship (classKin) was not managed. The graphs are subdivided for different simulation scenarios (colour) and both kinship coefficients (solid and dashed). Results of simulation scenarios were averaged over five replicates ($\pm$ SD). aOCS = advanced Optimum Contribution Selection strategy; MC = migrant contribution.

Selected sires

The mean number of sires that contributed to the birth cohorts is visualized in Figure 4. Different bar graphs are shown for the different *FoR*-strategies. In all scenarios increasing numbers of sires contributed to the birth cohorts at the beginning of the simulation with $\bar{\sigma}Sires_{2012} = 14.6 \pm 2.0$, $\bar{\sigma}Sires_{2015} = 21.4 \pm 4.3$ and $\bar{\sigma}Sires_{2020} = 36.5 \pm 7.2$. Subsequently, the number of contributing sires was rather constant with $\bar{\sigma}Sires_{2020-2033} = 46.2 \pm 3.6$ across *conserve-MC*-scenarios and 29.7 ± 6.0 across *reduce-MC*-scenarios.

Breeding costs

We give a brief overview of costs of the young sire scheme in combination with the *FoR23*-strategy. Costs are compared to the actual scheme to give a better understanding of the financial opportunities. According to the results of *ZPLAN+*, costs sum up to

18.44 €/ breeding animal/ year and 18.23 €/ breeding animal/ year for the actual breeding scheme and the young sire scheme, respectively. Thus, costs could be decreased by 1.1 % by implementing aOCS in connection with the young sire scheme.

Bar graph of annually contributing sires in different simulation scenarios for Vorderwald cattle

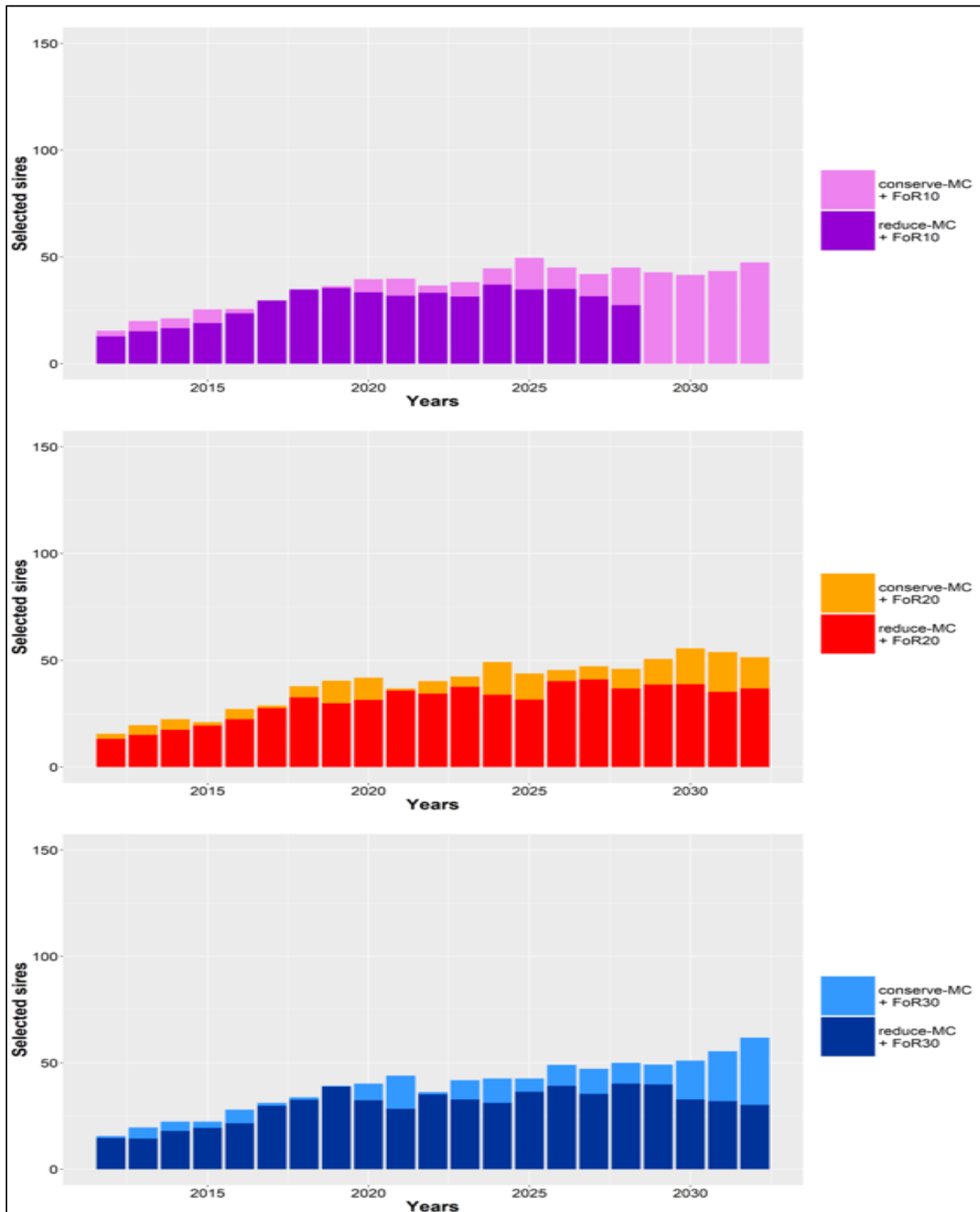


Figure 4 We examined varying flows of replacement of sires with 10, 20 or 30 on an annual basis (FoR10, FoR20 and FoR30, respectively) in combination with two different aOCS strategies. The first one conserved the mean MC in subsequent birth cohorts (conserve-MC). The second one reduced MC with an annual rate of -0.35% (reduce-MC). The bar graphs are subdivided for FoR strategies. Bars visualise the average of annually contributing sires averaged over five replicates ($\pm SD$). aOCS = advanced Optimum Contribution Selection strategy; MC = migrant contribution.

Discussion

Comparison of scenarios

The first two years belong to *Stage 1* of the simulation process of Kohl et al. (2019) in which no new male selection candidates became available. The *EBVs* increased strongly in all scenarios in the first birth cohort ($\Delta G_{2012, 2013} = +9.1 \pm 0.7$; Figure 1) while the *MC* decreased ($\Delta MC_{2012, 2013} = -4.33\% \pm 0.25$ and $-6.20\% \pm 0.25$; Figure 2). This reflects the huge short-term optimization opportunities of aOCS in breeding schemes that formerly used truncation selection (Kohl et al., 2019). Probably, the *MC* decreased because the most influential sires had by chance a *MC* that was slightly below average. In the following years, the *EBVs* of the birth cohorts were slightly smaller ($\Delta G_{2013, 2015} = -0.51 \pm 0.32$) because keeping the desired level of the native kinship in the population required the use of less superior sires. These sires were chosen from the same pool as in 2012 because until 2015 no new male candidates were introduced. The number of contributing sires indeed increased from 2012 to 2015 ($\phi Sires_{2012} = 14.6 \pm 2.0$, whereas $\phi Sires_{2015} = 21.4 \pm 4.3$; Figure 4). The *MCs* increased slightly between 2013 and 2015, but were kept below the constraint setting ($\Delta MC_{2013, 2015} = +0.62\% \pm 0.27$ in all scenarios). In 2015, first young sires got available for broad deployment, so the introduction of new proven sires finished the impediment of selection. Those were less related to the population and had on average higher *EBVs* compared to their older companions (results not shown). As expected, the *EBVs* increased linearly and the *MCs* were conserved in scenario *conserve-MC* from birth cohort 2015 onwards. The numbers of contributing sires further increased until ~2020 across all scenarios ($\phi Sires_{2015} = 21.4 \pm 4.3$ toward $\phi Sires_{2020} = 36.5 \pm 7.2$). Over the course of the simulation process, $\Delta MC_{2012, 2033}$ was -0.58 ± 0.01 and $-0.18\% \pm 0.02$ for *reduce-MC* and *conserve-MC*, respectively, while the constraint setting for ΔMC was -0.35% and 0.0% , respectively. Thus, all scenarios reduced the *MC* at a higher rate than desired. This was an artefact of the random decrease of the *MC* in 2013.

All scenarios that selected for reduced *MC* reached a selection plateau for the *EBVs* around 2023, which was after the second generation was born. The reason is that pedigree data was used for estimating the *MC*. When pedigree data is used, then the *MC* of an individual is always the average of the *MCs* of its parents. Continued averaging of these values in newborn individuals narrows the range of the *MCs* in the population and the mean of the *MCs* converges to a value which is above the minimum *MC* that was present in a selection candidate in 2012. Hence, the number of bulls whose *MC* surpasses the threshold value for *MC* is strongly decreasing after a few years. This reduces the number of males that can be used for breeding, which in turn reduces strongly the achievable selection intensity on the

EBV for *TMI*. After some years of management, the OCS problem can no longer be solved. The optimization problem could not be solved for scenario *reduce-MC + FoR10* in 2029 because not enough sires with low *MC* existed that had a sufficiently low native kinship with the population. The situation was slightly better in scenarios *FoR20-* and *FoR30* because sires could be selected from a larger pool. The number of sires to select from is 130, 260 and 390 in *FoR10-*, *FoR20-* and *FoR30-scenarios*, respectively. This shows clearly that pedigree data cannot be used longer than 2 generations to reduce the *MC* of a population. We assumed a breed specific heritability for the *TMI* of $h^2 = 0.25$ (Kohl et al., 2019) to run the stochastic simulations. However, Gandini et al. (2014) reported that the ΔG will increase as heritabilities of traits increase when an OCS approach is implemented. Thus, the ΔG that will be realized by implementing aOCS in reality might deviate from the observed results. However, the utilized $h^2 = 0.25$ is realistic with respect to the composition of the actual *TMI* of Vorderwald cattle.

Deciding for superior strategies

According to the results of the Tukey HSD tests, ΔG was affected significantly by *aOCS-strategies* ($p = 2 \cdot 10^{-11}$) as well as *FoR-strategies* ($p = 2 \cdot 10^{-6}$). The *conserve-MC* scenarios resulted in a higher ΔG than the *reduce-MC* scenarios. The total selection intensity was the same in both scenarios because the population sizes and the increases in the native kinship were equal (Figure 3). However, in the *conserve-MC* scenarios selection was only on *EBVs* for *TMI*, whereas in the *reduce-MC* scenarios, selection was on both: the *EBVs* and the *MCs*. The constraint for the *MC* became difficult to satisfy after a few years of selection because pedigree data was used to estimate the *MC*. Consequently, more and more of the selection intensity was allocated to reduce the *MC* and less of it was allocated to achieve genetic gain. Consequently, genetic gain was lower in the *reduce-MC-scenarios* than in *conserve-MC-scenarios* and eventually approached zero. Subsidies for breeders for conserving the breed instead of keeping commercial breeds, are not sufficient to cover the expenses (Kohl and Herold, 2017). Thus, further economical disadvantages through a lower ΔG must be avoided. In a breeding program that reduces the *MC*, pedigree data must be replaced by genomic data after no more than 2 generations of selection because otherwise, the *EBVs* would soon reach a selection plateau. This reduced genetic gain could lead to a growing probability of extinction for the Vorderwald breed (Meuwissen, 2009). Conclusively, we recommend to implement the *conserve-MC-strategy* until genotype data is available to reduce the *MC*. Genomic data enhances the aOCS approach by estimation of *MC* based on shared haplotype segments (runs

of homozygosity) (Wang et al., 2017). As soon as genotypes are accessible, further studies are needed to examine possibilities of reducing the *MC* in connection with an adjusted breeding scheme.

The *FoR20-* and *FoR30-strategy* resulted in a significantly higher ΔG than the *FoR10-strategy* ($p = 2 \cdot 10^{-6}$). The highest ΔG was achieved by the *conserve-MC + FoR30* strategy, but was not significantly different from the genetic gain of the *conserve MC + FoR20* strategy. Since selection as well as husbandry and progeny testing of young sires is cost intensive, we recommend to implement the *FoR20-strategy* and conserve the *MC*.

Transfer to a practical breeding scheme

The actual breeding scheme of Vorderwald cattle selected 42 bull calves annually to pass a performance test on station. Subsequently, 2-3 of them were selected to replace sires for artificial insemination after passing a progeny test (Kohl et al., 2019). According to our results, the *FoR20-strategy* is sufficient to maximize ΔG when aOCS is used. However, the simulation is based on the assumption that semen will be taken from all young sires. This is unrealistic because some of them will not be available at the time of production. Based on results of Wathes et al. (2008), we assume that 10% of bull calves might pass away between selection (within 1st month) and progeny testing ($\approx 12^{\text{th}}$ month). Consequently, we recommend to select 22-23 bull calves for a performance test on station. Subsequently, all surviving young bulls should pass a progeny test and produce straws, irrespective of their performance. Thus, at least 20 young sires will be available for annual restock of proven sires. Conclusively, the superior *FoR20-strategy* of simulations is transferred to a practical breeding scheme by implementing a *FoR23-strategy* in reality. This is why we compared costs of the actual breeding scheme to a young sire scheme in connection with a *FoR23-strategy* in *ZPLAN+*.

Furthermore, we highly recommend to accelerate the implementation of selection of elite dams. This would facilitate directed mating with sires of sires. Selection of dams should be optimized by a modified aOCS approach that additionally optimizes female contributions. Consequently, bull calves could be selected not only in the broad population but also among descendants of elite matings (Kohl et al., 2019). This would result in 3 benefits: (I) Further enhanced population parameters (Gandini et al., 2014). (II) Unavailability of bull calves at the time of selection (sale and culling) could be avoided. (III) Simplified selection of bull calves, since dams are known. Currently, 3 160 dams are serviced naturally (Kohl et al., 2019). This is a further obstacle to overcome. In the actual breeding scheme, 80 sires were available for

that task. According to our results, aOCS deployed 39.9 ± 1.3 sires in *conserve-MC + FoR20*. This shows that fewer sires will be available for natural mating. To meet this practical constraint, we recommend to keep young sires alive after production of straws till birth cohort B_{t-4} . Thus, those would be available for broad deployment of ≈ 2 years. Parts of B_{t-2} (i.e. after progeny testing), B_{t-3} and B_{t-4} . Hence, 40-60 young sires (replacement rate and mortality rate) will be available for natural service. The biggest challenge of implementing optimum contributions in the naturally serviced dam population, is the organization of stock bull availability in single herds. Kohl et al. (2019) proposed a stock-bull-to-herd rotation program. On one hand, the accuracy of breeding value estimation could be improved through enhanced estimation of herd effects. On the other hand, this will cause organizational challenges, since sharing stock bulls will compromise the hygienic status of herds. Several approaches are conceivable to overcome that problem. The first option might be, to put stock bulls under quarantine as those arrive at each herd. However, this approach has some drawbacks: Reasonable quarantine periods of mammals should last for a minimum of 30 days (Miller, 1996). At best, one stock bull could serve 11 herds per year, by complying this quarantine period. However, as aOCS is introduced to a naturally serviced dam population, there is a need for several stock bulls per herd. Thus, practicability of this approach depends on the number of herds using natural service. As a second approach, we thought of a farm cooperative solution. Thus, consistent groups of farms would share stock bulls, minimizing hygienic risks of single herds since their hygienic status should converge over time. However, quarantine periods would still be necessary as stock bulls are supplied from one farm cooperative to the other. Additionally, the necessity of introducing optimum contributions in farm cooperatives by usage of several stock bulls is still a problem. Small scale breeders might have space problems related to the need of bull paddocks to keep unused bulls till these are delivered. Furthermore, it is unclear which farms should set up the quarantine facilities and who will bear the costs. As a result, we propose two approaches, where one of these should be chosen depending on the possibilities of the breeding organization: (I) A bull leasing system with the breeding organization as lessor. Since genomic breeding value estimation has conquered the livestock breeding environment, most breeding organizations still have huge properties where waiting bulls have formerly been kept. Those could be used to keep stock bulls to be leased by the breeders. Thus, the hygienic status of stock bulls would be equal and could be managed professionally. (II) Epidemic units, where higher scale breeders should set up quarantine facilities to keep several stock bulls and organize stock bull delivery to connected smaller scale breeders. In both approaches, hygienic

concepts have to be developed by the breeding organization in connection with the breeders themselves. Additionally, the increasing aggressiveness of eldering stock bulls is a well-known problem among practitioners. This is the main reason of restricting the usage of stock bulls to four years of age. This restriction is flexible as it is subjective and might be breed specific. Additionally, the increasing aggressiveness of eldering stock bulls could be a new trait to be implemented in the breeding objective of Vorderwald cattle. Further studies are needed to examine the possibilities for that. Schreiner (2018) has shown that higher costs of required measures on farm distract breeders to sign conservation breeding contracts. Additionally, the payout structures of subsidies for conserving genetic agrobiodiversity at Germany are too inflexible. Breeding organizations are legal entities. Thus, those are disqualified from subsidies by the “GAK-Förderzahlungen” (Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft, 2016). The subsidies for breeders are exclusively connected to keeping a breeding animal and participation in a corresponding breeding scheme. This problem has been outspoken several times, but political actions are still missing. Required measures, i.e. setting up quarantine facilities or a bull leasing system, to effectively conserve endangered livestock breeds should be subsidized separately. In reality, breeders are discouraged to invest in required measures without having a financial benefit. Thus, applicability of the modelled breeding scheme is questionable till the funding of required measures is clarified. Additionally, Schreiner (2018) mentioned that monitored pairing discourages breeders to sign conservation breeding contracts. However, the underlying aOCS approach optimizes exclusively the contributions of sires to the following birth cohort. The selection in the dam path and the pairing remains a core competence of breeders. However, the pairing decisions of breeders will be compromised by the estimated optimum contributions of sires. As soon as the estimated contribution of a sire reaches the optimum, the breeding organization should stop supplying the corresponding semen and stock bulls within the chosen time frame. In addition to the scientific work of this study, we had participative meetings about the aOCS methodology and necessary adjustments to the breeding scheme to sensitize the breeders. Marsoner et al. (2018) investigated the socio-ecological and cultural value of indigenous breeds. The authors reported about the maintenance of cultural landscapes, the contribution to cultural heritage and identity and the promotion of tourism through locally adopted breeds. The Vorderwald cattle breed contributes to those benefits in the region of the Schwarzwald in Germany. Thus, the lost profits of keeping Vorderwald cattle instead of a commercial breed were tolerated among breeders so far. Additionally, the breeders of Vorderwald cattle obtain subsidies for conserving the native genetic background

of an endangered breed, although the *MC* of Vorderwald cattle already exceeds 60% with a $N_{e(nat)}$ of 34. Eventually, the breeders might accept the compromises on breeding decisions. The lost profits have already been accepted in the past and the effective management of the *MC* is imperative to not lose the eligibility for future subsidies.

Breeding costs

ZPLAN+ was used to compare costs of the actual breeding scheme and the young sire scheme in connection with a *FoR23-strategy* and 10 matings for progeny testing of each young sire. Since *ZPLAN+* is based on selection index theory, population parameters were omitted. The actual breeding scheme of Vorderwald cattle accepts accuracies of *EBVs* of young sires depending on 25-30 daughters (Hartwig et al., 2013). Actually, 250-300 matings are required for progeny tests of 2-3 young sires annually. According to Kohl et al. (2019) 14-15 matings per young sire are sufficient to maximize ΔG in the broad population when aOCS is used. Therefore, progeny tests of 23 young sires would result in 322-345 matings in total. Thus, the number of matings for progeny testing, and subsequent costs, increase by 15-30%. However, the *FoR23-strategy* will reduce performance tests of bull calves on station (23 toward 42). The arising savings of reduced performance tests will overcompensate the expenses of increased progeny testing. As a result, implementing aOCS with the recommended superior strategies will reduce costs by 1.1%, according to *ZPLAN+*. Finally, a comparison of expected ΔG underpins financial benefits. The rate of ΔG of *conserve-MC + FoR20* was 4.85% higher compared to extrapolated ΔG in reality. Unfortunately, accurate values for monetary assessment of ΔG are not available for Vorderwald cattle. However, financial benefits will further expand.

Behind practical aspects

Behind practical aspects, data flow, work flow and accountable actors of the breeding scheme have to be defined. In most cases, the breeding organization is responsible for registration of breeding animals in the stud book. At Baden-Württemberg in Germany, breeding value estimation is a state-owned task. Therefore, the breeding organization of Vorderwald cattle supplies stud book data to governmental authorities. Following the breeding value estimation, aOCS should be conducted. Two options are conceivable here. On one hand, aOCS could be implemented at the governmental authority that drives the breeding value estimation. In this way, the breeding organization has to supply additional data that identifies the living dam population and available sires. The backflow of data would contain estimated breeding values,

optimum contributions of breeding animals and selection proposals for elite animals calculated by aOCS (dams of sires and sires of sires). As an opportunity of this option all calculation and estimation tasks are consolidated. A drawback is the more complicated data flow and the need for communication paths, as results of the aOCS approach might seem questionable sometimes. On the other hand, governmental authorities could supply merely the estimated breeding values to the breeding organization (As done so far). In this way, aOCS would be conducted at the breeding organization itself. As an opportunity of this approach, data division would remain the same and questions about results of the aOCS approach could be scrutinized within the breeding organization itself. Normally, all of the mentioned tasks are consolidated within the breeding organization. Thus, the data flow, work flow and appointment of accountable actors is an internal issue of the breeding organization.

Additional information

In this study we used

$$ub.natKin_{t+1} = \emptyset natKin_{2012} + (t - 2011) * \Delta f_{nat},$$

as the upper bound for $natKin$ in birth cohort $t+1$. An alternative would be to use

$$ub.natKin_{t+1} = \emptyset natKin_t + (1 - \emptyset natKin_t) * \Delta f_{nat},$$

where $\emptyset natKin_t$ is the mean native kinship of selection candidates in year t . However, this led to a bias because matings for progeny tests of young sires were not optimized by aOCS, although these contribute to $\emptyset natKin$ in year $t+1$. Thus, $\emptyset natKin$ increased at another rate than expected. This bias in $ub.natKin_{t+1}$ would accumulate over the years. As a result, $N_{e(nat)}$ would vary between 78-93, although it should have been constrained to 100. To be on the safe side and avoid an accumulation of errors over the years, $ub.natKin_t$ should be constrained as done in this study.

Additionally, this study proves the possibility of controlling Δf by setting an upper bound only for Δf_{nat} . Values for N_e varied within 93.2-114.0 across all scenarios. Despite the large variation of N_e across scenarios, the variation within scenarios was rather small (Table 1, SDs of Δf). Effective population sizes of 50-100 have been suggested to keep a breed vital in the long-term (Meuwissen, 2009). Thus, restricting only Δf_{nat} is sufficient to manage the genetic diversity of the breed.

Conclusion

The examined scenarios and the corresponding breeding costs revealed the potential to reduce the MC with pedigree data and the potential of implementing aOCS in Vorderwald cattle in connection with a young sire breeding scheme. Replacing pedigree-based estimates of the MC by genomic estimates after no more than 2 generations of selection on reduced MC turned out to be mandatory for a breeding program that aims at recovering the native genetic background of a breed. From a conservational perspective, it would be desirable to implement the *reduce-MC-strategy*. However, subsidies for keeping the breed are not sufficient to compensate expenses. Thus, the ΔG should not decrease in comparison to the actual population parameters. Implementation of the *conserve-MC + FoR23-strategy* would create sufficient ΔG , manage Δf_{nat} at the desired level, conserve MC and keep costs within an acceptable range. Unfortunately, the implementation of aOCS to an existing breeding scheme presumes investments in required measures. The funding of those measures has to be clarified before. Additionally, the freedom of breeding decisions by breeders will be restricted by the estimated optimum contributions of sires. Eventually, the funding of required measures and the required contracts with breeders might be the biggest obstacles to overcome when implementing aOCS in a practical breeding scheme.

Acknowledgements

The authors thank the Rinderunion Baden-Württemberg e.V, the Ministry of Rural Affairs, Food and Consumer Protection Baden-Wuerttemberg and the H. Wilhelm Schaumann Stiftung for financing the project, the State Agency for Spatial Information and Rural Development Baden-Württemberg for the workstation and Prof. Dr. Jörn Bennewitz and the department of Animal Genetics and Breeding (460g) at the University of Hohenheim for their support.

Declaration of interest

None

Ethics statement

None

Software and data repository resources

The data and the simulation code will be archived at the State Agency for Spatial Information and Rural Development Baden-Württemberg at Kornwestheim, Germany. Access might be given after a consultation with the Rinderunion Baden-Württemberg e.V. and the Breeding Value Estimation Team Baden-Württemberg.

References

- Bennewitz J and Meuwissen THE 2005. Estimation of Extinction Probabilities of Five German Cattle Breeds by Population Viability Analysis. *Journal of Dairy Science* 88, 2949–2961.
- Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft 2016. Rahmenplan der Gemeinschaftsaufgabe "Verbesserung der Agrarstruktur und des Küstenschutzes" für den Zeitraum 2016 -2019. Retrieved on 23 January 2017, from <https://www.bmel.de/SharedDocs/Downloads/Landwirtschaft/Foerderung/GAK-Foerderungsgrundsaeetze/2016/Foerderbereich1-A.html>.
- Gandini G, Stella A, Del Corvo M and Jansen GB 2014. Selection with inbreeding control in simulated young bull schemes for local dairy cattle breeds. *Journal of Dairy Science* 97, 1790–1798.
- Hartwig S, Wellmann R, Hamann H and Bennewitz J 2013. Pedigreeanalysen zur Beschreibung der genetischen Variabilität bei Vorderwälder, Hinterwälder und Limpurger. *Zuchtungskunde* 85, 270–88.
- Hartwig S, Wellmann R, Hamann H and Bennewitz J 2014. The contribution of migrant breeds to the genetic gain of beef traits of German Vorderwald and Hinterwald cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 131, 496–503.
- Hazel LN and Lush JL 1942. The efficiency of three methods of selection. *Journal of Heredity* 33, 393–399.
- Hill WG 1974. Prediction and evaluation of response to selection with overlapping generations. *Animal Science* 18, 117–139.
- Koenig S and Simianer H 2006. Approaches to the management of inbreeding and relationship in the German Holstein dairy cattle population. *Livestock Science* 103, 40–53.
- Kohl S and Herold P 2017. Problemanalyse zur Implementierung der Selektion nach optimierten Genbeiträgen in kleinen Populationen. *Züchtungskunde* 89, 345–358.
- Kohl S, Wellmann R and Herold P 2019. Advanced optimum contribution selection as a tool to improve regional cattle breeds: a feasibility study for Vorderwald cattle. *Animal*, 1–12. doi:10.1017/S1751731119001484.
- MacCluer JW, Boyce AJ, Dyke B, Weitkamp LR, Pfenning DW and Parsons CJ 1983. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *Journal of Heredity* 74, 394–399.
- Marsoner T, Egarter Vigl L, Manck F, Jaritz G, Tappeiner U and Tasser E 2018. Indigenous livestock breeds as indicators for cultural ecosystem services: A spatial analysis within the Alpine Space. *Ecological Indicators* 94, 55–63.

- Meuwissen TH 1997. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *Journal of animal science* 75, 934–940.
- Meuwissen T 2009. Genetic management of small populations: A review. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A — Animal Science* 59, 71–79.
- Miller RE 1996. Quarantine protocols and preventive medicine procedures for reptiles, birds and mammals in zoos: -EN- -FR- -ES-. *Revue Scientifique et Technique de l'OIE* 15, 183–189.
- Pedersen LD, Sørensen AC, Henryon M, Ansari-Mahyari S and Berg P 2009. ADAM: A computer program to simulate selective breeding schemes for animals. *Livestock Science* 121, 343–344.
- Rutten MJM, Bijma P, Woolliams JA and Arendonk JAM van 2002. SelAction: software to predict selection response and rate of inbreeding in livestock breeding programs. *The Journal of heredity* 93, 456–458.
- Schreiner JA 2018. Saving the breeds: German Farmers' preferences for Endangered Dairy Breed conservation programs. *Proceedings in Food System Dynamics* 0, 182–193.
- Täubert H, Reinhardt F and Simianer H 2010. ZPLAN+, a new software to evaluate and optimize animal breeding programs. In *Proceedings of the 9th world congress on genetics applied to livestock production, 2010, Leipzig, Germany*, p. 0950.
- Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. 2011. ZPLAN+: A software to evaluate and optimise animal breeding programs. Retrieved on 01 September 2018, from <https://service.vit.de/zplanplus/help/ZPLANOnlinedocumentation.pdf>.
- Wang Y, Segelke D, Emmerling R, Bennewitz J and Wellmann R 2017. Long-Term Impact of Optimum Contribution Selection Strategies on Local Livestock Breeds with Historical Introgression at the Example of German Angler Cattle. *G3: Genes, Genomes, Genetics* 7, 4009–4018.
- Wathes DC, Brickell JS, Bourne NE, Swali A and Cheng Z 2008. Factors influencing heifer survival and fertility on commercial dairy farms*. *Animal* 2, 1135–1143.
- Wellmann R, Hartwig S and Bennewitz J 2012. Optimum contribution selection for conserved populations with historic migration. *Genetics Selection Evolution* 44, 34.
- Woolliams JA, Berg P, Dagnachew BS and Meuwissen THE 2015. Genetic contributions and their optimization. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 132, 89–99.

Allgemeine Diskussion

Durch die vorliegende Arbeit sollten (I) verschiedene OCS Methoden auf ihre Anwendbarkeit beim Vorderwälder Rind geprüft werden, (II) eine Machbarkeitsstudie zur empirischen Absicherung der Anwendbarkeit der gewählten OCS Methode beim Vorderwälder Rind durchgeführt werden, (III) routinemäßige Anwendungen zur Implementierung an der Landesanstalt für Geoinformation und Landentwicklung Baden-Württemberg entwickelt und (IV) ein Zuchtprogramm zur Umsetzung in der Praxis entwickelt werden. Zusätzlich wurden Grenzen der aOCS Methode des R-Pakets *optiSel* identifiziert. Da die vorliegende Arbeit dem Schutz und der Konservierung genetischer Ressourcen dient, wird auf aktuelle Entwicklungen innerhalb des Vorderwälder Zuchtprogramms hingewiesen, die den genetischen Erhalt der Rasse gefährden. Abschließend werden Möglichkeiten zur züchterischen Bearbeitung von kleinen Populationen wie Hinterwälder und Limpurger mit OCS-ähnlichen Strategien entwickelt und ein Ausblick für die Anwendbarkeit genomischer Daten in kleinen Rassen gegeben.

In der Literatur werden zwei OCS Methoden unterschieden. (I) Die klassische OCS nach Meuwissen (1997b) bzw. Meuwissen und Sonesson (1998) optimiert die genetischen Beiträge der Selektionskandidaten zur nächsten Generation bzw. der nächsten Geburtskohorte. Das Ziel der Optimierung ist die Maximierung des Zuchtfortschritts unter Einhaltung einer vorgegebenen Inzuchtrate. Durch Regulation der Inzuchtrate wird die genetische Diversität der betrachteten Rasse konserviert. Diese OCS Methode wird in verschiedenen Softwarepaketen wie GENCONT-2 (Dagnachew und Meuwissen, 2015) oder EVA (Berg et al., 2006) umgesetzt, kann allerdings bei lokalen Rassen mit historischer Einkreuzung zur Leistungssteigerung nicht angewendet werden. Allele, die zur Leistungssteigerung in eine vormals geschlossene Population eingekreuzt wurden, führen zu verringerten Verwandtschaftskoeffizienten ihrer Träger zur Population. Da diese Allele positiv mit Leistungsmerkmalen des Zuchtziels korreliert sind (Wellmann et al., 2012), steigt auch der Erwartungswert der geschätzten Zuchtwerte der Träger. Somit würde die klassische OCS Methode bevorzugt Träger rassefremder Allele zur Nachzucht selektieren. Dies führt zu einer Verdrängungszucht nativer Allele und langfristig zum genetischen Aussterben der Rasse. Da ein Ziel des Vorderwälder Zuchtprogramms die Erhaltung nativer genetischer Diversität ist, konnten klassische OCS Methoden zur Anwendung beim Vorderwälder Rind ausgeschlossen werden. (II) Die zweite identifizierte OCS Methode ist die erweiterte OCS (engl. advanced OCS, aOCS) nach Wellmann et al. (2012). Neben der Maximierung des Zuchtfortschritts

unter Einhaltung einer vorgegebenen Inzuchtrate, besteht die Erweiterung dieser OCS Methode in der zusätzlichen Betrachtung fremdgenetischer Anteile und der Verwandtschaft an nativen Genorten (**Kapitel 2** und **Kapitel 3**). Daraus resultieren die Möglichkeiten, nicht nur die klassische genetische Diversität, sondern vor allem die native genetische Diversität zu konservieren und die Originalität der betrachteten Rasse zu erhalten. Erst durch Einbeziehung dieser zusätzlichen Parameter wird die Implementierung einer OCS Methode in lokalen Rassen mit historischer Einkreuzung zur Leistungssteigerung ermöglicht. Die aOCS ist im R-Paket *optiSel* integriert und frei verfügbar (Wellmann, 2019). In **Kapitel 2** konnte bewiesen werden, dass auch die Abschnittsselektion eine verringerte native genetische Diversität gegenüber der klassischen genetischen Diversität beim Vorderwälder Rind zur Folge hatte. Bei der Abschnittsselektion werden genetisch überlegene Tiere zur Nachzucht der Population eingesetzt. Somit steigt auch hier die Wahrscheinlichkeit Individuen zur Nachzucht zu selektieren, die höhere fremdgenetische Anteile in sich tragen. Schlussfolgernd kann nur die aOCS zur Bearbeitung lokaler Rassen mit historischer Einkreuzung zur Leistungssteigerung empfohlen werden. Dementsprechend wurde die aOCS zur Durchführung der Machbarkeitsstudie genutzt.

In **Kapitel 2** und **Kapitel 3** wurde eine Machbarkeitsstudie durchgeführt. Bei Konservierung der fremdgenetischen Anteile und einer jährlichen Remontierungsrate von 20 geprüften Besamungsbullen (Szenario *conserve-MC + FoR20* aus **Kapitel 3**) konnte in der Simulationsstudie eine Rate des Zuchtfortschritts von 1,24 Punkten pro Jahr festgestellt werden. Die Parameterkonstellation dieses Simulationsszenarios wurde als wahrscheinliches Optimum in Bezug auf maximalen Zuchtfortschritt identifiziert. Die simulierte Rate des Zuchtfortschritts ist mit den Ergebnissen anderer Studien vergleichbar. Gandini et al. (2014), auf deren Studie das entwickelte Zuchtprogramm der vorliegenden Arbeit basierte, simulierten eine weibliche Population von 6 000 Kühen. Dies entspricht der angenommenen weiblichen Populationsgröße der vorliegenden Arbeit. Um diese Kuhpopulation zu remontieren, wurden 16 Jungbullen ohne Nachkommenprüfung im Alter von einem Jahr für ein Jahr zur Anpaarung eingesetzt. Zusätzlich wurde eine Heritabilität von 0,3 für ein einzelnes Merkmal im Zuchtziel angenommen, was mit der vorliegenden Arbeit vergleichbar ist ($h^2 = 0,25$). Unter diesen Voraussetzungen konnten Gandini et al. (2014) eine Rate des jährlichen Zuchtfortschritts von 0,155 genetischen Standardabweichungen erzeugen. Nach Übertragung auf das deutsche Modell von 12 Punkten pro genetischer Standardabweichung, erhält man eine jährliche Rate des Zuchtfortschritts von 1,86 Punkten ($0,155 * 12 = 1,86$) in deren Studie. Durch den Einsatz sehr junger Bullen sollte das Generationenintervall relativ

stark von dem in dieser Arbeit verwendeten (5,41 nach Hartwig et al. (2013)) abweichen. Ein verkürztes Generationenintervall ist eine plausible Erklärung für die höhere Rate des Zuchtfortschritts von 0,62 Punkten pro Jahr ($1,86 - 1,24 = 0,62$). Die zusätzliche Konservierung der fremdgenetischen Anteile im Optimierungsprozess der aOCS in der vorliegenden Arbeit gegenüber der Arbeit von Gandini et al. (2014) müsste ebenfalls zur geringeren Rate des Zuchtfortschritts beigetragen haben. Um die Plausibilität der vorliegenden Ergebnisse weiter zu untermauern kann die Studie von Sánchez-Molano et al. (2016) herangezogen werden. In deren Studie wurde ausschließlich der Bullenpfad mit OCS optimiert, ähnlich der vorliegenden Arbeit. Die angenommene Heritabilität des Merkmalskomplexes lag bei $h^2 = 0,3$. Unter diesen Voraussetzungen konnte eine Rate des jährlichen Zuchtfortschritts zwischen 1,5 und 1,8 Punkten simuliert werden. Die erhöhte Rate des Zuchtfortschritts lässt sich durch die Verwendung genomischer Selektion erklären. Zusätzlich wurden auch hier keine fremdgenetischen Anteile berücksichtigt. Die Rate des Zuchtfortschritts der vorliegenden Arbeit (1,24 Punkte pro Jahr) übertraf die durchschnittliche Rate des Zuchtfortschritts der realen Daten zwischen 2005 und 2015 (1,18 Punkte pro Jahr). Zusätzlich zu dieser Erhöhung des Zuchtfortschritts um 5,1 % würden auch die Kosten für die Umsetzung des entwickelten Zuchtprogramms aus **Kapitel 2** gegenüber den aktuellen Kosten sinken (- 1,1 %, **Kapitel 3**). Natürlich spiegeln diese Ergebnisse die Anwendung der aOCS unter Simulationsbedingungen wider. Unter realen Bedingungen muss sowohl auf der Nutzenseite (Rate des Zuchtfortschritts, Konservierung der fremdgenetischen Anteile, Konservierung der nativen genetischen Diversität) als auch der Kostenseite (Kosten der Umsetzung des entwickelten Zuchtprogramms) mit Einbußen gerechnet werden, da bspw. die optimalen genetischen Beiträge nicht zu 100 % umgesetzt werden können. Allerdings kann die erhöhte Rate des Zuchtfortschritts im Vergleich zu realen Daten bei gleichzeitig reduzierten Kosten des Zuchtprogramms als Bestätigung für die Anwendbarkeit der aOCS beim Vorderwälder Rind angesehen werden. Eine Reduzierung der fremdgenetischen Anteile ist, wie in **Kapitel 3** gezeigt, möglich. Allerdings kann diese basierend auf Pedigreedaten nur eingeschränkt empfohlen werden. Die negative Auswirkung auf die Rate des Zuchtfortschritts ist hochsignifikant, sollte aber für andere Rassen individuell evaluiert werden. Der negative Effekt auf die Rate des Zuchtfortschritts wurde auch bei Wang et al. (2017b) festgestellt. Die simulierten Szenarien ihrer Studie sind vergleichbar mit der vorliegenden Arbeit, mit Restriktionen für die klassische genetische Diversität, native genetische Diversität und fremdgenetischen Anteilen der Folgegeneration.

Optimierungsprozess für die ersten drei Jahre

In **Kapitel 2** und **Kapitel 3** wurden unterschiedliche Optimierungsprozesse verwendet. Die gewonnenen Erkenntnisse werden im Folgenden genutzt, um einen funktionierenden Optimierungsprozess für die routinemäßige Anwendung am Landesamt für Geoinformation und Landentwicklung Baden-Württemberg zu formulieren. Damit sollen die Vorteile beider Herangehensweisen kombiniert und Schwächen entfernt werden. Der Kandidatensatz des Optimierungsprozesses setzt sich aus der lebenden Kuhpopulation und verfügbaren Besamungsbullen zum Zeitpunkt t zusammen.

Das Ergebnis einer aOCS Anwendung für überlappende Generationenintervalle ist ein Vektor c mit optimierten genetischen Beiträgen c_{it} jedes Individuums i zur nächsten Geburtskohorte $t+1$. c_{it} kann nicht negativ sein:

$$c_{it} \geq 0$$

Die genetischen Beiträge beider Geschlechter ergeben in Summe 0,5, da die genetischen Anteile diploider Spezies je zur Hälfte maternal und paternal sind:

$$c_t' s = 0,5 \text{ und } c_t' d = 0,5,$$

wobei s und d Vektoren zur Bestimmung des Geschlechts sind (0/1).

In **Kapitel 1** wurde die Selektion im Kuhpfad als Kernkompetenz der Züchter identifiziert. Durch persönliche Korrespondenz auf regionalen Verbandstreffen des Vorderwälder Rinds, muss davon ausgegangen werden, dass eine Einschränkung dieser Kernkompetenz die Einführung der aOCS gefährdet. Daher werden ausschließlich die genetischen Beiträge im Bullenpfad optimiert. Im Optimierungsprozess wird dies durch die Gleichsetzung weiblicher genetischer Beiträge zur nächsten Geburtskohorte $t+1$ erreicht:

$$c_t' d_1 = c_t' d_2 = \dots = c_t' d_n$$

Wie in **Kapitel 3** erörtert, sollen lebende Halbbrüder und Söhne, der durch aOCS selektierten Altbullen, zum Übertrag der optimierten genetischen Beiträge in die Kuhpopulation mit Natursprung genutzt werden. In den ersten drei Jahren nach Implementierung der aOCS ist diese Herangehensweise noch nicht umsetzbar. Die benötigten Halbbrüder und Söhne wurden in vorangegangenen Jahren nicht selektiert. Dies ist vergleichbar mit *Stage 1* des Simulationsprozesses aus **Kapitel 1** und hat zur Folge, dass die optimierten genetischen Beiträge nur in der Kuhpopulation mit künstlicher Besamung umgesetzt werden kann.

Deshalb sollte innerhalb dieses Zeitraums ein abgewandelter Optimierungsprozess eingesetzt werden. Dieser optimiert die genetischen Beiträge der männlichen Selektionskandidaten ohne Beschränkung der genetischen Beiträge einzelner Bullen, da die Einsatzfrequenzen nicht durch den Natursprung begrenzt sind. Somit wird die obere Schranke

$$c_t's \leq 0.05$$

in den ersten drei Jahren verworfen.

Die Zielfunktion der aOCS für die breite Population soll den Zuchtfortschritt maximieren um die Attraktivität der Haltung der Rasse zu steigern und somit dem Aussterben der Rasse entgegenzuwirken (**Kapitel 1**). Die Maximierung des Zuchtfortschritts erfolgt durch die Maximierung des Terms

$$c_t'EBV,$$

wobei *EBV* ein Vektor der geschätzten Zuchtwerte der Selektionskandidaten darstellt. Die Maximierung von $c_t'EBV$ erfolgt unter weiteren Restriktionen. Wang et al. (2017a) stellten die Hypothese auf, dass die Beschränkung der nativen Inzuchtrate (Δf_{nat}) ausreicht um auch die klassische Inzuchtrate (Δf) zu restriktieren. Diese Annahme konnte in **Kapitel 2** bestärkt und durch **Kapitel 3** abgesichert werden. Daher wird die Beschränkung von Δf in der routinemäßigen Anwendung der aOCS verworfen. Die Schranke für Δf_{nat} bleibt bestehen und kontrolliert zeitgleich Δf . Dies vereinfacht die Formulierung des Optimierungsprozesses und beschleunigt die Berechnungszeiten. Zur Sicherung der nativen genetischen Diversität und Erhaltung einer langfristig vitalen Rasse, wird eine native effektive Populationsgröße ($N_{e(nat)}$) von 100 angestrebt (Meuwissen, 2009). Somit kann Δf_{nat} für überlappende Generationenintervalle pro Jahr wie folgt berechnet werden:

$$\Delta f_{nat} = \frac{1}{2 * N_{e(nat)} * L} = 0,092,$$

wobei L das Generationenintervall der Vorderwälder Rasse von 5,41 nach Hartwig et al. (2013) darstellt. Bei der Erarbeitung des Optimierungsprozesses für **Kapitel 3**, wurde die Schranke für Δf_{nat} zunächst folgendermaßen formuliert:

$$ub.natKin_{t+1} = natKin_t + \Delta f_{nat},$$

wobei $natKin_t$ der durchschnittliche native Inzuchtkoeffizient der lebenden Vorderwälder Population zum Zeitpunkt t ist.

Die iterative Berechnung von $natKin_t$ führte zur Akkumulation von Fehlern (**Kapitel 3**). Daher wird die Schranke für $natKin_{t+1}$ wie folgt formuliert:

$$ub.natKin_{t+1} = natKin_1 + \Delta f_{nat} * (t + 1)$$

Die Verwendung des Fixwertes $natKin_1$ verhindert die Akkumulation der Fehler, die auch durch Abweichungen der realisierten von den approximierten optimierten genetischen Beiträgen in der Praxis entstehen können. Diese Formulierung sollte in kleinen Populationen immer dann angewendet werden, wenn ein Teil der Nachkommen aus nicht optimierten Anpaarungen stammt oder davon auszugehen ist, dass die approximierten optimierten Beiträge nicht realisiert werden können (z.B. durch hohe Natursprunganteile).

Durch die hohen fremdgenetischen Beiträge (engl. migrant contribution, MC) von 61 %, ist eine Reduktion dieser wünschenswert. In **Kapitel 3** wurde die Möglichkeit einer Verringerung der MC erforscht. Innerhalb des Optimierungsprozesses muss ein Optimierungsproblem gelöst werden. Im Verlauf der Simulationsstudien wurde festgestellt, dass ab einer jährlichen Reduktion der MC um 0,36 % das Optimierungsproblem nach drei Generationenintervallen nicht mehr lösbar ist. Somit könnte die MC in einem Zeitraum von 20 Jahren um 7,0 % reduziert werden (20 Jahre * (- 0,35 %/ Jahr)). Bezogen auf das aktuelle Niveau der MC von 61 % und den Zeitraum von 20 Jahren, scheint dies subjektiv marginal. Zusätzlich führt die Reduktion der MC im Optimierungsprozess zu signifikant verringertem Zuchtfortschritt (**Kapitel 3**). Die Vorderwälder Population wurde in Leistungsmerkmalen des Milch- und Fleischkomplexes von kommerziellen Rassen abgehängt. Die Subventionszahlungen zur Erhaltung der Rasse reichen nicht aus, um den entgangenen Nutzen aus der Haltung des Vorderwälder Rindes gegenüber kommerziellen Rassen zu kompensieren (**Kapitel 1**). Verringerter Zuchtfortschritt durch die Reduktion der MC im Optimierungsprozess führt zur weiteren Ausdehnung der finanziellen Nachteile. Somit würde die Attraktivität der Haltung weiter eingeschränkt, was zu einer Erhöhung der Aussterbewahrscheinlichkeit der Rasse führt (Meuwissen, 2009). Sobald genomische Daten verfügbar werden, sollte eine effektivere Reduzierung der MC überprüft werden (**Kapitel 2**). Unter diesen Voraussetzungen kann eine Reduktion der MC im pedigreebasierten Optimierungsprozess nicht empfohlen werden. Daher wird die MC im routinemäßigen Optimierungsprozess nicht reduziert, sondern konserviert:

$$ub.MC_{t+1} = MC_1,$$

wobei MC_I der durchschnittlichen MC der Population zum Zeitpunkt der Einführung der aOCS entspricht.

Optimierungsprozess zur Selektion von Bullenmüttern und -väter

In **Kapitel 2** und **Kapitel 3** wird die gezielte Anpaarung (Eliteanpaarung) von Bullenvätern und Bullenmüttern empfohlen. Männliche Nachkommen der Eliteanpaarungen (Jungbullen) sollen die Nachzucht geprüfter Altbullen erstellen. Die benötigte Anzahl geprüfter Jungbullen zur Remontierung geprüfter Altbullen setzt die Selektion von mindestens 46 Bullenmüttern voraus (Abschnitt - „Entwickeltes Zuchtprogramm“). Zur Selektion der Bullenmütter und -väter wird ein weiterer Optimierungsprozess formuliert. Der Kandidatensatz bleibt bestehen. Der Optimierungsprozess erfüllt die Voraussetzungen aller OCS Anwendungen mit

$$c_{it} \geq 0$$

und

$$c_t's = 0,5 \text{ und } c_t'd = 0,5$$

Im Vergleich zum Optimierungsprozess für die breite Population, wird die Selektion im Kuhpfad ermöglicht. Dies wird durch Verwerfen des Terms

$$c_t'd_1 = c_t'd_2 = \dots = c_t'd_n$$

erreicht. In Anlehnung an die Beschränkung der maximalen genetischen Beiträge der männlichen Kandidaten in der breiten Population, werden die weiblichen Beiträge beschränkt:

$$c_t'd \leq 0,0005$$

Somit werden mindestens 100 Bullenmütter selektiert ($c_t'd/100 = 0,0005$). Um das Risiko genetischer Flaschenhälse zu reduzieren sollen mindestens fünf Bullenväter selektiert werden. Daher werden die genetischen Beiträge der Bullen im Optimierungsprozess beschränkt:

$$c_t's \leq 0,1$$

Um die native genetische Diversität der Population zu konservieren, soll diese in den Nachkommen der Eliteanpaarungen maximiert werden. Eine Maximierung der nativen genetischen Diversität wird durch Minimierung des Erwartungswerts der durchschnittlichen Verwandtschaft an nativen Genorten erreicht. Dieser Erwartungswert

$$natKin_{t+1},$$

ist eine rationale Funktion von c_t . Die Minimierung der Funktion erfolgt unter weiteren Beschränkungen. Männliche Nachkommen aus Eliteanpaarungen sollen im späteren Verlauf des Zuchtprogramms als geprüfte Altbullen in der breiten Population eingesetzt werden. Somit sollte deren durchschnittlicher Zuchtwert mindestens überdurchschnittlich sein. Dies wird durch eine untere Schranke erreicht:

$$lb.BV_{t+1} = \mu + x,$$

wobei μ dem Populationsmittel und x der Abweichung vom Populationsmittel entspricht. Abschließend sollte die MC zukünftiger geprüfter Bullen höchstens dem Populationsmittel entsprechen. Deshalb wird die Beschränkung der MC aus dem Optimierungsprozess für die breite Population übernommen:

$$ub.MC_{t+1} = MC_1$$

Das Ergebnis des Optimierungsprozesses ist wiederum ein Vektor c_t mit optimierten genetischen Beiträgen der Selektionskandidaten. Höhere genetische Beiträge stehen synonym für einen höheren genetischen Wert. Dieser basiert auf der gewählten Zielfunktion und den gewählten Schranken und ist somit eine Kombination aus geschätztem Zuchtwert, natKin und MC. Die optimierten Beiträge der Bullenväter können in der Anpaarungsfrequenz der Eliteanpaarungen direkt umgesetzt werden. Bullenmütter mit positiven genetischen Beiträgen stellen lediglich eine Empfehlung dar. Eine phänotypische Bewertung des Exterieurs muss beibehalten werden, wobei Bullenmütter mit höheren optimierten Beiträgen zu präferieren sind. Diese letzte Selektionsstufe der Bullenmütter wurde im Optimierungsprozess durch die Selektion von mindestens 100 Bullenmütter ermöglicht. Innerhalb dieser Gruppe von 100 potentiellen Kandidatinnen müssen 46 zur Nachzucht selektiert werden.

Optimierungsprozess ab dem vierten Jahr

Ab der Einführung der aOCS werden Jungbullen, nach erfolgtem Testeinsatz und Samenproduktion, lebend erhalten und als Deckbullen eingesetzt. Nach den ersten drei Jahren führt dies zu einer Akkumulation von etwa 40 Deckbullen (**Kapitel 3** und Abschnitt „Entwickeltes Zuchtprogramm“, Abbildung 1). Diese dienen dem Übertrag der optimierten genetischen Beiträge der selektierten Altbullen in die Kuhpopulation unter Natursprung. Um dies zu erreichen werden Deckbullen eingesetzt die das direkteste Verwandtschaftsverhältnis zu selektierten Altbullen haben (Halbbrüder, Söhne, Enkel, usw.). Auf diese Weise können zumindest die optimierten genetischen Beiträge des Bullenpfades in die

Natursprungpopulation übertragen werden. Um eine ausreichende Anzahl von Deckbullen zu gewährleisten, werden ab dem vierten Jahr die genetischen Beiträge der männlichen Selektionskandidaten beschränkt:

$$c_t's \leq 0.05$$

Dies führt zur Selektion von mindestens zehn männlichen Besamungsbullen pro Anpaarungsrunde ($c_t's / 10 = 0.05$) und ausreichend vielen Halbbrüdern und Söhnen um die Natursprungpopulation zu bedienen.

Grenzen der aOCS

Im Optimierungsprozess der aOCS kann die Selektion einer Mindestanzahl von Kandidaten formuliert werden. Allerdings ist die Beschränkung der genetischen Beiträge einzelner Selektionskandidaten nicht möglich. Einfacher ausgedrückt: Es ist möglich mindestens 10 geprüfte Altbullen zu selektieren, aber eine Mindestanzahl von Nachkommen pro selektiertem Altbullen kann nicht formuliert werden. Dies wäre vor allem in kleinen Populationen wünschenswert, da zu geringe genetische Beiträge dazu führen, dass einzelne Bullen nur einen einzigen Nachkommen erzeugen sollen. Der Nutzen eines einzelnen Nachkommen, in Bezug auf die Konservierung der genetischen Diversität, ist fragwürdig. Sollte exakt dieser Nachkomme männlich sein und in Folgegenerationen nicht zur Nachzucht selektiert werden, wird die übertragene genetische Diversität in späteren Generationen einen Flaschenhals durchlaufen. Auch wenn die approximierten genetischen Beiträge statistisch gesehen optimal sind, sollten sie unter praktischen Gesichtspunkten hinterfragt werden. Zu geringe Beiträge einzelner Selektionskandidaten zur Folgegeneration sollten verworfen werden. Diese könnten den Selektionskandidaten zugesprochen werden, die ebenfalls geringe genetische Beiträge zur Folgegeneration leisten sollen, aber bessere Chancen versprechen auch zukünftig konserviert zu werden.

Entwickeltes Zuchtprogramm

Basierend auf dem verwendeten Zuchtprogramm aus **Kapitel 2** wurde ein praxisrelevantes Zuchtprogramm entwickelt und in Abbildung 1 visualisiert. Das Zuchtprogramm ermöglicht die Umsetzung der aOCS in kleinen Populationen und wurde für die Umsetzung unter realen Bedingungen entworfen. Im Simulationsprozess der **Kapitel 2** und **Kapitel 3** konnten

produzierte Spermapailletten für 13 Jahre in der künstlichen Besamung eingesetzt werden. In **Kapitel 3** wurde eine jährliche Remontierungsrate von 23 geprüften Jungbullen als Optimum ermittelt. Dies resultiert, nach 13 Jahren aktiver Anwendung des Zuchtprogramms, in einer männlichen Zuchtpopulation von 299 geprüften Besamungsbullen. Die Selektion und Eliteanpaarung der Bullenmütter und -väter wurden bereits erörtert. Unter Annahme einer Gleichverteilung männlicher und weiblicher Nachkommen aus den Eliteanpaarungen, werden durchschnittlich 23 Bullenkälber geboren. Diese durchlaufen eine Leistungsprüfung auf Station. Gemäß der Mortalitätsraten nach Wathes et al. (2008) stehen nach der Leistungsprüfung durchschnittlich 20 - 21 Jungbullen für eine Nachkommenprüfung zur Verfügung. Ein Nachteil kleiner Populationen ist der verhältnismäßig große Anteil von Herdbuchkühen die für Testanpaarungen mit Jungbullen benötigt werden. Dieser Anteil ist durch die benötigten Sicherheiten der Zuchtwerte der geprüften Jungbullen vor deren Ersteinsatz in der breiten Population bedingt. Häufig führt dies, wie beim Vorderwälder Rind, zu erst spät bekannten Zuchtwerten der geprüften Jungbullen und damit zu verlängerten Generationenintervallen auf dem Vater-Sohn-Pfad (Hartwig et al., 2013). In **Kapitel 2** konnte bewiesen werden, dass das bisherige Ausmaß von etwa 50 – 60 Testanpaarungen pro Jungbulle (**Tabelle 1 – Kapitel 2**) unter Anwendung der aOCS obsolet ist. Der Einfluss der Sicherheiten der Zuchtwerte der geprüften Jungbullen auf die Rate des Zuchtfortschritts war nicht signifikant. Zehn Testanpaarungen pro Jungbulle reichten unter Simulationsbedingungen aus, um Sicherheiten der Zuchtwerte von $\sim 0,5$ zu erreichen. Dies ist vergleichbar mit der Sicherheit genomischer Zuchtwerte vor der Steigerung des Blendings mit steigender Anzahl von Nachkommenleistungen. Basierend auf den Mortalitätsraten nach Wathes et al. (2008) sind bei der Übersetzung des entwickelten Zuchtprogramms in die Praxis 14 – 15 Testanpaarungen pro Jungbulle ausreichend (**Kapitel 2**). Damit wird eine Sicherheit der Zuchtwerte der Jungbullen von $\sim 0,5$ gewährleistet. Allerdings muss auf eine ausreichende Risikostreuung beim Ersteinsatz der geprüften Jungbullen in Einzelherden geachtet werden. Diese Risikostreuung hat sich in genomischen Zuchtprogrammen großer Rassen bewährt. Eine weitere Selektion der Jungbullen findet nicht statt. Entgegen der Indexselektion ist der genetische Wert der Jungbullen nicht alleine durch ihren Zuchtwert definiert. Ein geringer nativer Verwandtschaftskoeffizient zur Gesamtpopulation oder ein geringer fremdgenetischer Anteil können für spätere Optimierungsprozesse wertvoll werden.

Die Übertragung der optimierten genetischen Beiträge der Bullen in die weibliche Zuchtpopulation unter Anwendung des Natursprungs stellt eine Herausforderung dar. Praxistaugliche Lösungsansätze wurden in **Kapitel 3** vorgestellt. Die Haltung der Deckbullen

sollte auf das dritte Lebensjahr beschränkt werden, was einen Einsatz für zwei Jahre ermöglicht. Dieser zweijährige Einsatz erklärt die 40 lebenden Deckbullen bei einer Remontierungsrate von 20 geprüften Jungbullen per Anno. Die Beschränkung des Lebensalters der Deckbullen verringert das Generationenintervall des Vater-Kuh-Pfads und bezieht praxisrelevante Faktoren mit ein. Es ist allgemein bekannt, dass Deckbullen mit steigendem Alter ein steigendes Aggressionspotential aufweisen. Dies gefährdet die Züchter bei direktem Umgang mit älteren Deckbullen.

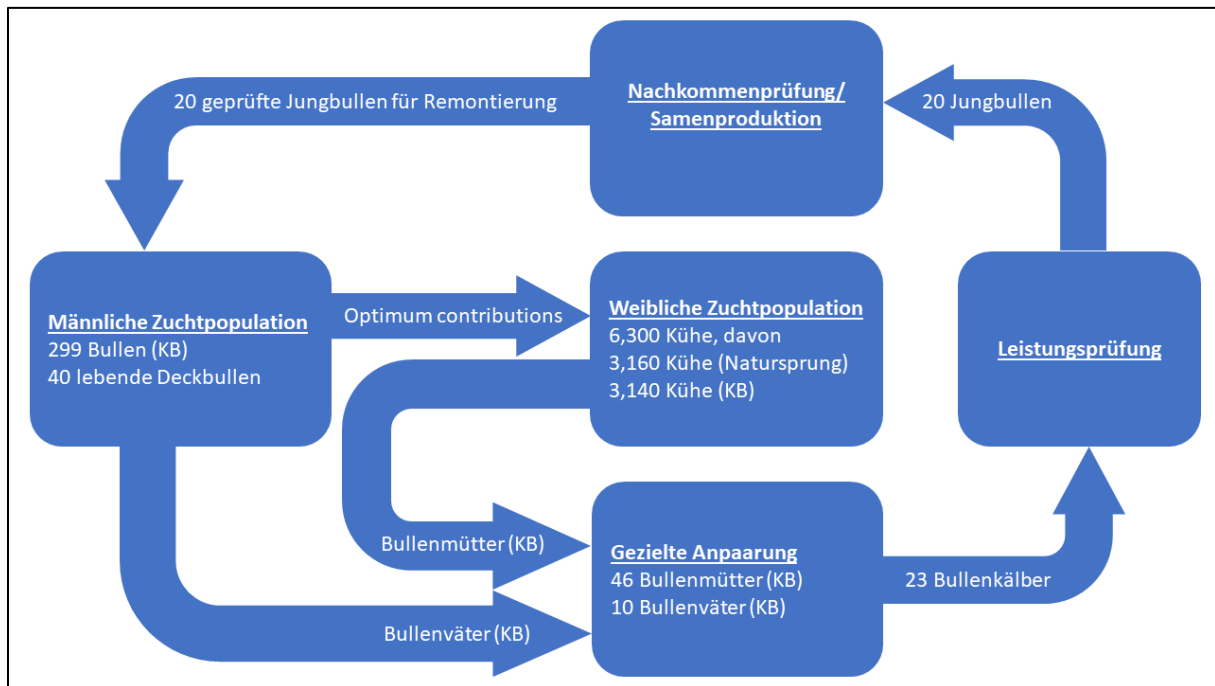


Abbildung 1: Entwickeltes Zuchtprogramm zur Anwendung der aOCS beim Vorderwälder Rind.

Gefährdung der Rasse

Ein großer Wunsch der Vorderwälder-Züchter ist eine Zucht auf Hornlosigkeit. Um diesem Zuchtziel näher zu kommen ist die gezielte Einkreuzung hornloser Fleckviehbullen geplant (Dr. Franz Maus, mündliche Mitteilung; Dr. Alfred Weidele, mündliche Mitteilung). Hierzu sollen hornlose Fleckviehbullen an Bullenmütter der Vorderwälder Rasse angepaart werden. Die heterozygot hornlosen (Pp) männlichen Nachkommen dieser Anpaarungen dienen der Verbreitung des P -Allels in der breiten Population. In folgenden Generationen werden homozygot hornlose Vorderwälder Bullen selektiert, um die Verbreitung der Hornlosigkeit zu beschleunigen. Von dieser Vorgehensweise wird hiermit abgeraten. Die erneute Einkreuzung von Fleckviehbullen, mit einem fremdgenetischen Anteil von 100 %, führt zwangsläufig zur

Erhöhung der MC ihrer direkten Nachkommen und somit auch zur Erhöhung der MC in der breiten Population. Aktuell liegt die MC bei ~ 61 %. Dies schränkt bereits heute die Förderwürdigkeit der Rasse zur Erhaltung genetischer Ressourcen ein. Bei weiterer, bewusster, Erhöhung der fremdgenetischen Anteile muss davon ausgegangen werden, dass Subventionszahlungen ihre Berechtigung verlieren. Die daraus resultierenden ökonomischen Nachteile erhöhen die Aussterbewahrscheinlichkeit der Rasse. Des Weiteren handelt es sich bei der genetischen Hornlosigkeit um eine spontane Punktmutation (Wiedemar et al., 2014), die auch innerhalb der Vorderwälder Rasse auftreten kann. Verstärkte Sensibilisierung der Vorderwälder Züchter zur Selektion genetisch hornloser Bullenkälber wäre eine angemessenere Herangehensweise, um die genetische Hornlosigkeit zu etablieren.

Zur Konsolidierung der Rasse werden bis heute Tiere in das Vorbuch der Vorderwälder Rasse aufgenommen. Die Aufnahme beruht auf phänotypischer Zuordnung zur Vorderwälder Rasse und setzt kein bekanntes Pedigree voraus. Die Nachkommen dieser Tiere steigen in der Herdbuchklasse auf, sofern sie aus Anpaarungen mit Vorderwälder Herdbuchtieren stammen. So wird ein Anschluss an den Stammbaum geschaffen. Hiermit wird darauf hingewiesen, dass diese Herangehensweise keinen belegbaren Beitrag zur Konsolidierung der Rasse leistet, da die Abstammung der beschriebenen Tiere unbekannt ist. Somit kann auch keine Aussage über deren MC oder Verwandtschaftskoeffizienten zur Population getroffen werden. Durch die fehlenden Informationen sind sie für die Anwendung der aOCS nicht nutzbar. Die Aufnahme weiterer Tiere sollte ein Pedigree von mindestens drei vollen Generationen voraussetzen. Dies entspricht dem Kriterium zur Aufnahme als Selektionskandidat für den Optimierungsprozess mit aOCS.

Hinterwälder und Limpurger

Im Rahmen des Projekts wurde bei den Rassen Hinterwälder und Limpurger eine zu geringe Datenstruktur festgestellt. Eine Milchleistungsprüfung ist zwar vorhanden, wird aber mit nur 23 % aller Hinterwälder Herdbuchkühe und 22 % aller Limpurger Herdbuchkühe kaum wahrgenommen. Somit fehlen Zuchtwerte für die meisten Hinterwälder Tiere. Beim Limpurger Rind wird aktuell eine Fleischleistungsprüfung implementiert. Die Entwicklung einer Zuchtwertschätzung für das Limpurger Rind kann erst nach Umsetzung der Fleischleistungsprüfung erfolgen, wodurch gar keine Zuchtwerte vorhanden sind. Zusätzlich ist beim Limpurger Rind die Pedigreetiefe nicht ausreichend. Mit nur 1,2 äquivalenten

Generationen in der breiten Population (Hartwig et al., 2013) können keine sicheren Verwandtschaftsverhältnisse berechnet werden. Dies macht einen Optimierungsprozess mit aOCS unmöglich. Der Zuchtfortschritt beider Rassen kann durch fehlende Zuchtwerte nicht optimiert werden. Zukünftig sollten Zuchtziele lokaler Rassen vor allem deren Alleinstellungsmerkmale beinhalten. Auf diese Art und Weise könnte man sich von kommerziellen Rassen abheben und sich für Änderungen der zukünftigen züchterischen Umwelt wappnen (siehe folgender Abschnitt). Neue Merkmale wie Grünlandeignung, Trittsicherheit, Robustheit, Genügsamkeit oder Eignung zur Mutterkuhhaltung eignen sich hierzu. Bei der Formulierung solcher neuen Merkmale muss die züchterische Evaluierung mit einer geeigneten Leistungsprüfung gewährleistet sein. Ein großer Vorteil wäre die ökonomische Nutzung. Die zusätzlichen Kosten eines solchen Zuchtziels könnten, gerade bei kurzen Vermarktungsketten (Direktvermarktung), gewinnbringend an den Endverbraucher weitergegeben werden (**Kapitel 1**). Beim Hinterwälder Rind könnten die nativen Verwandtschaftskoeffizienten der Zuchttiere zur Population oder deren MC als Selektionskriterium genutzt werden. Beispielsweise ist die Festlegung einer maximalen MC selektierter Jungbullen ein geeignetes Werkzeug um die Rasse effektiv zu bearbeiten. Somit wäre eine weitere Ausdehnung der fremdgenetischen Anteile in der Rasse ausgeschlossen. Zusätzlich könnte eine möglichst geringe native Verwandtschaft zur Population als Selektionskriterium herangezogen werden. Somit würde die native genetische Diversität konserviert. Im Verbund mit einem Einkreuzungsverbot fremder Rassen und dem hohen Natursprunganteil beim Hinterwälder Rind (84 %) könnten diese Maßnahmen ausreichen, um die vorliegenden Rassen zu bearbeiten. Unter Umständen wäre damit die Notwendigkeit einer aOCS Methode obsolet. Dies sollte mit ähnlichen Simulationsstudien empirisch abgesichert werden sobald eine ausreichende Datenstruktur vorliegt. Nach erfolgreicher Aufarbeitung des Limpurger Pedigrees sollten Verwandtschaftskoeffizienten und fremdgenetische Anteile der Zuchttiere berechnet werden. Im Anschluss können die beschriebenen Ansätze auf das Limpurger Rind übertragen werden.

Einsatz genomischer Daten

Kommerzielle Rassen werden immer mehr mit Hilfe genomischer Daten züchterisch bearbeitet und auch in kleinen Rassen werden diese immer mehr gefordert. Allerdings muss der Mehrwert genomischer Daten in kleinen Rassen wie Vorderwälder und Hinterwälder hinterfragt werden. Die Kosten der Erstellung einer ausreichend großen Lernstichprobe sinkt

durch fallende Preise für SNP-Chips und Einsatz kleinerer SNP-Chips mit anschließender Imputation fehlender SNPs. Allerdings können die Kosten in Kleinstrassen immer noch nicht durch den Nutzen gedeckt werden (Boichard et al., 2015). Zusätzlich ist die Anzahl phänotypisierter Tiere limitiert und erschwert somit die Erstellung einer ausreichend großen Lernstichprobe. Dies spiegelt sich im Zitat „In the age of the genotype.....phenotype is king!“ (Coffey, 2011) wider. Diese Einschränkungen können durch rassenübergreifende Lernstichproben umgangen werden. Eine Voraussetzung dafür ist ein relativ nahes Verwandtschaftsverhältnis der Rassen untereinander. Somit käme durch die Zuchthistorie der Vorderwälder eine rasseübergreifende Lernstichprobe aus Vorderwälder, Hinterwälder und Montbéliard in Frage (Hartwig et al., 2014a). Vorderwälder Tiere wurden in der Hinterwälder Population zur Zucht eingesetzt (Hartwig et al., 2014a), was ein nahes Verwandtschaftsverhältnis der beiden Rassen vermuten lässt. Zusätzlich wurden schon im Jahr 2014, 16 000 Montbéliardkühe sowohl phäno- als auch genotypisiert (Boichard et al., 2015). Die Phänotypisierung beinhaltet allerdings keine neuen Merkmale die für die vorliegende kleine Population wichtig wären. Dies schränkt die Verwendung der Rasse Montbéliard zur Erstellung einer Referenzpopulation für das Vorderwälder Rind ein. Durch die Zuchthistorie der Hinterwälder Rasse könnte für diese eine rasseübergreifende Lernstichprobe aus Hinterwäldern, Vorderwäldern und Fleckvieh bestehen (Hartwig et al., 2014a). Bei der Erstellung der Lernstichproben sollte vor allem auf die Familienstruktur der inkludierten Tiere geachtet werden. Die Familienstruktur beeinflusst die Genauigkeit der geschätzten genomischen Zuchtwerte. Die Genauigkeit steigt mit abnehmenden Verwandtschaftsverhältnissen (Thomasen et al., 2014). Bei geringeren Verwandtschaftsverhältnissen der Lernstichprobe könnte mit kleineren Lernstichproben eine ausreichende Genauigkeit der geschätzten genomischen Zuchtwerte erreicht und unnötige Kosten umgangen werden. Kleinstrassen wurden in Leistungsmerkmalen des Milch- und Fleischkomplexes von kommerziellen Rassen wie Holstein uneinholbar abgehängt. Somit stellt sich eine weitere Frage: Wie können genomische Daten in Kleinstrassen sinnvoll verwendet werden? Ein denkbarer Lösungsansatz ist die Konservierung seltener Genvarianten für neue Merkmale (Boichard et al., 2015). Diese seltenen Genvarianten haben in kommerziellen Rassen, durch starke Selektion auf Leistungsmerkmale und deren negative Korrelation zu Fitnessmerkmalen, einen genetischen Flaschenhals durchlaufen. Durch die Definition neuer Merkmale, Integration dieser Merkmale ins Zuchtziel und Anwendung geeigneter Leistungsprüfungen, könnten Kleinstrassen wie Vorderwälder und Hinterwälder einen großen Beitrag zur Konservierung seltener Genvarianten und der Agrobiodiversität

leisten. Somit ist der Mehrwert genomischer Daten in diesen Rassen gegeben. Dies spiegelt sich im Zitat “In the age of genotype, the breeding objective is queen” (Sessiontitel 42 der EAAP-Tagung 2015) wider. Die Kosten der Genotypisierung einer Lernstichprobe wäre besser zu rechtfertigen und könnte somit durch nationale bzw. internationale Förderprogramme getragen werden. Durch den Verbund aus Konservierung seltener Genvarianten und Anwendung einer aOCS Methode zur Verbesserung des Inzuchtmanagements und gleichzeitiger Maximierung des Zuchtfortschritts, könnten Vorderwälder und Hinterwälder als Vorbild und Modellpopulation für kommerzielle Rassen dienen. Die Implementierung der OCS, aOCS oder OCS-ähnlichen Strategien in kommerziellen Rassen wie Holstein ist dann nur noch eine Frage von Rechenkapazitäten (**R**andom **A**ccess **M**emory). Diese sollten bei den rasanten Entwicklungen in diesem Sektor bald gelöst sein (Parkin and Yang, 2015). Zusätzlich würde die Konservierung seltener Genvarianten in der Vorderwälder und Hinterwälder Rasse die Rechtfertigung der Förderung durch das Agrarumweltprogramm des Landes Baden-Württemberg (FAKT) zur Konservierung der Agrobiodiversität wiederherstellen, selbst bei stark erhöhten fremdgenetischen Anteilen von etwa 60 % wie beim Vorderwälder Rind.

Literatur

- Andersen-Ranberg IM, Klemetsdal G, Heringstad B and Steine T 2005. Heritabilities, Genetic Correlations, and Genetic Change for Female Fertility and Protein Yield in Norwegian Dairy Cattle. *Journal of Dairy Science* 88, 348–355.
- Avendaño S, Villanueva B and Woolliams JA 2003a. Expected increases in genetic merit from using optimized contributions in two livestock populations of beef cattle and sheep. *Journal of animal science* 81, 2964–2975.
- Avendaño S, Villanueva B and Woolliams JA 2003b. Expected increases in genetic merit from using optimized contributions in two livestock populations of beef cattle and sheep. *Journal of Animal Science* 81, 2964–2975.
- Berg P, Nielsen J and Sørensen MK 2006. EVA: realized and predicted optimal genetic contributions. *Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil, 13-18 August, 2006*, 27–09.
- BMEL (Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft) 2016. Rahmenplan der Gemeinschaftsaufgabe Verbesserung der Agrarstruktur und des Küstenschutzes“ für den Zeitraum 2016 -2019.
- Boichard D, Ducrocq V and Fritz S 2015. Sustainable dairy cattle selection in the genomic era. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 132, 135–143.
- Bussemer N, Brodauf W, Maus F and Werkmeister F 1996. Der Umgang mit einer Perle- Die Zucht der Vorderwälderrasse. In *Perlen des Schwarzwaldes- Festschrift zum 100-jährigen Jubiläum der organisierten Zucht der Schwarzwälder Kaltblutpferde und der Vorderwälder-Rinder*, pp. 129–135. Zuchtverband für Fleckvieh und Wäldervieh im RZV.
- Butler D 2009. asreml: asreml() fits the linear mixed model. R package version 3.0. www.vsni.co.uk.
- Coffey M 2011. Phenotyping that maximizes the value of genotyping.
- Dagnachew BS and Meuwissen TH 2015. GENCONT-2: A program for calculation of Optimal Genetic Contributions. Norwegian University of Life Sciences (NMBU).
- Falconer DS 1967. INTRODUCTION TO QUANTITATIVE GENETICS. OLIVER AND BOYD LTD.
- Falconer DS and Mackay TF 1996. Introduction to quantitative genetics. *Trends in Genetics* 12, 280.
- GAK- Rahmenplan 2015.

- Gandini GC, Ollivier L, Danell B, Distl O, Georgoudis A, Groeneveld E, Martyniuk E, van Arendonk JAM and Woolliams JA 2004. Criteria to assess the degree of endangerment of livestock breeds in Europe. *Livestock Production Science* 91, 173–182.
- Gandini G, Stella A, Del Corvo M and Jansen GB 2014. Selection with inbreeding control in simulated young bull schemes for local dairy cattle breeds. *Journal of Dairy Science* 97, 1790–1798.
- Goddard MG and Smith C 1990. Optimum Number of Bull Sires In Dairy Cattle Breeding - pdf.
- Hartwig S, Wellmann R, Hamann H and Bennewitz J 2013. Pedigreeanalysen zur Beschreibung der genetischen Variabilität bei Vorderwälder, Hinterwälder und Limpurger. *Züchtungskunde* 85, 270–88.
- Hartwig S, Wellmann R, Hamann H and Bennewitz J 2014a. The contribution of migrant breeds to the genetic gain of beef traits of German Vorderwald and Hinterwald cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 131, 496–503.
- Hartwig S, Wellmann R, Hamann H and Bennewitz J 2014b. The contribution of migrant breeds to the genetic gain of beef traits of German Vorderwald and Hinterwald cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 131, 496–503.
- Hazel LN and Lush JL 1942. THE EFFICIENCY OF THREE METHODS OF SELECTION*. *Journal of Heredity* 33, 393–399.
- Hermas SA, Young CW and Rust JW 1987. Effects of Mild Inbreeding on Productive and Reproductive Performance of Guernsey Cattle. *Journal of Dairy Science* 70, 712–715.
- Hill WG 1974. Prediction and evaluation of response to selection with overlapping generations. *Animal Science* 18, 117–139.
- Kearney JF, Wall E, Villanueva B and Coffey MP 2004. Inbreeding Trends and Application of Optimized Selection in the UK Holstein Population. *Journal of Dairy Science* 87, 3503–3509.
- Knapp B and Nordskog AW 1946. Heritability of Growth and Efficiency in Beef Cattle. *Journal of Animal Science* 5, 62–70.
- Koenig S and Simianer H 2006. Approaches to the management of inbreeding and relationship in the German Holstein dairy cattle population. *Livestock Science* 103, 40–53.
- Kohl S and Herold P 2017. Problemanalyse zur Implementierung der Selektion nach optimierten Genbeiträgen in kleinen Populationen. *Züchtungskunde* 89, 345–358.

- Kohl S, Wellmann R and Herold P 2020. Advanced Optimum Contribution Selection as a tool to improve regional cattle breeds – a feasibility study for Vorderwald cattle. *Animal*, 14(1):1-12. doi:10.1017/S1751731119001484.
- Kohl S, Wellmann R and Herold P 2020. Implementation of advanced Optimum Contribution Selection in small-scale breeding schemes: prospects and challenges in Vorderwald cattle. *Animal*, 14(3):452-463. doi: 10.1017/S1751731119002295.
- MacCluer JW, Boyce AJ, Dyke B, Weitkamp LR, Pfenning DW and Parsons CJ 1983. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *Journal of Heredity* 74, 394–399.
- Meuwissen TH 1997a. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *Journal of animal science* 75, 934–940.
- Meuwissen TH 1997b. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *Journal of animal science* 75, 934–940.
- Meuwissen T 2009. Genetic management of small populations: A review. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A — Animal Science* 59, 71–79.
- Meuwissen TH and Sonesson AK 1998. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding: overlapping generations. *Journal of animal science* 76, 2575–2583.
- Miller RE 1996. Quarantine protocols and preventive medicine procedures for reptiles, birds and mammals in zoos: -EN- -FR- -ES-. *Revue Scientifique et Technique de l'OIE* 15, 183–189.
- Oliehoek PA and Bijma P 2009. Effects of pedigree errors on the efficiency of conservation decisions. *Genetics Selection Evolution* 41, 9.
- Parkin S and Yang S-H 2015. Memory on the racetrack. *Nature Nanotechnology* 10, 195–198.
- Sánchez-Molano E, Pong-Wong R and Banos G 2016. Genomic-Based Optimum Contribution in Conservation and Genetic Improvement Programs with Antagonistic Fitness and Productivity Traits. *Frontiers in Genetics* 7.
- Sonesson AK and Meuwissen TH 2000. Mating schemes for optimum contribution selection with constrained rates of inbreeding. *Genetics Selection Evolution* 32, 231.
- Sonesson AK and Meuwissen THE 2002. Non-random mating for selection with restricted rates of inbreeding and overlapping generations. *Genetics Selection Evolution* 34, 23–39.
- Sørensen MK, Sørensen AC, Baumung R, Borchersen S and Berg P 2008. Optimal genetic contribution selection in Danish Holstein depends on pedigree quality. *Livestock Science* 118, 212–222.

- Täubert H, Reinhardt F and Simianer H 2010. ZPLAN+, a new software to evaluate and optimize animal breeding programs. In Proceedings of the 9th world congress on genetics applied to livestock production.
- Thomasen JR, Sørensen AC, Lund MS and Guldbrandtsen B 2014. Adding cows to the reference population makes a small dairy population competitive. *Journal of Dairy Science* 97, 5822–5832.
- Utrera AR 2004. Heritability estimates for carcass traits of cattle: a review. *Genetics and Molecular Research* 3, 380–394.
- Villanueva B, Woolliams JA and Simm G 1994. Strategies for controlling rates of inbreeding in MOET nucleus schemes of beef cattle.
- Wang Y, Bennewitz J and Wellmann R 2017a. Novel optimum contribution selection methods accounting for conflicting objectives in breeding programs for livestock breeds with historical migration. *Genetics, selection, evolution: GSE* 49, 45.
- Wang Y, Segelke D, Emmerling R, Bennewitz J and Wellmann R 2017b. Long-Term Impact of Optimum Contribution Selection Strategies on Local Livestock Breeds with Historical Introgression at the Example of German Angler Cattle. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, g3.300272.2017.
- Wathes DC, Brickell JS, Bourne NE, Swali A and Cheng Z 2008. Factors influencing heifer survival and fertility on commercial dairy farms*. *animal* 2, 1135–1143.
- Weigel KA 2001. Controlling Inbreeding in Modern Breeding Programs. *Journal of Dairy Science* 84, Supplement, E177–E184.
- Weigel KA and Lin SW 2000. Use of Computerized Mate Selection Programs to Control Inbreeding of Holstein and Jersey Cattle in the Next Generation. *Journal of Dairy Science* 83, 822–828.
- Weigeland KA and Lin SW 2002. Controlling Inbreeding by Constraining the Average Relationship Between Parents of Young Bulls Entering AI Progeny Test Programs. *Journal of Dairy Science* 85, 2376–2383.
- Wellmann R 2017. optiSel: Optimum Contribution Selection and Population Genetics. <https://CRAN.R-project.org/package=optiSel>.
- Wellmann R 2019. Optimum contribution selection for animal breeding and conservation: the R package optiSel. *BMC Bioinformatics* 20, 25.
- Wellmann R, Hartwig S and Bennewitz J 2012. Optimum contribution selection for conserved populations with historic migration. *Genet Sel Evol* 44, 34.

- Wiedemar N, Tetens J, Jagannathan V, Menoud A, Neuenschwander S, Bruggmann R, Thaller G and Drögemüller C 2014. Independent Polled Mutations Leading to Complex Gene Expression Differences in Cattle. PLOS ONE 9, e93435.
- Wiggans GR, VanRaden PM and Zurbier J 1995. Calculation and Use of Inbreeding Coefficients for Genetic Evaluation of United States Dairy Cattle. Journal of Dairy Science 78, 1584–1590.
- Woolliams J a., Berg P, Dagnachew B s. and Meuwissen T h. e. 2015a. Genetic contributions and their optimization. Journal of Animal Breeding and Genetics 132, 89–99.
- Woolliams JA, Berg P, Dagnachew BS and Meuwissen THE 2015b. Genetic contributions and their optimization. Journal of Animal Breeding and Genetics 132, 89–99.
- Wray N and Goddard M 1994. Increasing long-term response to selection. Genetics, Selection, Evolution : GSE 26, 431–451.

Danksagungen

Ich danke allen Beteiligten des Projekts, sowie den Geldgebern für meine Promotionszeit.

Spezieller Dank geht an Frau Priv. Doz. Dr. Pera Herold für die stetige Unterstützung. Ich durfte im Projekt großes Mitspracherecht erfahren und konnte eigene Ideen und Ansätze einbringen und umsetzen. Der unkomplizierte Umgang auf Augenhöhe war immer respektvoll und förderlich.

Herrn Prof. Dr. Dirk Hinrichs danke ich für die Zweitbegutachtung der Dissertation.

Herrn Prof. Dr. Jörn Bennewitz danke ich nicht nur für die Übernahme der Drittbegutachtung, sondern vor allem dafür, schon während meiner Masterstudienzeit mein Interesse an der Tierzucht geweckt zu haben. Gerade die Didaktik der Vorlesungen und der menschliche Umgang mit den Studenten hat mich tief beeindruckt.

Ein besonderes Dankeschön geht auch an Herrn Dr. rer. nat. Dr. sc. agr. Robin Wellmann. Viele Ideen zur Entwicklung der Simulationsstudien hatten ihren Ursprung in fachlich kompetenten Gesprächen, die nicht zwangsläufig im Arbeitsalltag stattfanden. Sobald ich an die Grenzen meiner programmiertechnischen Fähigkeiten stieß, konnte ich immer an eine Tür klopfen.

Dem Zuchtwertschätzteam Baden-Württemberg am LGL in Kornwestheim möchte ich für die fachliche Unterstützung bei der praktischen Umsetzung des Projekts danken. Herrn Dr. Henning Hamann für die Beratung bei statistischen und technischen Fragen sowie Herrn Peter Lorenz und Frau Antje Lange für die Unterstützung bei der Formulierung der routinemäßigen Anwendungen.

Weiterer Dank geht an meine Doktorandenkollegen und -kolleginnen, die mir während meiner Promotionszeit am LGL und Fachgebiet mental bei Seite standen:

Ich hatte in Frau Marie Wolber eine angenehme Büropartnerin gefunden, die gelegentlich auch meinen Missmut ertragen musste.

Spezieller Dank geht an Herrn Dr. Markus Schmid für den kompetenten fachlichen Rat und die Durchsicht meiner Publikationen und der Dissertationsschrift.

Frau Dr. Maria Maushammer, Frau Annik Just und Frau Clarissa Dreher danke ich für den freundschaftlichen Umgang und die fachlichen Diskussionen.

Danksagungen

Außerdem geht mein Dank an die Rinderunion Baden-Württemberg e.V. und das Ministerium für Ländlichen Raum und Verbraucherschutz Baden-Württemberg für die Finanzierung des Projekts, und an das Landesamt für Geoinformation und Landentwicklung Baden-Württemberg für den Arbeitsplatz.

Weiterer Dank geht an die H. Wilhelm Schaumann Stiftung die mit ihrer Finanzierung eine Verlängerung der Projektzeit für sechs Monate ermöglicht hat. So konnte das Projekt den Abschluss finden, den es verdient hat.

Herrn Andreas Poh danke ich für die tiefe Freundschaft und Unterstützung auf meinem Weg. Herrn Tolga Can Kiyak danke ich für die Offenbarung neuer Perspektiven und das entgegengebrachte Vertrauen. Erst dadurch wurde mir die Entscheidung für eine Promotion ermöglicht.

Abschließend möchte ich mich bei meiner Familie bedanken. Ohne Sie, wäre mir ein akademischer Werdegang verschlossen geblieben. Rückblickend bin ich dafür sehr dankbar. Meine Eltern, Willi und Marita, haben mich in meinen Lebensentscheidungen immer positiv beeinflusst und unterstützt. Meinem Bruder Christoph und seiner Frau Wenke möchte ich für das offene Ohr danken, wenn es privat mal nicht so lief.

*„Glück ist,
wenn Vorbereitung auf Gelegenheit trifft.“*

(Seneca der Jüngere)

Liste der in die Dissertation eingebundenen Publikationen

S. P. Kohl und P. Herold 2017: Problemanalyse zur Implementierung der Selektion nach optimierten Genbeiträgen in kleinen Populationen. Züchtungskunde, 89, 345–358.

S. P. Kohl, R. Wellmann and P. Herold 2020: Advanced Optimum Contribution Selection as a tool to improve regional cattle breeds – a feasibility study for Vorderwald cattle. Animal, 14(1):1-12. doi:10.1017/S1751731119001484.

S. P. Kohl, R. Wellmann and P. Herold 2020: Implementation of advanced Optimum Contribution Selection in small-scale breeding schemes: prospects and challenges in Vorderwald cattle. Animal, 14(3):452-463. doi: 10.1017/S1751731119002295.

Gesamtliste aller Publikationen

S. P. Kohl und P. Herold 2017: Problemanalyse zur Implementierung der Selektion nach optimierten Genbeiträgen in kleinen Populationen. Züchtungskunde, 89, 345-358.

S. P. Kohl, R. Wellmann and P. Herold 2020: Advanced Optimum Contribution Selection as a tool to improve regional cattle breeds – a feasibility study for Vorderwald cattle. Animal, 14(1):1-12. doi:10.1017/S1751731119001484.

S. P. Kohl, R. Wellmann and P. Herold 2020: Implementation of advanced Optimum Contribution Selection in small-scale breeding schemes: prospects and challenges in Vorderwald cattle. Animal, 14(3):452-463. doi: 10.1017/S1751731119002295.

Curriculum Vitae

PERSÖNLICHE DATEN

Geburtsdatum / -ort 26.05.1987 in Landau in der Pfalz
Staatsangehörigkeit deutsch

Ausbildung

08.1997 - 03.2008 Leibniz Gymnasium, Neustadt a. d. Weinstraße
➤ Abschluss: Abitur

SS 2009 – SS 2015 Universität Hohenheim, Hohenheim
➤ **Abschluss: M. Sc. Agrarwissenschaften (Tierwissenschaften)**

10.2015 - 2020 Universität Hohenheim, Hohenheim
➤ **Promotion in Agrarwissenschaften (Tierzucht)**

Tätigkeiten/ Praktika

01.2002 - 02.2002 BASF AG, Ludwigshafen – Labor Lackforschung
➤ Chemielaborant (Praktikant)

01.2003 - 02.2003 BASF AG, Ludwigshafen – Labor Lackforschung
➤ Chemielaborant (Praktikant)

05.2003 - 05.2006 Partyservice Hans, Hauenstein
➤ Küchenhelfer

06.2006 - 03.2008 Hüttenbrunnen, Edenkoben
➤ Küchenhelfer

07.2007 - 08.2007 TYCO Systems, Speyer
➤ Ferienhelfer in der Produktion

04.2008 - 03.2009 Hof Seeger, Otzberg/ Niederklingen
➤ Praktikum zur Studienorientierung
➤ Mischbetrieb
➤ Geschlossenes System Schweinemast mit ~ 500 Muttersauen
➤ ~ 350 ha Ackerbau

Curriculum Vitae

08.2009 - 09.2009 Landgut Durach KG, Strasburg/ Uckermark
➤ Ackerbaubetrieb > 10 000 ha

Fortbildungen/ Kongresse und Seminare

2009	Kontakte knüpfen – Menschen für sich gewinnen, Bad Blankenburg
2010	Selbstmanagement und Zeitorganisation, Bad Blankenburg
2010	Rethorik – Grundlagen, Hohenheim
2016	Statistische Methoden in Quantitativer Genetik und Tierzüchtung, Schwarzenau
2016	Optimal Contribution Selection (EVA), Hafjell - Norwegen
2017	EAAP, Tallinn - Estland
2017	DGfZ/ GfT Jahrestagung, Hohenheim
2018	DGfZ/ GfT Jahrestagung, Bonn

Zusätzliche Fähigkeiten und Kenntnisse

Sprachkenntnisse	Deutsch, Muttersprache Englisch, fließend in Wort und Schrift Französisch, Grundkenntnisse
EDV	Microsoft Office R (Lehre von Grundkenntnissen möglich) Großrechner (Batchverarbeitung)
Führerschein	Klasse B und A1

Soziales Engagement

Seit 2009 Mitglied der Studentenhilfe Württembergia e.V.

Im Amt als:

SS 2009	Medienwart
WS 2009/10	Medienwart
WS 2010/11	Protokollant und Schriftwart
SS 2011	Kassenwart
WS 2011/12	Vorsitzender

Ort, Datum

Sebastian Kohl

Eidesstattliche Versicherung

Eidesstattliche Versicherung über die eigenständig erbrachte Leistung gemäß § 18 Absatz 3 Satz 5 der Promotionsordnung der Universität Hohenheim für die Fakultäten Agrar-, Natur- sowie Wirtschafts- und Sozialwissenschaften

1. Bei der eingereichten Dissertation zum Thema

Entwicklung und Etablierung eines innovativen Zuchtwertschätzverfahrens für lokale Rinderrassen in Baden-Württemberg

handelt es sich um meine eigenständig erbrachte Leistung.

2. Ich habe nur die angegebenen Quellen und Hilfsmittel benutzt und mich keiner unzulässigen Hilfe Dritter bedient. Insbesondere habe ich wörtlich oder sinngemäß aus anderen Werken übernommene Inhalte als solche kenntlich gemacht.

3. Ich habe nicht die Hilfe einer kommerziellen Promotionsvermittlung oder -beratung in Anspruch genommen.

4. Die Bedeutung der eidesstattlichen Versicherung und der strafrechtlichen Folgen einer unrichtigen oder unvollständigen eidesstattlichen Versicherung sind mir bekannt. Die Richtigkeit der vorstehenden Erklärung bestätige ich. Ich versichere an Eides Statt, dass ich nach bestem Wissen die reine Wahrheit erklärt und nichts verschwiegen habe.

Ort, Datum Unterschrift