

# Projektbericht: Modellbasierter Vergleich alternativer Überwachungsansätze zum Erhalt der Freiheit von BVD in regionalen Rinderpopulationen

---

## Projektteam

Helmholtz Zentrum für Umweltforschung GmbH – UFZ, PG EcoEpi

Martin Lange [Martin.Lange@ufz.de](mailto:Martin.Lange@ufz.de)

Jonas Brock [Jonas.Brock@ufz.de](mailto:Jonas.Brock@ufz.de)

Hans-Hermann Thulke [Hans.Thulke@ufz.de](mailto:Hans.Thulke@ufz.de)

Tierseuchenkasse Sachsen-Anhalt

Alexandra Koch [A.Koch@tierseuchenkassesachsen-anhalt.de](mailto:A.Koch@tierseuchenkassesachsen-anhalt.de)

Landesamt für Verbraucherschutz Sachsen-Anhalt

Kerstin Albrecht [Kerstin.Albrecht@sachsen-anhalt.de](mailto:Kerstin.Albrecht@sachsen-anhalt.de)

Miriam Linder [Miriam.Linder@sachsen-anhalt.de](mailto:Miriam.Linder@sachsen-anhalt.de)

Robert Valerio House [RobertValerio.House@sachsen-anhalt.de](mailto:RobertValerio.House@sachsen-anhalt.de)

Benno Ewert [Benno.Ewert@sachsen-anhalt.de](mailto:Benno.Ewert@sachsen-anhalt.de)

Die Implementierung, Parametrisierung und Validierung des Modells wurde finanziert durch die Tierseuchenkasse Sachsen-Anhalt & Animal Health Ireland. Die inhaltliche Konzeption, Abstimmung und Grundlagenbeschaffung wurden über die Träger des Projektteams finanziert.

Referenz:

Lange M., Albrecht K., Brock J., House R.V., Linder M., Koch A., Ewert B., Thulke H.-H. (2019). Modellbasierter Vergleich alternativer Überwachungsansätze zum Erhalt der Freiheit von BVD in regionalen Rinderpopulationen. Projektbericht. 77 S



# Inhalt

<b>PROJEKTTEAM</b> .....	<b>1</b>
<b>INHALT</b> .....	<b>3</b>
<b>ABBILDUNGSVERZEICHNIS</b> .....	<b>5</b>
<b>EINLEITUNG</b> .....	<b>7</b>
<b>MATERIAL UND METHODEN</b> .....	<b>8</b>
DATENGRUNDLAGE .....	8
HERDENTYPEN .....	8
BETRIEBSSTATISTIK .....	10
MODELL .....	10
ÜBERWACHUNGSANSÄTZE .....	11
<i>Stichprobenkonzepte</i> .....	12
PROGRAMMBUDGET, TESTKOSTEN UND BUDGETKONVERSION .....	12
<i>Programmbudget</i> .....	12
<i>Kostenparameter</i> .....	14
<i>Budgetkonversion</i> .....	14
SIMULATIONSSZENARIEN .....	15
<b>ERGEBNISSE</b> .....	<b>17</b>
ZEITDAUER BIS ZUR ERSTENTDECKUNG EINES EINTRAGS .....	17
ZEITDAUER BIS ZUR ERNEUTEN VIRUSFREIHEIT DER POPULATION NACH EINEM EINTRAG .....	19
INFEKTIONSLAST NACH EINTRAG .....	21
BESTANDSNOTIMPFGUNG ALS REAKTIVE TILGUNGSMÄßNAHME .....	23
UNSIKERHEITSBEWERTUNG .....	24
<b>DISKUSSION</b> .....	<b>25</b>
<b>ANHANG A - HIT-ABFRAGEN</b> .....	<b>28</b>
<b>ANHANG B – ERMITTLUNG DER KOSTEN FÜR PROBENAHMEN IM BETRIEB</b> .....	<b>29</b>
<b>ANHANG C – ÜBERSICHT ALLER SIMULATIONSERGEBNISSE</b> .....	<b>30</b>
<i>Detection</i> .....	30
<i>Eradication</i> .....	31
<i>Peak Pis</i> .....	32
<i>Total Pis</i> .....	33
<i>Total herds</i> .....	34
<i>Sero-prevalence at detection</i> .....	35
<i>Sero-positive herds at detection</i> .....	36
<i>Vaccine doses</i> .....	37
<b>ANHANG D - MODELLDOKUMENTATION</b> .....	<b>38</b>



## Abbildungsverzeichnis

- Abbildung 1:** Herdenklassifikation unter Verwendung der Grobstruktur (B=Mutterkuh, D=Milch, F=Mast, R=Aufzucht) sowie 12 zusätzlicher Charakterisierungsvariablen basierend auf Expertenwissen (von links oben nach rechts unten:  $\log(\text{Tierzahl})$ , Anteil weiblich, Anteil Milchrassen, Anteil abgekalbter, mittlere Kalbungsanzahl abgekalbter, Anteil <12 Monate, Anteil <36 Monate, relative Zukäufe, relative Abgänge, relative Schlachtabgänge, relative Exportabgänge, netto Zukäufe vs Abgänge). 9
- Abbildung 2:** Die acht Betriebstypen im Model und mögliche Kohorten von Tieren, die zwischen den Betriebstypen gehandelt werden. 10
- Abbildung 3:** Verteilung der Entdeckungszeiten (Boxplot) für unterschiedliche Überwachungsansätze (x-Achse). (a) Vergleich volles Budget (Szenario „full“ – dunkelgraue Boxen; intermediäres Budget von 50% („50%“ - hellgraue Boxen) wobei mit 50%-Ohrstanze nur weibliche Kälber getestet werden („tag“ – mittlere Box), sowie AHL-Ansatz mit 68.2% Einsparung („ahl“ – weiße Boxen). Die Zeit bis zur Erstentdeckung ist gemessen bezogen auf die Geburt des ersten PI-Kalbes. Es ist möglich, dass die serologisch positive Mutter des eingestellten PI-Tieres bereits vor der Geburt des ersten PI entdeckt wird. (b) Auswirkung der serologischen Stichprobenentnahme in nur einer (zufälligen) Woche des Jahres („ahl 1x“ - weiße Box) versus an drei Zeitpunkten („ahl 3x“ – dunkelgraue Box, = weiße Box in a). 17
- Abbildung 4:** Verteilung der Zeit bis zur erneuten Tilgung (Boxplot) für unterschiedliche Überwachungsansätze (x-Achse). (a) Vergleich volles Budget (Szenario „full“ – dunkelgraue Boxen; intermediäres Budget von 50% („50%“ - hellgraue Boxen) wobei mit 50%-Ohrstanze nur weibliche Kälber getestet werden („tag“ – mittlere Box), sowie AHL-Ansatz mit 68.2% Einsparung („ahl“ – weiße Boxen). Die Zeit bis zur erneuten Virusfreiheit ist gemessen bezogen auf den Eintragszeitpunkt des mit einem PI-Kalb tragenden Tieres. (b) Auswirkung der serologischen Stichprobenentnahme in nur einer (zufälligen) Woche des Jahres („ahl 1x“ - weiße Box) versus an drei Zeitpunkten („ahl 3x“ – dunkelgraue Box, = weiße Box in a). 20
- Abbildung 5:** (a) Verteilung der Anzahl serologisch positiver Herden zum Zeitpunkt der Erstentdeckung (Boxplot) d.h. wenn die in der Region laufende Überwachung das erste positive Testergebnis erzeugt, für die unterschiedliche Überwachungsansätze (x-Achse). (b) Verteilung der kumulativen Anzahl von Herden mit PI Tieren bis zur endgültigen Wiedertilgung (Boxplot) für die unterschiedliche Überwachungsansätze (x-Achse). Die Auswertestatistik erfolgt für volles Budget (Szenario „full“ – dunkelgraue Boxen; intermediäres Budget von 50% („50%“ - hellgraue Boxen) wobei mit 50%-Ohrstanze nur weibliche Kälber getestet werden („tag“ – mittlere Box), sowie AHL-Ansatz mit 68.2% Einsparung („ahl“ – weiße Boxen). 22
- Abbildung 6:** Simulationsergebnisse unter Annahme hoher Infektiösität des BVD Virus. (a) Verteilung der Zeit bis zur erneuten Tilgung (Boxplot) für unterschiedliche Überwachungsansätze (x-Achse). (b) Verteilung der kumulativen Anzahl von Herden mit PI Tieren bis zur endgültigen Wiedertilgung (Boxplot) für unterschiedliche Überwachungsansätze (x-Achse). (c) Verteilung der insgesamt Verwendeten Impfdosen über alle Simulationen (Boxplot) für unterschiedliche Überwachungsansätze (x-Achse). Im Vergleich die Simulationen ohne Notimpfung („no vacc“ – dunkelgraue Boxen) und mit Notimpfung („vacc“ - weiße Boxen). Die jeweilige Auswertestatistik gilt für das AHL-Budget mit 68.2% Einsparung gegenüber dem vollen Budget. 23
- Abbildung 7:** Verteilung der Entdeckungszeiten (a) und Tilgungszeiten (b) für ein und dieselbe Überwachungsstrategie sero-f-a und dem Budget AHL, d.h. 3 mal 100 Einzelläufe. Die Unterschiede zwischen den drei dargestellten Boxplots sind dem Zufall geschuldet und zeigen an in welcher Größenordnung Unterschiede zwischen verschiedenen Strategien als relevant zu betrachten sind. 25



## Einleitung

Mit diesem Bericht wird ein durch die Tierseuchenkasse Sachsen-Anhalt finanziertes Forschungsprojekt abgeschlossen, das sich mit der epidemiologisch-ökonomischen Bewertung von Überwachungsalternativen einer BVD-freien sachsen-anhaltischen Rinderpopulation auseinandersetzt. Die gewonnenen Einsichten sind speziell auf die sachsen-anhaltischen Gegebenheiten und die Struktur des Rindersektors ausgerichtet, zielen aber ebenso auf eine generelle Einschätzung des Problems der Freiheitsüberwachung bei BVD im EU-Kontext.

Motivation des Projekts war es, mittels eines Simulationsmodells die bisherige BVD-Überwachungsstrategie, hervorgegangen aus dem Bekämpfungsprogramm seit 2004, vor dem Hintergrund der wahrscheinlich bereits erreichten Tilgung in Sachsen-Anhalt zu prüfen. Das Hauptaugenmerk lag bisher auf der Ohrstanzendiagnostik. Im Projekt ging es darum, mithilfe eines Computermodells mögliche und valide Alternativen zu beleuchten, mit denen Kosten gespart werden könnten, ohne dabei den BVD-Tilgungserfolg in Sachsen-Anhalt zu gefährden.

Seit 2016 gibt es keine autochthone BVD-Infektion in Sachsen-Anhalt (in ST entstandene PI-Tiere). Diagnostizierte Befunde lassen sich dem Zukauf von auswärts infizierten Tieren zuordnen, z.B. je ein Wiedereintrag 2016 und 2017 (TSN 2016+2017). Bei der Modellierung wurde daher ein BVD-Eintrag in die Population betrachtet und eine zeitnahe Widertilgung angestrebt.

Die betrachtete Fragestellung verlangt eine prozessorientierte Modellierung, um Einzelheiten des Rindermanagements sowie der Erregerverbreitung abbilden und gezielt manipulieren zu können (siehe Modellbeschreibung im Anhang 1). Dazu wurden verschiedene Datengrundlagen zusammengetragen, die eine sehr genaue Darstellung des Rindersektors in ST erlauben (siehe Abschnitt Datengrundlage). Einige Faktoren der Krankheitsverbreitung sind dennoch mit Unsicherheiten assoziiert und die Ergebnisse werden auf Robustheit gegenüber diesen Unsicherheiten überprüft (Anhang Parameteranalyse).

Im Verlaufe der Projektrealisierung wurden die EU-Tiergesundheitsregularien (AHL – Animal Health Law) für BVD auf Ebene der Mitgliedsstaaten entwickelt und kommuniziert. Die Formulierung des AHL lässt großen Spielraum für die Umsetzung. Deshalb wurde das hier vorgestellte Projekt nicht mehr komplett auf die neuen Regularien ausgerichtet. Trotzdem wurden, soweit sinnvoll, konzeptionelle Brücken zum erwarteten EU-Rechtsakt geschlagen. Dies betrifft insbesondere vorformulierte Anforderungen an die Erlangung eines regionalen Freiheitsstatus als auch quantifizierte Stichprobenpläne zur Diagnostik.

**Zielgröße der Modellanalyse** ist die Zeit bis zur Entdeckung (Timeliness) eines BVD-Eintrags in eine erregerfreie sachsen-anhaltische Rinderpopulation für die alternativen Überwachungsansätze. Des Weiteren wird die Frage beantwortet, wie lange eine erneute Tilgung unter den jeweiligen Überwachungsansätzen benötigt, wenn in befundeten Betrieben reaktiv zur Ohrstanzendiagnostik zurückgekehrt wird. Alle Analysen berücksichtigen die zu erwartenden budgetären Aufwendungen. Dabei wird ein innovativer Ansatz entwickelt, der den direkten Vergleich von Überwachungskonzepten ermöglicht und zugleich Unwägbarkeiten in der ökonomischen Kostenbestimmung weitestgehend vermeidet (siehe Abschnitt Methodik).

Das Projekt basiert technisch auf dem neusten Stand der modellbasierten BVD-Forschung. Darüber hinaus ermöglicht der konsequent partizipatorische Ansatz bei der Modellentwicklung die

Realitätsnähe aller auf dem Markt befindlichen BVD-Modelle nennenswert zu übertreffen und somit den Ergebnissen einen hohen Praxiswert mitzugeben.

## Material und Methoden

### Datengrundlage

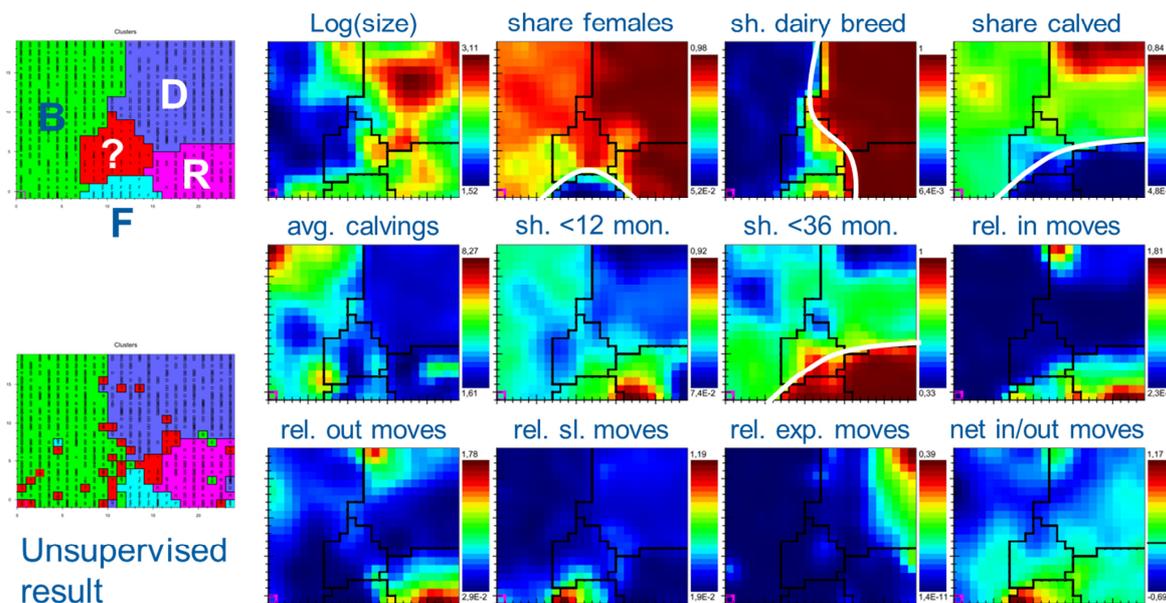
Die folgende Tabelle listet Daten, die verwendet wurden, um die sachsen-anhaltische Rinderpopulation zu beschreiben und im Modell darzustellen. Insbesondere spiegelt diese Tabelle jene Information, die zu überprüfen und in der Verwendung ggf. anzupassen wäre, um das im Folgenden verwendete Modell auf andere regionale Rinderpopulationen zu übertragen.

Quelle: HI-Tier (Herkunftssicherungs- und Informationssystem für Tiere)	
Liste aller gemeldeten Rinderhalter 2017	Herdenliste (im Modell werden alle Bestände berücksichtigt, die mindestens an einem von drei Testpunkten im Jahr 2017 mindestens 25 Tiere aufgestallt hatten, siehe Bestand)
Betriebsstätten-Zuordnung	Identifikation von Herden mit mehreren Betriebsstätten um ggf. geschlossene Aufzuchtzyklen zu simulieren
Bestand 2017 (1.1., 1.5., 1.9.)	Tierzahlen an drei Testpunkten im Jahr. Berücksichtigt stark schwankende Bestandszahlen.
Zugänge und Abgänge 2017, mit Lebenslauf	Ermittlung Herdentypen (nach Management), Analyse Handelsnetz.
Geburten 2016-2017	Modellierung von Besamung, Abkalbung und Zwischenkalbezeiten
Quelle: TSN (TierSeuchenNachrichten-System)	
Koordinaten Betriebe (Standorte)	Modellierung von Handelsbeziehungen und Nachbarschaftsübertragung

### Herdentypen

Das Modell basiert auf einer mehrstufigen Herdentypisierung. Diese ergibt sich primär aus der Klassifikation der Nutzungsrichtung der Rinder, z.B. Anteile von Milch- bzw. Fleischrindrassen im Bestand. Des Weiteren werden Untertypen gebildet, um spezielle Managementformen im jeweiligen Sektor abzubilden, z.B. Aufzuchtbestände die nur Tiere bestimmter Alterskohorten aufstallen. Die erschöpfende Darstellung durch acht Subtypen wurde mittels SOMs (Self-Organising Maps) getestet und verfeinert.

## SOM analysis of herd characteristics (2017)



**Abbildung 1:** Herdenklassifikation unter Verwendung der Grobstruktur (B=Mutterkuh, D=Milch, F=Mast, R=Aufzucht) sowie 12 zusätzlicher Charakterisierungsvariablen basierend auf Expertenwissen (von links oben nach rechts unten: log(Tierzahl), Anteil weiblich, Anteil Milchrasen, Anteil abgekalbter, mittlere Kalbungsanzahl abgekalbter, Anteil <12 Monate, Anteil <36 Monate, relative Zukäufe, relative Abgänge, relative Schlachtabgänge, relative Exportabgänge, netto Zukäufe vs Abgänge). Die Klassifikation „?“ entspringt der nicht eindeutigen Zuordenbarkeit zu den vier Grundtypen und wurde später durch feinere Klassifikation aufgelöst oder im Einzelfall bei bestehender Unklarheit nicht im Modell berücksichtigt.

Insgesamt wurden die folgenden Herdentypen im Model dargestellt und das jeweilige Herdenmanagement entsprechend verschieden simuliert:

- Milchbetriebe (D; Dairy)
- Milchbetriebe ohne Färsenaufzucht (DnR; Dairy non-rearing)
- 3 Typen Aufzuchtbetriebe (R: 1-24 Monate, R1: 1-12, R2: 12-24; Rearing)
- Mastbetriebe (F; Fattening)
- Mutterkuhbetriebe (B; Beef)
- Mutterkuhbetriebe ohne Mast (BnF, Beef non-fattening)

Gemäß den identifizierten Herdentypen wurden unterschiedliche Kategorien von Tiertransporten zwischen den Betrieben bestimmt. Mit diesen Kohorten wird das Transportnetz gebildet. In der folgenden Abbildung sind die jeweils möglichen Transportwege mit den zugehörigen Tiertypen dargestellt. Zeitpunkt und Volumen der realisierten Transporte ergeben sich aus dem Transportalgorithmus gemäß Angebot und Nachfrage im jeweiligen Zeitschritt der Simulation.

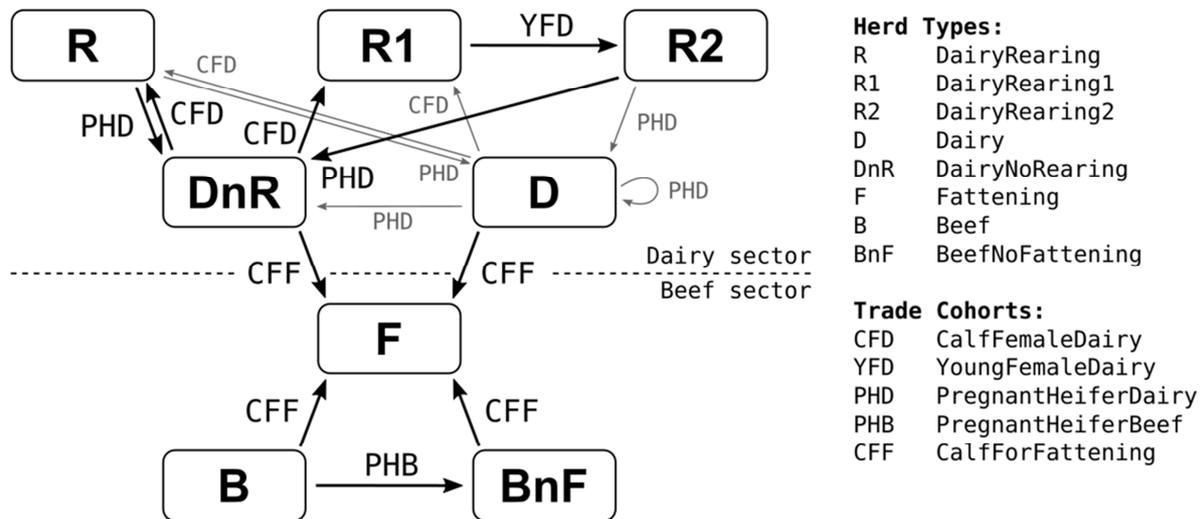


Abbildung 2: Die acht im Modell abgebildeten Betriebstypen und mögliche Kohorten von Tieren, die zwischen den Betriebstypen gehandelt werden.

## Betriebsstatistik

Gesamtzahl bei der Modellbildung berücksichtigter Betriebe: 1058

Mutterkuh (B) 368, Mutterkuh ohne Mast (BnF) 96, Milchbetrieb (D) 298, Milchbetrieb ohne Aufzucht (DnR) 85, nur Aufzucht (R 100, R1 16, R2 43), Mast (F) 52

Davon ggf. testbar per

Tankmilchserologie: 383 (D 298, DnR 85)

Blutserologie: 675 (alle anderen)

Herden ohne Jungtierfenster: 181 (DnR 85, BnF 96)

## Modell

Die folgenden Abschnitte geben eine verbale Zusammenfassung der wichtigsten Aspekte und Prozesse des BVD-Modells für Sachsen-Anhalt. Die vollständige Modellbeschreibung sowie die verwendeten Parameter mit ggf. vorhandenen Unsicherheiten werden im Anhang ausgeführt (ODD-Protokoll).

**Zweck des Modells:** Bewertung verschiedener Optionen zur Überwachung der BVD in den Rinderbeständen Sachsen-Anhalts nach der landesweiten Tilgung.

**Modellaufbau:** Die anhand der Datenanalyse kategorisierten Herden werden mit ihrem Herdentyp-spezifischen Management und ihren Handelsbeziehungen zu anderen Herden explizit dargestellt und dynamisch simuliert. Insbesondere werden die geografischen Relationen zwischen den Modellherden gemäß der tatsächlichen Anordnung übernommen. Jedes Tier im Modell wird als Individuum mit Alter, Geschlecht, BVD-Status etc. dargestellt und ggf. explizit zwischen den Herden bewegt. Die Aktualisierung des Modells erfolgt in Wochenschritten. Der aktuelle Tierbestand und die tatsächlich gehandelten Tiere mit Verbringungszeitpunkt ergeben sich individuell für jede Herde zur Laufzeit der Simulation aus den Regeln des Herdenmanagements. Feste a-priori Vorgaben hierzu sind nicht nötig. Lediglich die Zielgröße jeder Herde, ihre Nutzungsrichtung und eventuelle Substrukturen aus Betriebsstätten müssen vorgegeben sein.

**Prozessübersicht:** In jedem Zeitschritt werden auf Ebene der Einzeltiere die biologischen Prozesse Alterung, Geschlechtsreife, Trächtigkeit, Laktation, Fertilität und Mortalität simuliert. Auf Ebene der Herden werden herdentyp-spezifisch die Management-Prozesse Gruppenbildung, Besamung, Zu- und Verkauf simuliert.

Als nächstes werden nötige Tierbewegungen durchgeführt, ausgelöst durch Mortalität, Remontierung, Einzeltieralter bzw. Trächtigkeit. Zuerst werden notwendige Umstellungen zwischen Betriebsstätten vorgenommen. Anschließend werden Transporte zwischen präferierten Handelspartnern ausgeführt. Darüber hinausgehender Bedarf wird durch zwischenbetrieblichen Handel befriedigt. Hierbei kommt ein Algorithmus zum Einsatz, der momentan bestehendes Angebot und offene Nachfragen logistisch verschneidet. Die möglichen Handelspaare werden gewichtet ausgelöst. Die Gewichtung berücksichtigt die Losgröße des Bedarfs bzw. Angebots, die Wartezeit am Markt und die Entfernung zwischen den potentiellen Betriebspaaren (siehe Anhang ODD Modelldokumentation). Die ergebnisoffene Umverteilung der Tiere wird systematisch mit HIT- Daten abgeglichen, um die Validität des Transportalgorithmus sicherzustellen (siehe Abschnitt Validierung) .

Als letzter Prozess wird ggf. der BVD-Status jedes einzelnen Tieres geprüft und wenn notwendig aktualisiert. Die erfassten Einzelprozesse betreffen (a) Neuinfektionen, einschließlich dabei entstehender in-utero Infektionen, die zu einem persistent infizierten (PI) Kalb führen, (b) Durchlaufen der infektiösen Phase bei transient infizierten (TI) Tieren, einschließlich Serokonversion, (c) maternaler Antikörperschutz neugeborener Kälber von serologisch positiven Müttern, (d) infektionsbedingte Mortalität (PI) und Aborte (pränatal). Neuinfektion von Einzeltieren ist möglich durch (a) infektiöse Gruppenmitglieder, (b) infektiöse Tiere anderer Gruppen im Betrieb oder (c) infektiöse Tiere auf Betrieben in unmittelbarer Nachbarschaft eines Bestandes. Tierbewegungen führen nur mittelbar zu Neuinfektionen, indem das (eventuell in-utero) zugestellte infektiöse Tier sekundäre Infektionen auslöst.

## Überwachungsansätze

Es werden drei diagnostische Matrizen zum Nachweis der BVD verwendet (Ohrstanze, Blutprobe, Tankmilchprobe). Im Modell wird die Ohrstanze mit einem Antigennachweis verknüpft, während Blut und Milch auf mögliche Antikörper untersucht werden. Andere Kombinationen werden nicht betrachtet, da sie entweder aufgrund mangelnder Effektivität (z.B. Antigennachweis durch stichprobenbasierter Blutung) oder unwirtschaftlicher Kosten (z.B. Antigennachweis bei jedem Neugeborenen mittels Einzeltierblutprobe) a-priori nicht konkurrenzfähig sein können.

Das Ohrstanzenkonzept zielt auf eine komplette Untersuchung einer einzelnen Alterskohorte (Neugeborene). Dieses Verfahren wird übergreifend in unterschiedlichen Populationen mit identischen Protokollen angewendet. Blut- und Tankmilchbeprobung zielen auf eine risikoorientierte Stichprobenauswahl, wobei in der Anwendung sowohl die zeitliche Frequenz als auch die beprobte Tierkohorte unterschiedlich betrachtet werden. In der Konsequenz werden in diesem Projekt neben genau einer Ohrstanzenstrategie verschiedene Stichprobenstrategien für serologische Untersuchungen getestet und ggf. mit Tankmilchuntersuchungen kombiniert.

## Stichprobenkonzepte

„tag“ – Ohrstanze: Jedes in einem sachsen-anhaltischen Betrieb geborene Kalb zeitnah zur Geburt (7 Zeitschritte).

„sero-...-...“ – Blutprobe Antikörperserologie: Die zur Verfügung stehende Zahl an Einzelproben wird je nach Strategie über die Betriebe bzw. die darin aufgestellten Tiere verteilt gezogen.

- „sero-r-a“ – random-all: Die insgesamt zur Verfügung stehende Zahl an serologischen Proben wird zufällig („-r“) unter allen Tieren („-a“) der Gesamtpopulation des betrachteten Gebiets gezogen. Die gesamte Stichprobe ist somit weder in der zeitlichen Anwendung, der Wiederholfrequenz, noch in der getesteten Tiergruppe eingeschränkt. Die Strategie generiert einen Betriebsgrößen-proportionalen Überwachungsansatz.
- „sero-f-...“ – fixed: Die insgesamt zur Verfügung stehende Zahl an serologischen Proben wird gleichmäßig als feste Anzahl („-f“) auf alle Betriebe verteilt. Die zeitliche Verteilung der so fixierten Probennahme orientiert sich an den Anforderungen des EU-AHL, wonach eine Beprobung von freien Beständen im Abstand von 4 Monaten, d.h. 3-mal im Jahr, vorgeschlagen wird. Die exakte Woche der ersten Beprobung im laufenden Jahr wird für jeden Betrieb zufällig festgelegt und kontinuierlich über die Jahre der Simulation beibehalten. Diese Strategien generieren einen größenunabhängigen Überwachungsansatz.
  - o „sero-f-a“ – fixed-all: Zu jedem der drei im Jahr vorgesehenen Beprobungszeitpunkte werden die einem Betrieb zugeteilten Proben zufällig aus allen im Betrieb aufgestellten Tieren gezogen. Damit ist die Stichprobe zeitlich zusammengefasst und zufällig bzgl. der Tiergruppen.
  - o „sero-f-y“ – fixed-youngstock: Zu jedem der drei im Jahr vorgesehenen Beprobungszeitpunkte werden die einem Betrieb zugeteilten Proben zufällig aus im Betrieb aufgestellten Junggrindern gezogen i.e. Jungtierfenster im Alter von 9-14 Monaten. Damit ist die Stichprobe zeitlich und auf eine Tiergruppe zusammengefasst.

„milk-f-a“ – Tankmilch- & Blutprobe Antikörperserologie: In allen Milchviehbetrieben mit laktierenden Tieren wird in regelmäßigen Abständen eine Tankmilchprobe untersucht. Die realisierte Frequenz über ein Jahr ergibt sich aus der Anzahl der jährlich zugewiesenen Beprobungen, die für alle Betriebe gleich ist. Alle verbleibenden Betriebe ohne laktierende Tiere folgen unverändert der Überwachungsstrategie „sero-f-a“.

## Programmbudget, Testkosten und Budgetkonversion

Die jeweils zur Verfügung stehenden Probennahmen ergeben sich aus dem verfügbaren Budget. Ein Budgetrahmen wird adäquat in die verschiedenen Strategiekonzepte konvertiert, um verfügbare Proben- bzw. Testzahlen festzustellen. Dabei werden zur Umsetzung benötigten Probennahme- und Laborkosten berücksichtigt.

### Programmbudget

Das Programmbudget besteht aus den jährlich insgesamt zur Verfügung stehenden budgetären Mitteln, die für Probennahme und Diagnostik zur Verfügung stehen. Da eine Freiheitsüberwachung dem Grundprinzip folgt, „je mehr Untersuchung desto sicherer“ wird ein angesetztes Budget komplett in die Testung mittels einer der oben eingeführten Strategien übersetzt. D.h. Einsparungen sind nur über das Budget zu erreichen und wirken sich somit gleichermaßen auf alle Strategien aus. Damit gewährleisten die hier vorgestellten Untersuchungen eine unmittelbar Vergleichbarkeit der

Überwachungsansätze und zwar über deren Wirksamkeit in puncto Bewertungsmaße bei identischen Kosten: Zeitdauer bis zur Erstentdeckung einer Neueinschleppung (kürzer ist besser) sowie die Zeitdauer bis zur erneuten biologischen Erregerfreiheit (kürzer ist besser). Prinzipiell kann mit diesem Ansatz jedes Budget simuliert und bei gegebener Zielstellung multifaktoriell optimiert werden. Im Rahmen dieses Projekts wurden beispielhaft zwei Budgetvarianten besonders betrachtet. Ein Ausgangsbudget wie bisher verwendet (100%) und ein Einsparungsbudget, mit dem die Anforderungen des AHL gerade noch umsetzbar sind (32%).

Budgetvariante „Full“: Ausgangsbudget unter der Annahme der herkömmlichen Ohrstanzenbeprobung wie im Bekämpfungskontext. Die Anzahl der jährlich (insgesamt bzw. pro Herde) getesteten Kälber multipliziert mit dem Kostenposition Ohrstanze (hier 3.90 Euro, siehe Abschnitt Kosten & Budgetkonversion) bestimmt das Gesamtbudget welches mit jeder einzelnen Überwachungsoptionen umgesetzt wird.

Budgetvariante „50%“: Stichprobengröße errechnet sich gemäß dem halbierten Budget. Demzufolge sind im Prinzip alle Probenumfänge gegenüber dem vorherigen Budget zu halbieren. Lediglich die Strategie der Ohrstanzen wird mit dem halben Budget vollständig zur Testung von weiblichen Kälbern verwendet. Das Szenario ist motiviert durch die Hypothesen, dass eine Stichprobe von 50% aller geborener Kälber zur Überwachung der Gesamtpopulation ausreichen könnte, gleichzeitig sichergestellt würde, dass die Tiere, die regulär im Bestand verbleiben weder die Verbreitung der Infektion befördern noch aufgrund einer persistenten Infektion wiederum ein PI-Tier produzieren können und männliche (nicht-detektierte) PI-Tiere die Geburtsherde zeitnah verlassen und so für die Verbreitung der Infektion von untergeordneter Bedeutung sind. Die erste Überlegung wird bestärkt durch den allein auf dieser Grundlage basierenden Sanierungserfolg in Sachsen-Anhalt vor 2011 (Anm. d. Red.: 2011 Ablösung einer BVD-Landesverordnung in Sachsen-Anhalt durch die BVD-Verordnung des Bundes).

Budgetvariante „AHL“: Stichprobengröße errechnet sich gemäß der jahresbezogenen Nachweisgrenze von 50% Seroprävalenz mit 95%iger Sicherheit. Statistisch wären somit je Herde mit mehr als 17 Tieren im Jahr sechs Proben zu nehmen (mindestens 5 oder alle in kleineren Herden). Unter der Annahme, dass es drei Managementgruppen gibt (Kühe, Jungtiere, Kälber), wären insgesamt 18 Proben pro Jahr nötig um eine AHL konforme Überwachung der Freiheit zu gewährleisten. Zusätzlich wird die simulierte Probennahme innerhalb des 12-monatigen Bewertungszeitraums einer Herde auf drei Zeitpunkte verteilt, die somit mindestens vier Monate auseinanderliegen.

*Anmerkung. Im Text des AHL werden bzgl. der serologischen Überwachung zwei minimale Beprobungsschemata ausgeführt zum 1) Erreichen und 2) Erhalt des Freiheitsstatus einer Herde. Unter 1) gilt die oben beschriebene Verteilung der Stichprobe über drei Entnahmezeitpunkte, während diese Forderung unter 2) nicht mehr auftaucht und man mit einer Probennahme pro epidemiologische Einheit auskäme. Im Rahmen dieser Studie wurde neben der AHL-Konformität vor allem die strategische Effektivität der Überwachung untersucht d.h. es wurde versucht die Konsequenzen eines Eintrags zu minimieren. Insofern ist eine Konzentration der Gesamtstichprobe auf einen Entnahmezeitpunkt theoretisch möglich, aber kontraproduktiv, wenn es um eine zeitnahe Entdeckung geht. Im Vergleich zur oben beschriebenen Strategie wurden zusätzliche Simulationen gerechnet, bei denen zwei der drei Bestandsbesuche wegfallen und das individuelle Budget je Herde somit etwas größer war (siehe Tab. 3).*

## Kostenparameter

Die folgende Parametrisierung der Kosten ist speziell auf die Verhältnisse von ST ausgerichtet und basiert auf der Interpretation von Katalogen für Veterinär- und Laborleistungen (siehe Anhang).

Tag:	2.90 (Labor) + 1.00 (spez. Ohrmarke) = 3.90 €	Spez.: 100%, Sens.: 100%
Sero:	3.00 (Labor) + 2.60 (Handlung am Tier) = 5.60 €	Spez.: 100%, Sens.: 100%
Bestandsbesuchskosten:	à 35.00 (2 pro Jahr aus Überwachungsbudget zzgl. ein BVD-unabhängiger Besuch)	
Tankmilch:	15.00 € (Labor) real = 3 * 15€ bei 80%iger Spezifität bzw. 1 * 15€ bei 100%iger Spezifität	Spez.: 99.992%, Sens.: 100% Spez.: 100%, Sens.: 100%
Bestandsbesuchskosten:	keine	

Anmerkung: Erwartete Testanzahl bei bis zu zwei Abklärungstests nach pos. Erstergebnis um falsch positive auszusondern und mit angenommener Spezifität 80% -->  $(0.8*1 + 0.16*2 + 0.04*3) * 15€ = 1.24 * 15€$  (15€ optimistisch/35€ konservativ)

## Budgetkonversion

Die folgenden demografischen Populationsdaten wurden für die Budgetkonversion zwischen den Überwachungsoptionen berücksichtigt.

Gesamtzahl implementierter Betriebe: 1058

davon geeignet für Überwachung durch

Tankmilch: 383 (D 298, DnR 85)

Nur Sero: 675 (alle anderen)

Ohne Jungtierfenster: 181 (DnR 85, BnF 96)

Tierbestand: Im Mittel 327.350 (SD 4.272 auf Wochenebene)

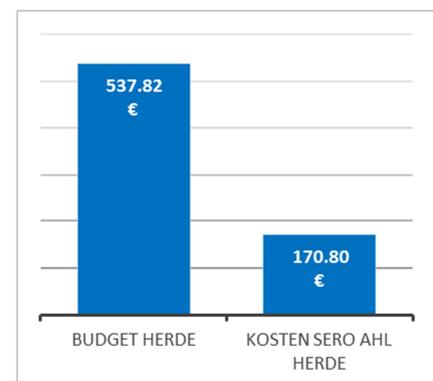
Abkalbungen pro Jahr: Im Mittel 145.908 (SD 2.733 auf Jahresebene)

zum vgl. HIT 2017: 145.744 Kälber davon 135.339 im Modell erfasst

Fügt man Strategiealternative, Populationsdaten und Einzeltestkosten zusammen erhält man die schlussendliche Budgetkonversion sowohl für eine rein blutprobenbasierte als auch für eine Milch-Blut-Serologie.

Tabelle 1. Übersicht der Parameter bei der Bestimmung eines AHL konformen Einsparungssatzes auf der Grundlage des Ausgangsbudget Ohrstanze

Kälber pro Jahr	145900
Herden	1058
Kosten Ohrstanze (keine Anfahrt)	3.90 €
Kosten Sero. Test (ex Anfahrt)	5.60 €
Anzahl Sero. Tests für AHL Ansatz	18
Kosten 2 von 3 Anfahrten	35.00 €
Anzahl berechneter Anfahrten	2
Kosten Tankmilchtest (keine Anfahrt)	15.00 €
Anzahl Tests Tankmilch zur Abdeckung nötiger Bestätigungsuntersuchungen	3 (1 ohne Nachtest)
Budget insgesamt für Überwachung	569,010.00 €
Budget im Mittel pro Herde	537.82 €



Kosten Sero AHL Herde (18 Tests + 2 Anfahrten pro Herde)	170.80 €*
<b>Relative Kosten AHL</b>	<b>31.8%</b>
<b>Äquivalente Einsparung vom Budget</b>	<b>68.2%</b>

\* Break even entspricht 44 Kälbern/Ohrstanzen, d.h. 310 Betriebe mit weniger als 45 Kalbungen (B = 233, BnF = 61, D = 11, DnR = 5) machen Verlust.

Die Zahl der Abkalbungen pro Jahr generiert das Ausgangsbudget indem die Abkalbungen (145.900) mit den Kosten für einen Ohrstanzentest (3.90 €) multipliziert werden, d.h. 569.010 € pro Jahr insgesamt bzw. im Durchschnitt 537,82 € pro Herde pro Jahr. (Note: HIT: 135.339 Kälber \* 3.90 €, ergibt 527.820 € pro Jahr oder 498.89 € pro Herde pro Jahr).

Im nächsten Berechnungsschritt wäre das Budget durch die Kosten der alternativen Testung zu teilen. Allerdings sind bei der Blutentnahme zusätzlich noch Anfahrtskosten abzudecken, die weder bei Ohrstanzen- noch bei Tankmilchtests anfallen.

Tabelle 2. Testvolumen der simulierten Überwachungsstrategien für drei Budgetszenarien 100%, 50% vs. 31.8%.

	Szenario 100%	Szenario 50%	Szenario AHL (31.8%)
Tag Tests gesamt	145.900	72.950	46.335
Sero Tests Gesamt	88.384	37.579	19.044
Sero Tests je Herde	83,5	35,5	18,0
Sero Tests je Herde je Bestandsbesuch	27,8	11,8	6,0
Milch Tests Herde	11,95	5,98	3,80
Milch Test Intervall [Wochen]	4,35	8,7	13,70

## Simulationsszenarien

Aus der vorherigen Kostenbetrachtung ergeben sich die untersuchten Simulationsszenarien als Kombination aus diagnostischem Prinzip (Ohrstanze, Serologie, Tankmilch+Serologie) und angesetzttem Budget der Überwachung sowie zusätzliche Spezialfälle. Für jedes Szenario wurden 100 Modellläufe ausgewertet, wobei jeder Modelllauf mit dem Eintrag der BVD in eine zufällig gewählte Herde beginnt.

Tabelle 3. Testvolumen der simulierten Überwachungsstrategien für die Budgetszenarien 100%, 50% vs. 31.8%.

Simulation	Volles Budget	Einsparung 50% d.h. halbes Budget	Einsparung knapp 70% d.h. 31.8% des vollen Budgets aber AHL konforme Stichprobe
Ohrstanze	Von <b>jedem Kalb</b> wird eine Ohrstanze getestet	Von <u>jedem weiblichen Kalb</u> wird eine Ohrstanze getestet	Von <b>31.8%</b> aller Kälber einer Herde wird eine Ohrstanze getestet
Serologie 1 Random 2 Fest-alle 3 Fest-Jungr.	3mal im Jahr wird von <b>27.8</b> (zulässigen) Tieren eine Blutprobe getestet	3mal im Jahr wird von <b>11.8</b> (zulässigen) Tieren eine Blutprobe getestet	Es wird 3mal im Jahr von <b>6</b> (zulässigen) Tieren eine Blutprobe getestet

Simulation	Volles Budget	Einsparung 50% d.h. halbes Budget	Einsparung knapp 70% d.h. 31.8% des vollen Budgets aber AHL konforme Stichprobe
Tankmilch + Serologie (BTM 80%)	Aus Herden mit Tankmilch wird im Mittel alle <b>4.35</b> Wochen eine Probe getestet (ggf. 2 Abklärungstests). In den verbleibenden Herden wird 3mal im Jahr von <b>27.8</b> (zulässigen) Tieren eine Blutprobe getestet	Aus Herden mit Tankmilch wird im Mittel alle <b>8.7</b> Wochen eine Probe getestet (ggf. 2 Abklärungstests). In den verbleibenden Herden wird 3mal im Jahr von <b>11.8</b> (zulässigen) Tieren eine Blutprobe getestet	Aus Herden mit Tankmilch wird im Mittel alle <b>13.7</b> Wochen eine Probe getestet (ggf. 2 Abklärungstests). In den verbleibenden Herden mit mindestens 45 Kalbungen wird 3mal im Jahr von <b>6</b> (zulässigen) Tieren eine Blutprobe getestet
Serologie 2 Fest-alle 3 Fest-Jungr.	n.a.	n.a.	Es wird <b>1mal im Jahr von 18</b> (zulässigen) Tieren eine Blutprobe getestet
Tankmilch + Serologie (BTM 80%)	n.a.	n.a.	Aus Herden mit Tankmilch wird im Mittel alle 13.7 Wochen eine Probe getestet (ggf. 2 Abklärungstests). In den verbleibenden Herden mit mindestens 45 Kalbungen wird <b>1mal im Jahr von 18</b> (zulässigen) Tieren eine Blutprobe getestet
Tankmilch + Serologie (BTM 100%)	n.a.	n.a.	Aus Herden mit Tankmilch wird im Mittel <b>alle 4.6 Wochen eine Probe</b> getestet (keine Abklärungstest). In den verbleibenden Herden mit mindestens 45 Kalbungen wird 3mal im Jahr von 6 (zulässigen) Tieren eine Blutprobe getestet
... vacc	n.a.	n.a.	wie zuvor, jedoch mit <b>zusätzlicher Notimpfung</b> aller reproduzierenden weiblichen Tiere d.h. Kühe und Färsen zur Remontierung in befundeten Herden <sup>1</sup>
Beta - high - medium - low	Wiederholung aller genannten Strategien für <b>unterschiedlich angesetztem Infektionsdruck</b> durch BVD ansteckende Tiere (siehe Anhang) <sup>2</sup>		

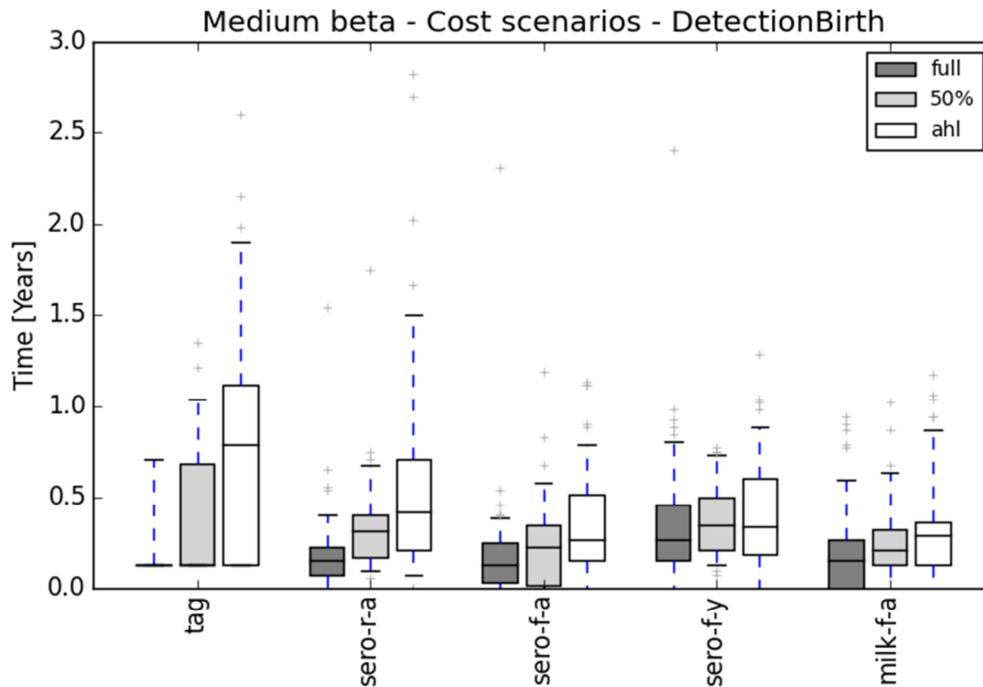
<sup>1</sup> Adressiert die Frage, wie sich die lt. AHL mögliche Bestandsnotimpfung in entdeckten Ausbruchsbetrieben auf den Zeitraum bis zur Wiedererlangung der Freiheit auswirkt.

<sup>2</sup> Adressiert die Frage, ob sich die Unsicherheit bzgl. der Übertragungsintensität auf die prinzipiellen Ergebnisse auswirkt. Vorab zu erwarten ist mit steigender Infektiosität eine schnellere Verbreitung und damit ggf eine längere Tilgungszeit.

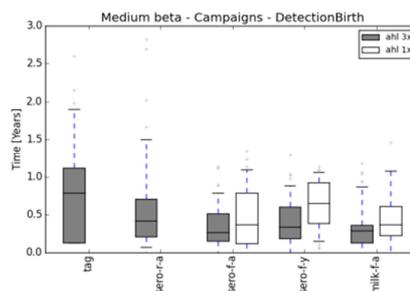
## Ergebnisse

### Zeitdauer bis zur Erstentdeckung eines Eintrags

Die ersten Ergebnisse betreffen die Dauer bis zur Erstentdeckung (Abb. 3). An dieser Stelle werden nur die Ergebnisse für einen mittleren Ansteckungswert dargestellt. Zum Vergleich findet man die vollständigen Simulationsergebnisse für hohe und niedrige Ansteckungswahrscheinlichkeiten im Anhang C.Detection. Die prinzipielle Tendenz der Ergebnisse ist robust gegenüber der angenommenen BVD-Ansteckung.



a)



b)

**Abbildung 3: Verteilung der Entdeckungszeiten (Boxplot) für unterschiedliche Überwachungsansätze (x-Achse). (a) Vergleich volles Budget (Szenario „full“ – dunkelgraue Boxen; intermediäres Budget von 50% („50%“ - hellgraue Boxen) wobei mit 50%-Ohrstanze nur weibliche Kälber getestet werden („tag“ – mittlere Box), sowie AHL-Ansatz mit 68.2% Einsparung („ahl“ – weiße Boxen). Die Zeit bis zur Erstentdeckung ist gemessen bezogen auf die Geburt des ersten PI-Kalbes. Es ist möglich, dass die serologisch positive Mutter des eingestellten PI-Tieres bereits vor der Geburt des ersten PI entdeckt wird. (b) Auswirkung der serologischen Stichprobenentnahme in nur einer (zufälligen) Woche des Jahres („ahl 1x“ - weiße Box) versus an drei Zeitpunkten („ahl 3x“ – dunkelgraue Box, = weiße Box in a).**

Die Erstentdeckungszeiten liegen für alle 1500 simulierten Einträge in das Überwachungsgebiet (Abb. 3) immer unter zwei Jahren, egal welche Methode und welches Budget verwendet wurden. Für das volle Budget (dunkelgraue Plots in a) liegt der Median und sogar das 75% Quantil der

Erstentdeckungszeit für alle getesteten Strategien unterhalb von sechs Monaten. Mit abnehmender Ansteckungswahrscheinlichkeit der simulierten Übertragung verlängert sich der Tendenz nach die Zeit bis zur Entdeckung, allerdings ist die Größenordnung der Unterschiede in der Entdeckungszeit ohne praktische Bedeutung (siehe Anhang).

Für die meisten der simulierten Maßnahmen erfolgte die Erstentdeckung innerhalb von 1 Jahr.

Wenden wir uns nun dem Vergleich der Strategien in ihrer Wirkung auf die Erstentdeckungszeiten bei komplettem Budget zu, also den Testkosten, die bisher für die ohrstanzenbasierte Bekämpfung ausgegeben wurden (dunkelgraue Boxen in a). In der zentralen Tendenz erfolgt eine Entdeckung am zuverlässigsten mittels der Ohrstanze, da hier bei vollem Budget, jedes Kalb nach 7 Wochen getestet wird. Vergleicht man bei vollem Budget das Ergebnis für die zufällige gezogenen serologischen Proben (sero-r-a) mit den Ergebnissen bei dreimaliger Probenahme (sero-f-a), so wird deutlich, dass die auf drei Zeitpunkte konzentrierte Probennahme gegenüber der zufälligen Stichprobe nicht benachteiligt ist. In der Tendenz führt das Jungtierfenster systematisch zu einer verzögerten Entdeckung, da jetzt alle drei Proben konzentriert auf eine einzelne Altersgruppe genommen werden. Allerdings beschränkt sich der betreffende Unterschied auf deutlich weniger als sechs Monate. Mit vollem Budget ist die kombinierte Überwachungsstrategie aus Milch und Blut vergleichbar mit dem rein blutserologischen Ansatz.

Um die Chancen und Risiken einer erwünschten Budgetkürzung abschätzen zu können, wird in der Abbildung 3 das volle Budget (dunkelgraue Boxen) mit gekürztem Budget verglichen und zwar 50% Einsparung (hellgraue Boxen) bzw. 68% Einsparungen (weiße Boxen). Da ein verringertes Budget zu einer dünneren Beprobungsdichte führt, verlängert sich erwartungsgemäß die Zeit bis zur Erstentdeckung mit sinkendem Budget, und zwar gleichermaßen für alle fünf Strategien. Demgemäß sind innerhalb einer Strategie die Entdeckungszeiten für das volle Budget kürzer als für das 50%ige Budget, während die per AHL maximal sinnvolle Kürzung auf die langsamste Entdeckungszeit führt. Allerdings ist die Verlängerung bis zur Erstentdeckung unterschiedlich für die verschiedenen Überwachungsansätze.

Eine Kürzung des eingesetzten Budgets verlängert die Zeit bis zur Entdeckung einer Neueinschleppung. Dieser Effekt ist für verschiedene Strategien unterschiedlich stark.

Für die einzelnen Überwachungsansätze sind folgende drei Beobachtungen auffällig:

Bei drastisch verringertem Ressourceneinsatz ist die Ohrstanze für eine dauerhafte Überwachung nachteilig (linke weiße Box in a). Selbst bei Beschränkung der möglichen Ohrstanzentests auf weibliche Kälber (linke hellgraue Box in a) generiert die 50%ige Budgeteinsparung die längsten Entdeckungszeiten mit der Ohrstanze. Da mittels AHL-Budget nur gut 30% aller Kälber getestet werden können, verlängert sich die Zeit bis zur Erstentdeckung deutlich mehr als mit den anderen Strategien.

Komplett zufällige Beprobung unter allen Tieren im Rahmen der blut-serologischen Überwachung (sero-r-a) zeigt bei verringertem Budget ebenfalls Lücken. Dies ist darin begründet, dass nicht mehr ausreichend Tests zur Verfügung stehen, um kleine Herden überhaupt noch zufällig zur Beprobung auszuwählen. Die Überwachung des Jungtierfensters (sero-f-y) reagiert am wenigsten auf die Reduktion der eingesetzten Ressourcen, ist aber prinzipiell langsamer in der Erstentdeckung als bei

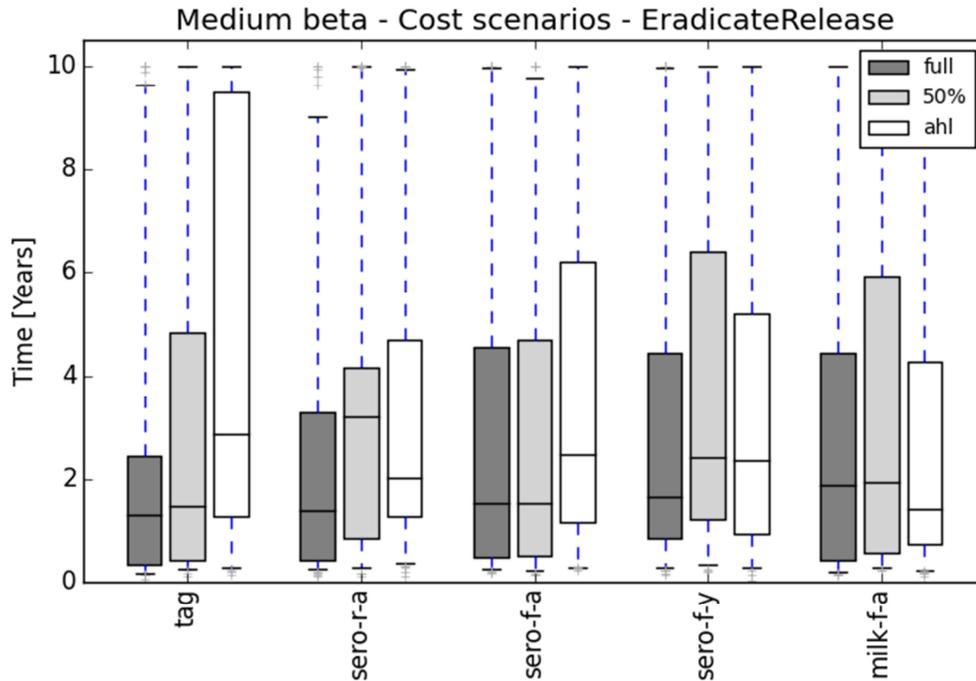
zufälliger Einbeziehung aller Alterskohorten in die Stichprobe einer Herde. Allerdings zeigen die Ergebnisse, dass eine Konzentration auf nur einen Beprobungszeitpunkt im Jahr (Abb. 3b) nachteilig ist und den Vorteil der herdenbasierten Zufallsstichproben (sero-f-... Strategien) aufhebt. Im Rahmen der systematischen Beprobung ist daher auch bei minimierten Ressourcen auf eine praktikabel maximierte Streuung der Probengewinnung zu achten.

Schließlich erkennt man, dass die Mischstrategie aus Milch und Blutproben ebenfalls wenig empfindlich auf die Budgetkürzung reagiert. Das liegt daran, dass der Milchteil weiterhin reicht, um jede laktierende Herde pro Jahr ungefähr sechs- (50% Kürzung) bzw. viermal (68%) zu beprobieren. Unter der Annahme einer hundertprozentigen Spezifität des Trankmilchtests wurde die gemischte Strategie aus Milch und Blutproben erneut simuliert (ahl-btm, siehe Anhang C.Detection), allerdings ohne bei der Budgetierung zwei Abklärungstests in die Tankmilchdiagnostik einzupreisen. Damit konnten, wie mit vollem Budget, jede laktierende Herde ungefähr einmal monatlich beprobt werden. Zum einen sieht man, dass die zusätzlichen Milch-Beprobungen keinen verkürzenden Einfluss haben. Zum anderen sieht man für diese konkrete Strategie, welchen Einfluss der verkleinerte Probensatz des blutserologischen Teils auf die Verlängerung der Entdeckungszeit hat, d.h. statt ca. 80 Proben im Jahr pro Herde nur 40 (50%) bzw. etwa 18 (68%).

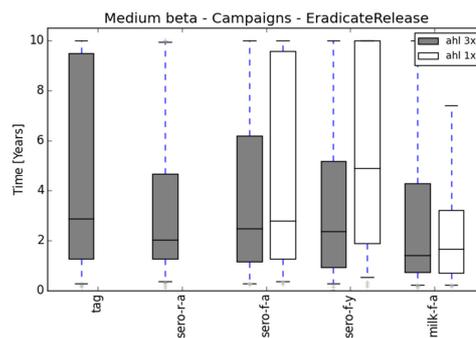
Überwachungsstrategien, die mit vollem Budget hervorstechen, d.h. Ohrstanze und zufällig verteilte Blutserologie reagieren empfindlich auf die Ressourcenkürzung. Herdenbasierte Überwachungsstrategien mittels Serologie reagieren kaum auf eine Ressourcenkürzung wobei das Jungtierfenster faktisch unabhängig von den Ressourcen ähnlich suboptimale Entdeckungszeiten generiert.

### **Zeitdauer bis zur erneuten Virusfreiheit der Population nach einem Eintrag**

Bisher wurde ausschließlich die Zeit bis zum ersten positiven Test in einer beliebigen Herde, d.h. BVD Befund, in Folge des Eintrags in eine naive Rinderpopulation untersucht. Die Erstentdeckungszeit erlaubt es, die betrachteten Überwachungsansätze bzgl. ihrer Nützlichkeit als Screeningverfahren über einen beliebig langen Zeitraum zu vergleichen. In der Konsequenz sind Maßnahmen in den entdeckten Herden anzustrengen, z.B. wie hier simuliert, der komplette Nachtest per Antigensuche und ggf. zzgl. der einmaligen Notimpfung. Alle Herden ohne Befund verbleiben im normalen Überwachungsmodus, um einen Rückfall der gesamten Rinderpopulation in den Bekämpfungsmodus hinauszuzögern. Abbildung 4 zeigt die in den Simulationen festgestellte Zeitdauer vom Eintrag des BVD Tieres in-utero in eine zufällig ausgewählte Herde, bis das letzte virologisch positive Tier ausgesondert oder gesundet ist (d.h. die biologische BVDV Freiheit im Modell erreicht wurde). In infizierten/infiziert gewesenen Beständen, die durch den jeweils simulierten Überwachungsansatz entdeckt werden, erfolgt eine vollständige Beprobung auf Antigen und die Herde fällt auf die Ohrstanzenuntersuchung für jedes Kalb zurück (Notfallmaßnahme Ohrstanze).



a)



b)

**Abbildung 4: Verteilung der Zeit bis zur erneuten Tilgung (Boxplot) für unterschiedliche Überwachungsansätze (x-Achse). (a) Vergleich volles Budget (Scenario „full“ – dunkelgraue Boxen; intermediäres Budget von 50% („50%“ - hellgraue Boxen) wobei mit 50%-Ohrstanze nur weibliche Kälber getestet werden („tag“ – mittlere Box), sowie AHL-Ansatz mit 68.2% Einsparung („ahl“ – weiße Boxen). Die Zeit bis zur erneuten Virusfreiheit ist gemessen bezogen auf den Eintragszeitpunkt des mit einem PI-Kalb tragenden Tieres. (b) Auswirkung der serologischen Stichprobenentnahme in nur einer (zufälligen) Woche des Jahres („ahl 1x“ - weiße Box) versus an drei Zeitpunkten („ahl 3x“ – dunkelgraue Box, = weiße Box in a).**

In grober Übersicht folgen die Zeiten bis zur erneuten Tilgung den Gegebenheiten für die Zeiten der Erstentdeckung (vgl. Abb. 4 und Abb. 3), d.h. eine längere Zeit bis zur Entdeckung überträgt sich auf eine längere Zeit bis zur Tilgung. Erwartungsgemäß sind die Zeiträume allerdings deutlich länger, da nach erfolgter Erstentdeckung meist noch weitere infizierte Bestände gefunden und saniert werden müssen. Außerdem ist die intrinsische Unsicherheit (Spannweite zwischen den 5%-95% Whiskern) deutlich größer, da bei dieser Auswertegröße die zufällig in den Ausbruch involvierten Herden deutlich mehr Kombinationen erlauben. Damit ist die Zielgröße Zeit bis zur Tilgung innerhalb der Wiederholungen eines Szenarios deutlich größerer Variabilität unterworfen (siehe auch Abb. 7). Zu allen Überwachungsansätzen gab es Simulationen, die nach 10 Jahren noch nicht wieder frei waren. Trotzdem sind für die meisten Überwachungs-Budget-Kombinationen die zentralen Werte optimistisch. In den Simulationen mit vollem Budget (dunkelgraue Boxen) waren in 3 von 4 Fällen (obere Kante der Boxen) alle Folgen des simulierten Eintrags im Gesamtgebiet innerhalb von 3 Jahren

bei der Ohrstanze und weniger als 5 Jahren mit herdenbasierter Serologie („sero-f-...“) getilgt. In mehr als der Hälfte (Linie innerhalb der Boxen) aller Simulationen mit vollem Budget war der einem Neueintrag folgende Ausbruch nach weniger als 2 Jahren getilgt. Zwischen den herdenbasierten Serologieansätzen (sero-f-... bzw. milk-f-...) besteht bei vollem Budget über die Gesamtheit der Ergebniswerte kein relevanter Unterschied (Tendenzlinie, Boxenhöhe, Whisker).

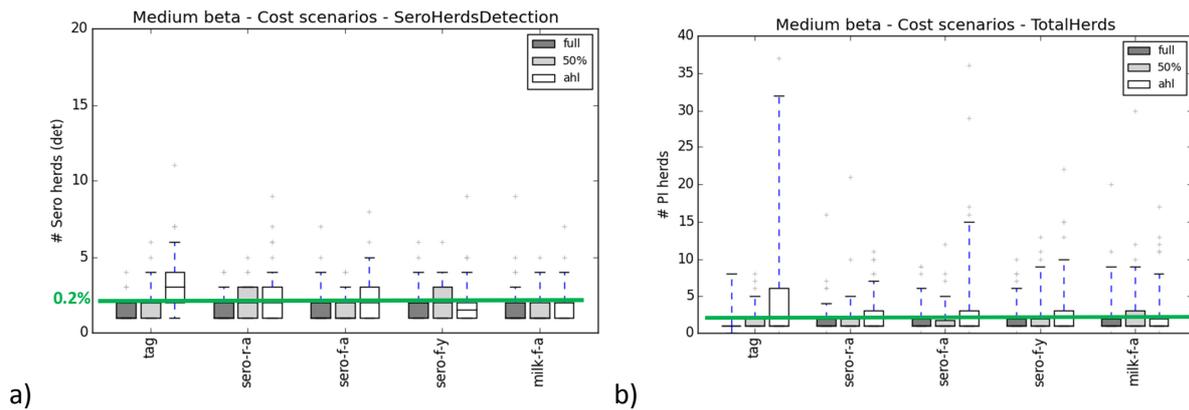
Bei vollem Budget lag in gut jedem zweiten Simulationslauf die Wiedertilgungszeit bei unter 2 Jahren. Insofern lässt sich ein Eintrag alle 1-2 Jahre in der Mehrheit der Fälle kontrollieren. Bei seltenem, ungünstigem Verlauf war der Ausbruch auch nach 10 Jahren nicht getilgt.

Betrachten wir als nächsten wieder den Einfluss eines reduzierten Budgets. Insbesondere die Ergebnisse für die Ohrstanze legen nahe, dass bei Einsparungswunsch der „ausgedünnte“ Überwachungsansatz die effektive Tilgung der Seuche nicht mehr leisten kann. Besonders mit der Minimalprobe bei Einsparung von 68% der Ressourcen („ahl“ – weiße Boxen) sind die Hälfte der Tilgungszeiten länger als 3 Jahre und somit in der praktischen Umsetzung als Überwachungsstrategie irrelevant. Demgegenüber zeigen die serologischen Ansätze mit gleichgroßen Stichproben pro Herde und Jahr („sero-f-...“ und „milk-f-a“) wenig Änderungen der Tilgungszeiten mit sinkendem Budget. Insbesondere sind die Tilgungszeiten trotz sinkendem Budget innerhalb des Jungtierfensteransatzes („sero-f-y“) und der gemischten Strategie („milk-f-a“) nicht wirklich verschieden. Betrachtet man jetzt zusätzlich die konzentrierte Stichprobe, d.h. eine Probenahme statt drei pro Herde und Jahr (Abb. 4b), sieht man teilweise extrem verlängerte Tilgungszeiten, da ja jede Stichprobe die zufällig nur negative Proben erfasst, die Entdeckung infizierter Bestände um mindestens ein Jahr hinausschiebt. Die ist besonders deutlich bei gleichzeitiger Konzentration der Stichprobe auf das Jungtierfenster.

Unter der Prämisse der Budgetkürzung verliert die Ohrstanze in Bezug auf die Tilgungszeit ihre herausragende Stellung und wird für minimalistische Ressourcen zur Überwachung BVD freier Populationen ungeeignet. Stichprobenbasierte Serologien in ALLEN Herden sind robuster gegenüber Budgetkürzung. Konzentration sowohl auf eine epidemiologische Kohorte, z.B. Jungtierfenster, und minimale Zahl von Herdenkonsultationen zur Probennahme, z.B. nur einmal im Jahr, sind kontraproduktiv selbst für per se gute Überwachungsansätze und gleichem Budget. Speziell für den milchlastigen Rindersektor in ST ist die gemischte Serologie mit Tankmilch (unter den gegebenen diagnostischen Parametern) bezogen auf die simulierten Tilgungszeiten auffallend unempfindlich sowohl gegenüber Budgetkürzung als auch ungünstigen Konfigurationen der blutserologischen Stichprobe.

## Infektionslast nach Eintrag

Ob die mittels serologischen Überwachung erreichte Tilgungszeit bei niedrigem Budgetniveau eine dauerhafte Lösung darstellen kann, muss die an einem beliebigen Zeitpunkt bestimmte Prävalenz der Herden mit BVD-Befund bestätigen, die ja nach AHL unterhalb der Schwelle von 0.2% aller Herden verbleiben soll. Um diese Überlegung fortzuführen, werden im Folgenden die PI-Anzahlen kumuliert betrachtet und die Prävalenzwerte bei Entdeckung im Modell gemessen.



**Abbildung 5:** (a) Verteilung der Anzahl serologisch positiver Herden zum Zeitpunkt der Erstentdeckung (Boxplot) d.h. wenn die in der Region laufende Überwachung das erste positive Testergebnis erzeugt, für die unterschiedliche Überwachungsansätze (x-Achse). (b) Verteilung der kumulativen Anzahl von Herden mit PI Tieren bis zur endgültigen Wiedertilgung (Boxplot) für die unterschiedlichen Überwachungsansätze (x-Achse). Die Auswertestatistik erfolgt für volles Budget (Scenario „full“ – dunkelgraue Boxen; intermediäres Budget von 50% („50%“ - hellgraue Boxen) wobei mit 50%-Ohrstanze nur weibliche Kälber getestet werden („tag“ – mittlere Box), sowie AHL-Ansatz mit 68.2% Einsparung („ahl“ – weiße Boxen).

Unabhängig von der simulierten BVD Ansteckungsintensität sind alle fünf betrachteten Überwachungsstrategien geeignet, um eine BVD-Einschleppung faktisch noch im Erstausbuch zu entdecken. Abbildung 5a verdeutlicht (s. auch Anhang C. SeroHerdsDetection), dass mit vollem Budget im Moment der Erstentdeckung in 3 von 4 Fällen (oberes Boxende 75%-Quantil) nicht mehr als zwei Herden, oder 0.19% der modellierten Rinderherden in ST, serologisch positive Tiere enthalten. Abbildung 5b zeigt, dass mit Erreichen der Wiedertilgung in 3 von 4 Simulationen tatsächlich maximal eine weitere Herde in den eingeschleppten Vorfall involviert wurde, und zwar gleichermaßen bei vollem und halbiertem Budget, wenn man die Tankmilch-Mischstrategie unberücksichtigt lässt.

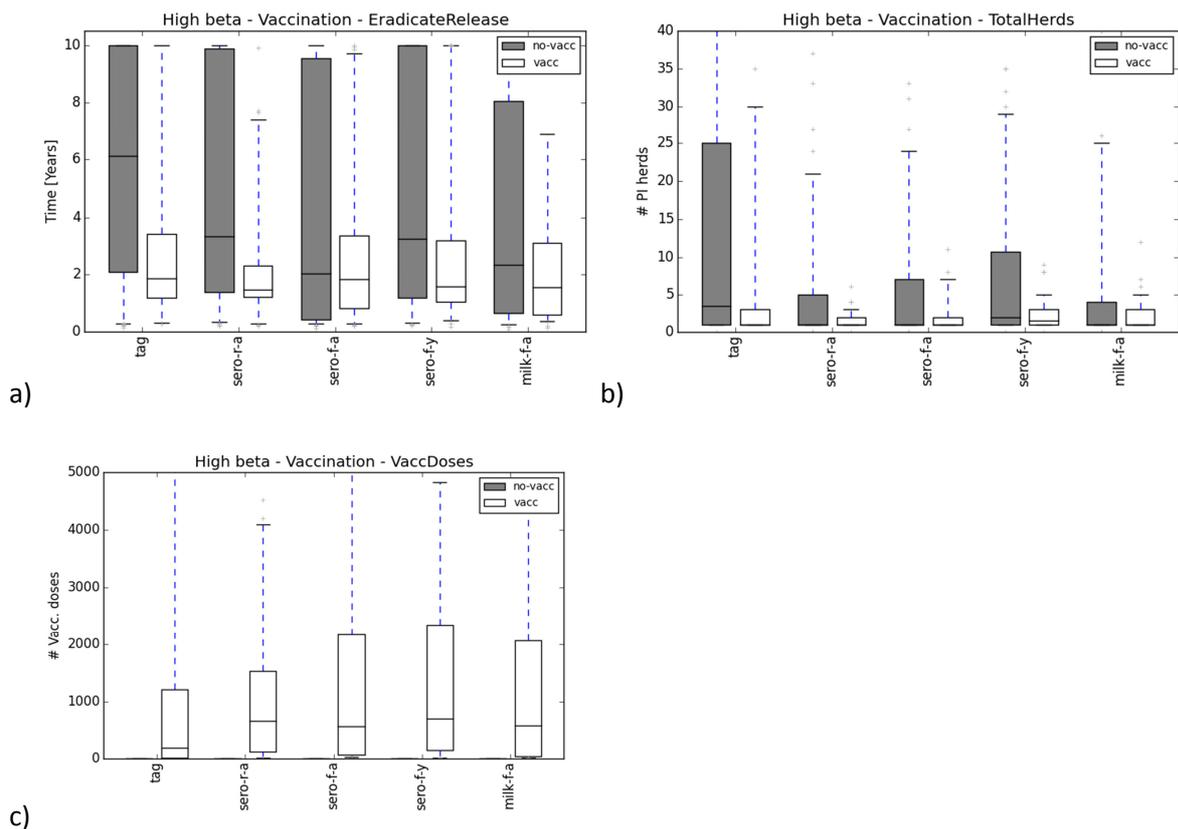
*Anmerkung:* Die Designprävalenz von 0.2% der Herden einer Region als 95%-sichere Schwelle für die Entdeckung eines serologischen Geschehens selbst bei 1000 Herden kritisch zu betrachten ist, da bereits die Eintragsherde 0.1% beisteuert. Hier wäre es sinnvoll sehr kleine Herden (die im Modell nicht dargestellt werden, da sie aus wirtschaftlichen Erwägungen bei der kontinuierlichen Ohrstanzenüberwachung bleiben sollten), in die Schwellwertberechnung einzubeziehen. Damit würde z.B. für ST die kritische Schwelle ggf. auf über 10 serologisch positive Herden angehoben, je nach Größe der betroffenen Betriebe (max. 0.1% aller Tiere).

Die betrachteten Auswertegrößen unterstreichen erneut, dass einerseits mit ausreichend Ressourcen die Ohrstanze die besten und vor allem zuverlässigsten Ergebnisse generiert, bei Einsparungen aber schnell schlechtere Ergebnisse liefert. Unter Einsparungszwang leisten serologische orientierte Strategien zuverlässigere Überwachungsaussagen.

Die generell festgestellte schnelle Erstentdeckung eines Eintrags wird durch wenige betroffene Herden nach Abschluss der Wiedertilgungsmaßnahmen gespiegelt. In den hier gezeigten Modellanalysen ergibt sich die Wiedertilgung allein durch die Rückkehr zur Ohrstanze in (entdeckten) infizierten Betrieben.

## Bestandsnotimpfung als reaktive Tilgungsmaßnahme

Bemerkenswerterweise sind die größtenbeschränkten Ausbrüche schon durch die Kombination einer schnellen Erstentdeckung und die Rückkehr zur Ohrstanze in betroffenen Betrieben erreichbar. Aufgrund der wenigen involvierten Bestände hängt die zügige Wiedertilgung vor allem von der schnellen Sanierung der entdeckten infizierten Bestände ab, und weniger von der Verfolgung der Kontaktnetzwerke. Letzteres gilt nicht für die größeren Geschehnisse im oberen Quartil der Ergebnisverteilungen. Um die schnelle Sanierung zu erreichen, wird die Anwendung der lokalen Notimpfung ins Spiel gebracht. Es sei angemerkt, dass mit derzeitigen Impfmöglichkeiten die flächendeckende vorbeugende Einmalimpfung aller gebärfähigen weiblichen Tiere vor der Erstbelegung unwirtschaftlich ist, da allein dadurch schon das volle Budget aufgebraucht wäre und keine Ressourcen für weitere Überwachungstests mehr frei wären. Im folgenden Abschnitt wird die reaktive Notimpfung in allen als infiziert entdeckten Beständen zusätzlich zum laufenden Überwachungsprogramm simuliert d.h. Immunisierung aller weiblichen Tiere mit Lebendimpfstoff unter Annahme eines wirksamen Infektionsschutzes von 80%. Die zusätzlichen Notimpfungskosten (siehe z.B. Abb. 6c) sind nicht mehr in den jeweiligen Budgets zur Überwachung enthalten und richten sich nach dem Erfolg der Wiedertilgung sowie der Häufigkeit von Neueinschleppungen über die Zeit.



**Abbildung 6: Simulationsergebnisse unter Annahme hoher Infektiösität des BVD Virus. (a) Verteilung der Zeit bis zur erneuten Tilgung (Boxplot) für unterschiedliche Überwachungsansätze (x-Achse). (b) Verteilung der kumulativen Anzahl von Herden mit PI Tieren bis zur endgültigen Wiedertilgung (Boxplot) für unterschiedliche Überwachungsansätze (x-Achse). (c) Verteilung der insgesamt Verwendeten Impfdosen über alle Simulationen (Boxplot) für unterschiedliche Überwachungsansätze (x-Achse). Im Vergleich die Simulationen ohne Notimpfung („no vacc“ – dunkelgraue Boxen) und mit Notimpfung („vacc“ - weiße Boxen). Die jeweilige Auswertestatistik gilt für das AHL-Budget mit 68.2% Einsparung gegenüber dem vollen Budget.**

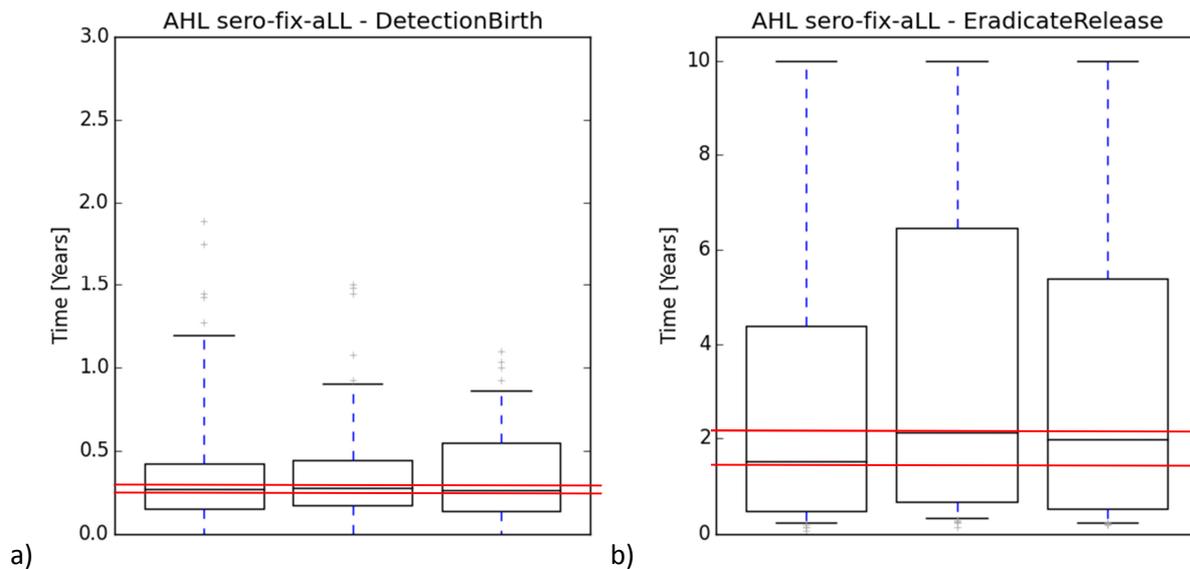
Für die Darstellung der Ergebnisse der Modellsimulation mit Bestandsnotimpfung werden die Daten zur hochinfektiösen BVD gezeigt, und zwar für die Simulationen mit dem niedrigsten Budget. Motivation hierfür ist, dass einerseits gemäß der vorherigen Betrachtungen, das geringste Budget auch die langsamsten Wiedertilgungszeiten generiert (Abb. 4), und andererseits bei hochinfektiösem Virus die größten Ausbrüche zu erwarten sind (siehe Anhang).

Die dunkelgrauen Datenreihen in Abbildung 6 zeigen die Situation ohne Notimpfung. Diese Boxplots sind mit den weißen Boxen aus Abbildung 4 und 5 vergleichbar. Letztere sind für das Virus mit mittlerer Infektiösität gerechnet, und daher ist Zeit bis zur Wiedertilgung in Abbildung 4 deutlich optimistischer. Trotz des aggressiven Szenarios werden durch die reaktive Notimpfung aus einem faktisch nicht beherrschbaren Eintrag (dunkelgraue Boxen) Wiedertilgungszeiten mit praktischer Relevanz, d.h. in der Hälfte aller Fälle wird die Wiedertilgung innerhalb von zwei Jahren erreicht (Abb. 6a weiße Boxen) und in 3 von 4 Fällen höchstens zwei Folgeherden infiziert.

Die reaktive Notimpfung ist ein geeignetes Mittel, um die Zeit bis zur Wiedertilgung zu minimieren und trotz wiederkehrender Eintragungen den Freiheitsstatus einer gesamten Region zu erhalten.

## Unsicherheitsbewertung

Quantitative Analysen formulieren Ergebnisse in Form von Zahlen und damit weniger zweideutig als verbale Bewertungen. Allerdings ist es wichtig für die praxisorientierte Interpretation der Aussagen, die Unsicherheit stochastischer Analysen nicht zu vernachlässigen. Im vorangegangenen Ergebnisteil sind alle strategiebezogenen Auswertungen als Verteilung dargestellt und damit die inhärente Streuung einer Größe, z.B. Entdeckungszeit in Jahren, umfänglich dargestellt. Im Weiteren wurden verschiedenen Strategien miteinander verglichen, indem sowohl die Lage der zentralen Tendenz (Linie innerhalb einer Box) als auch deren Variabilität (Höhe der Box) und die Extreme der errechneten Größe (Whisker) dargestellt wurden. Die folgende Abbildung dient nunmehr der Veranschaulichung relevanter Unterschiede zwischen den untersuchten Größen Zeit bis zur Entdeckung und Zeit bis zur Wiedertilgung. Dabei wurde die vorherige Auswertung für eine beliebige ausgewählte Strategie (sero-f-a mit ahl-Budget 68% Einsparung) dreimal wiederholt.



*Abbildung 7: Verteilung der Entdeckungszeiten (a) und Tilgungszeiten (b) für ein und dieselbe Überwachungsstrategie sero-f-a und dem Budget AHL, d.h. 3 mal 100 Einzelläufe. Die Unterschiede zwischen den drei dargestellten Boxplots sind dem Zufall geschuldet und zeigen an in welcher Größenordnung Unterschiede zwischen verschiedenen Strategien als relevant zu betrachten sind.*

Alle drei Ergebnisse in dieser Abbildung sind ein zufällig entstandener Wert der gesuchten Auswerteverteilung und der Unterschied zwischen den Boxplots hat inhaltlich keine Bedeutung, sondern ist durch Zufallseinflüsse verursacht. Im Umkehrschluss heißt dies, dass Unterschiede in den zeitlichen Auswertegrößen zwischen verschiedenen Strategien (Abbildung 3 und 4) in eben solchen Größenordnungen praktisch nicht relevant sind und dergestalt „abweichende Werte“ für miteinander verglichene Strategien als äquivalent anzusehen sind.

## Diskussion

Im Ergebnis der Modellsimulation ließen sich verschiedene Optionen zur Bekämpfung der BVD in sachsen-anhaltischen Rinderbeständen miteinander vergleichen, wobei sowohl die strategische Betrachtungsebene als auch die Frage der Kosten berücksichtigt wurden. Dabei wird deutlich, dass selbst bei angenommenem hohem Infektionsdruck der BVD die Wiederentdeckung eines Eintrages mit den jeweils angewendeten Überwachungsoptionen unproblematisch ist. Vielmehr zeigte sich, dass Entdeckungszeiten von unter einem Jahr mit allen betrachteten Überwachungsstrategien zu erwarten sind.

Die zweite wesentliche Erkenntnis betrifft die erneute Tilgung eines Eintrages. Die bloße Fortführung einer Überwachungsstrategie ohne Notfalleskalation zusätzlich zur neuerlichen Anwendung des Ohrstanzverfahrens in positiven Beständen reicht nicht aus, um in allen Infektionsdruckszenarien die erneute Tilgung der BVD aus der Rinderpopulation zeitnah zu gewährleisten. Hierzu sind weitere Analysen erforderlich, um verschiedene Infektionsdruckszenarien in ihrem endemischen Gleichgewichtszustand nach etwa 20 Jahren mit historischen Herdenprävalenzdaten zu vergleichen. Dadurch würde es ermöglicht, die Infektionsdruckszenarien auf einen plausiblen Bereich einzuschränken. Zusätzlich wäre es sinnvoll, weitere Untersuchungen zu Notfallmaßnahmen in und um positive Bestände durchzuführen. Insbesondere sind im Modell derzeit noch keine Maßnahmen zur Rück- und Nachverfolgung implementiert, d.h. epidemiologische Untersuchungen beim Tracing Back und Tracing Forward.

Die vorliegende Analyse der Entdeckungs- und Tilgungszeiten ermöglicht es abzuschätzen, wieviel Zeit vergeht bis eine Rinderpopulation nach einem BVD-Eintrag erneut den Freiheitsstatus erreichen kann. Für die praxisnahe Nutzung der Ergebnisse bedarf es allerdings noch einer weiteren Untersuchung. Dazu müsste eine unterschiedlich angenommene Häufigkeit der Eintragung von BVD über das Jahr mit der Simulation von Entdeckung, Tilgung und Notfallprogramm kombiniert werden. Diese Studie würde klären, bis zu welcher Häufigkeit der Einschleppung von BVD pro Jahr die angedachten Maßnahmen ausreichen, um den Freiheitsstatus gemäß AHL aufrecht zu erhalten. Allerdings lassen sich mithilfe der gezeigten Ergebnisse erste grobe Abschätzungen vornehmen. Einerseits wurde die benötigte Zeit bis zur erneuten Tilgung eines Eintrages und andererseits sowohl die mittlere als auch die maximale Prävalenz gemessen. Insofern sind nur solche Simulationsszenarien als erfolgreich zu erwarten, bei denen entweder die Tilgungszeit sehr kurz, oder die maximale Prävalenz unterhalb der Schwellenwerte des AHL liegt.

Die in diesen Report vorgestellte Untersuchung zur Überwachung einer BVD-freien Rinderpopulation betrachtete die Situation nach erfolgreicher Tilgung der Krankheit. Insofern ist die direkte Übertragung in den Bekämpfungskontext oder in eine Bewertung von Maßnahmen für die Übergangsperiode zwischen Bekämpfung und Freiheit eingeschränkt. Obwohl die Verhältnisse zwischen den untersuchten Strategien für die beiden benannten Situationen vermutlich vollumfänglich bestehen bleiben, sind die fehlende Anwendbarkeit einzelner diagnostische Tests (z.B. serologisch nicht naive Bestände) ein die Übertragbarkeit beschränkender Aspekt.

Das im Projekt zum Einsatz gekommene Modell stellt den Stand der Wissenschaft zur BVD-Modellierung in großen Rinderpopulationen dar. Insbesondere wurde zum ersten Mal ein Handelsnetz generisch konstruiert. Allein die herdenbezogenen Management- und Tiertransportregeln generieren Tierzahlen in den einzelnen Betriebsstrukturen, die qualitativ und quantitativ mit HIT-Daten übereinstimmen. Trotzdem bleibt das Modell von der direkten Dateneingabe unabhängig. Insofern können zum ersten Mal Handelsstrukturen simuliert werden, die nicht das Handelsnetz einzelner weniger Jahre statisch wiederholen oder zufällig aneinander reihen. Bei der Implementation des Transportalgorithmus wurde festgestellt, dass die Interaktion zwischen Beständen einer Rinderpopulation nicht allein durch die zufällige Befriedigung von Bedarf und Überschuss realisiert werden kann. Vielmehr muss festgestellt werden, dass solche in der Literatur bereits verwendeten Ansätze die Dichte des Handelsnetzes überschätzen und dadurch der Ausbreitung einer simulierten Infektionskrankheit in unrealistischer Weise Vorschub leisten.

Im Rahmen dieses Projektes wurde ein innovativer Ansatz gewählt, um die Frage der ökonomischen Belastung durch die jeweilige Überwachungsstrategie anzugehen. Mittels des ausbalancierten Budgets konnten übliche Schwierigkeiten ökonomischer Bewertungen von Tierseuchen-Bekämpfungsmaßnahmen weitestgehend vermieden werden. Die Vorteile sind zum einen die kostenneutrale Vergleichbarkeit der Strategieperformance und zum anderen unmittelbar darstellbare Reduktion eingesetzter Ressourcen. Damit lassen sich die Chancen und Risiken der Kosteneinsparung bei der BVD-Überwachung in großen Populationen ermitteln. Im Gegenzug erlaubt dieser Ansatz es nicht, die prinzipielle Wirtschaftlichkeit einer BVD-Überwachung und -Bekämpfung zu untersuchen. Für die hier vorgestellte Studie ist es daher grundlegend, dass die wirtschaftliche Notwendigkeit und Zielstellung einer BVD-Überwachung bereits geklärt ist z.B. Erhalt der biologischen BVDV Freiheit im Sinne des AHL.

Zum Abschluss soll mit aller Deutlichkeit auf einen oft vernachlässigten Aspekt der Diskussion von diagnostischen Verfahren im Rahmen der BVD Überwachung hingewiesen werden, den die vorgestellten Ergebnisse neu beleuchten. Die Überwachung mittels Ohrstanze funktioniert durch systematische Beprobung jedes Tieres einer Population (census Wissen) und geht mit substantiellen Sicherheitskosten einher. Wie zu erwarten, geht bei Budgetkürzungen die Leistungsfähigkeit des Verfahrens schnell verloren. Die herdenstratifizierte und innerhalb der Herden möglichst wenig konzentrierte Probennahme zielt darauf, die systematische Untersuchung durch eine sinnvoll minimierte Stichprobe zu ersetzen (kein census Wissen). In den Ergebnissen wurde deutlich, dass mittels Stichprobenüberwachung Teile des für die Ohrstanze eingesetzten Budgets („volles Budget“) nicht benötigt werden, um das gestellte Überwachungsziel zu erreichen – nämlich zeitnahe Entdeckung eines BVD Eintrags in eine naive Rinderpopulation und effektive Wiedertilgung eines in der Folge entstehenden Ausbruchsgeschehens. Interessanter Weise bringt aber umgekehrt die Stichprobenüberwachung mit vollem Budget kein besseres Ergebnis als die Ohrstanze. Das heißt im Umkehrschluss, dass die Entscheidung für den einen oder anderen Überwachungsansatz nur zum Teil eine Kostenfrage bleibt. Ebenso wichtig ist es, welche Informationen aus der gezwungenermaßen langfristig ausgerichteten Überwachung gewonnen werden sollen – für das schlichte Vorzeigen einer AHL konformen BVD Freiheit reicht sicherlich der einsparungsfixierte Ansatz.

Der Nutzen des hier vorgestellten Projekts geht über den eigentlichen Inhalt dieses Reports hinaus. Während der Konzeption und Entwicklung des verwendeten Simulationsmodells wurde ein intensiver partizipatorischer Ansatz verfolgt. Dazu wurde von Beginn an jede Modellregel zwischen den Projektpartnern besprochen und abgestimmt. Dadurch entstand ein Modell, das sowohl modelltheoretisch als auch veterinärepidemiologisch dem gestellten Problem angepasst ist.

## Anhang A - HIT-Abfragen

Liste aller Rinderhalter: Abfrage "Erweiterte Übersicht Betriebsdaten", [https://www3.hi-tier.de/HitCom/l\\_btr.asp](https://www3.hi-tier.de/HitCom/l_btr.asp)

Bestand aller Betriebe, Bsp. 1.1.2017

MELDUNG=BETRD

```
#BESTREG(01.01.2017;01.01.2017/BNR15;LOM;GEB_DATR;RASSE;RASSE_X;GESCHL_X;LOM_MUT;TIER_EINX;DAT_EIN;EKALBDAT;LKALBDAT;KALBUNGANZ;TIER_ENDX;DAT_END;ALTERX)
BNR15;IS;15
```

Zugänge mit Lebenslauf für 2017:

MELDUNG = ZUGANG

```
LOM;BNR15;ZUGA_DAT;BNR15_VB;#TIEREIN(BNR15;LOM;ZUGA_DAT/BNR15_VB);#TIERSTAM(LOM/GEB_DATR;RASSE;RASSE_X;GESCHL_X;EKALBDAT);#LEBENSLQ(LOM/BNR15;ILANDX;BLANDX;BEW_ART_TX;TIER_HEINX;DAT_EIN;TIER_HAUSX;DAT_AUS;ALTERX)
BNR15;IS;15;AND;ZUGA_DAT;BW;01.01.2017;31.12.2017
```

Abgänge mit Lebenslauf für 2017:

MELDUNG = ABGANG

```
LOM;BNR15;ABGA_DAT;BNR15_NB;#TIERAUS(BNR15;LOM;ABGA_DAT/BNR15_NB);#TIERSTAM(LOM/GEB_DATR;RASSE;RASSE_X;GESCHL_X;EKALBDAT);#LEBENSLQ(LOM/BNR15;ILANDX;BLANDX;BEW_ART_TX;TIER_HEINX;DAT_EIN;TIER_HAUSX;DAT_AUS;ALTERX)
BNR15;IS;15;AND;ABGA_DAT;BW;01.01.2017;31.12.2017
```

Geburten 2016-2017 (für ZKZ):

MELDUNG = GEBURTK

\*

```
BNR15;IS;15;AND;GEB_DATR;BW;01.01.2016;31.12.2017
```

## Anhang B – Ermittlung der Kosten für Probenahmen im Betrieb

Grundlagen Gebührenordnung für Tierärzte

Blutproben Rind, einfacher Satz, netto: 3,85 €/Tier

Milchproben Einzeltier, einfacher Satz, netto: 1,28 €/Tier

Grundlage für die Untersuchungskosten ist die ALLGO des Landes Sachsen-Anhalt

BVD-Antikörper ELISA (Blut/Einzelmilch): 3,00 € (Allgospanne: 0,30 – 30,00)

BVD-Antikörper Tankmilch existiert noch nicht

anderen Tankmilch ELISA 15,00 € (0,30 – 30,00)

BVD-AG ELISA Blut: 5,00 € (0,30 – 30,00)

BVD-AG ELISA Ohrst.: 2,90 € (0,30 – 30,00)

BVD-PCR Ohrst.: 2,90 € (1,00 – 10,00) je Probe 10-25 max.

BVD-PCR Pool: 2,50 € (1,00 – 10,00) je Probe, 10-50 max. Blut oder Milch

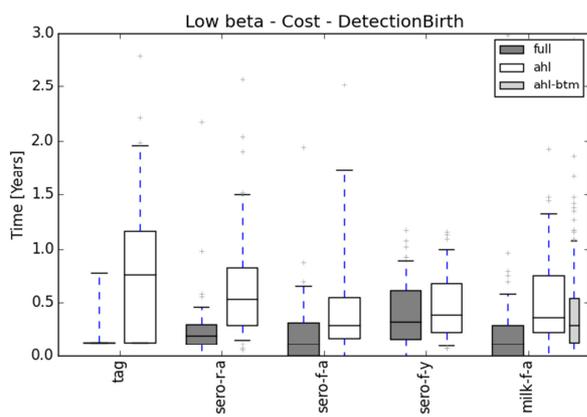
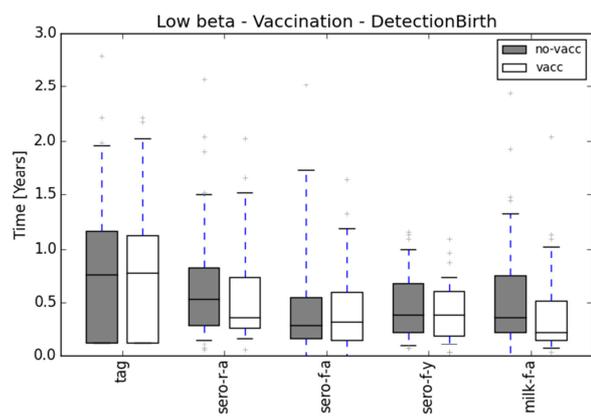
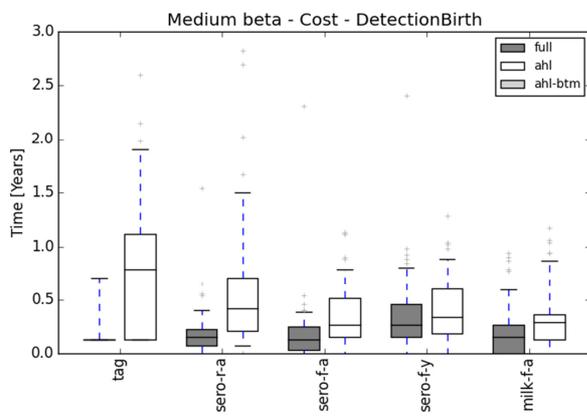
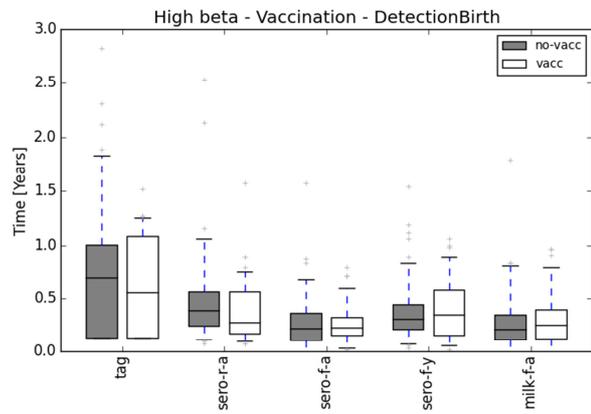
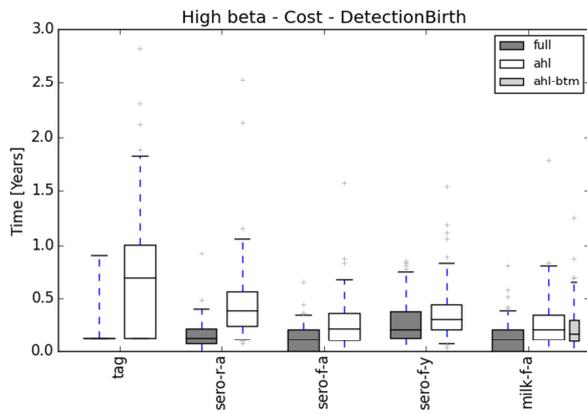
BVD-PCR Einzel (1.-30. Lebenstag): 14,00 € (1,00 – 50,00) Bei Kälbern im ersten Lebensmonat muss aus Blut eine Einzel-PCR erfolgen.

Grundlage der Bestandsuntersuchung ist die GOT

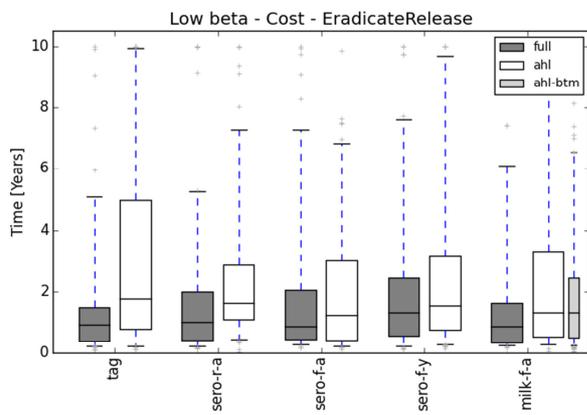
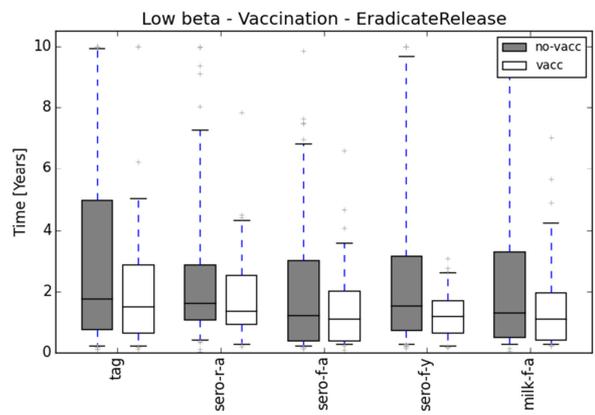
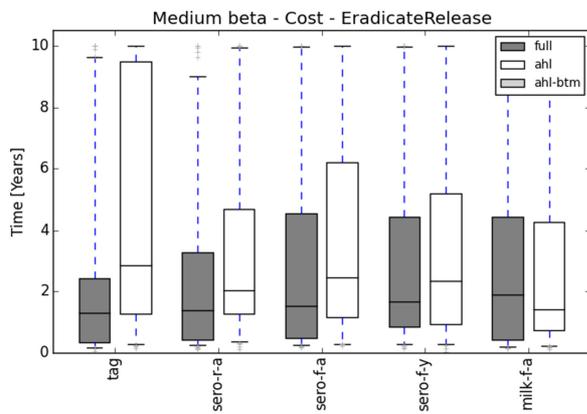
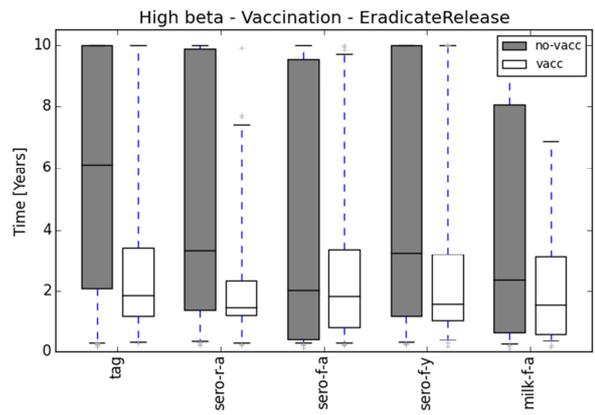
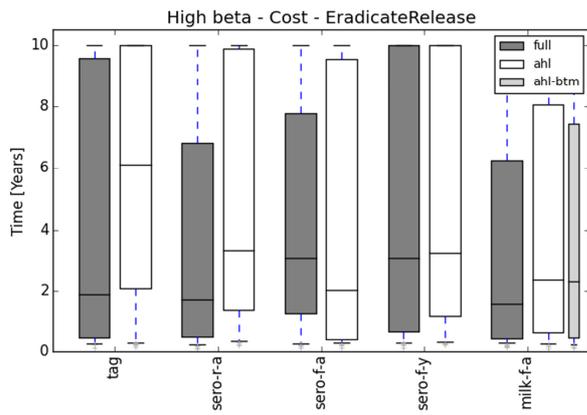
- Bestandsuntersuchung vorgesehen für Aufwand außer bei Impfung; gleiche Höhe, wie Bestandsgebühr einfacher Satz, netto:
  - 1.-20. Tier: 32,07 €
  - ab 21. Tier: 1,28 € / Tier

# Anhang C – Übersicht aller Simulationsergebnisse

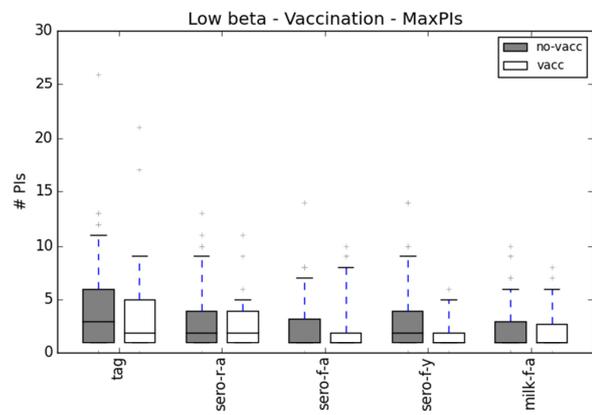
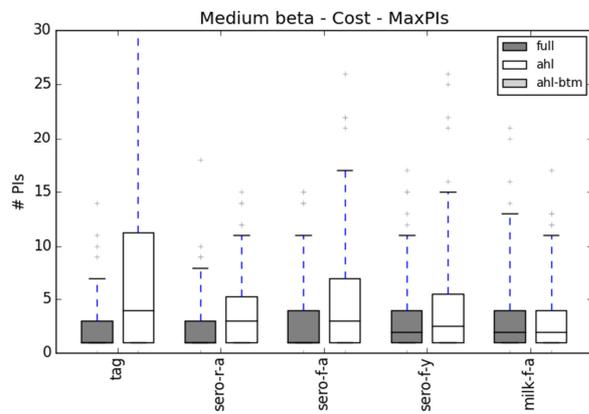
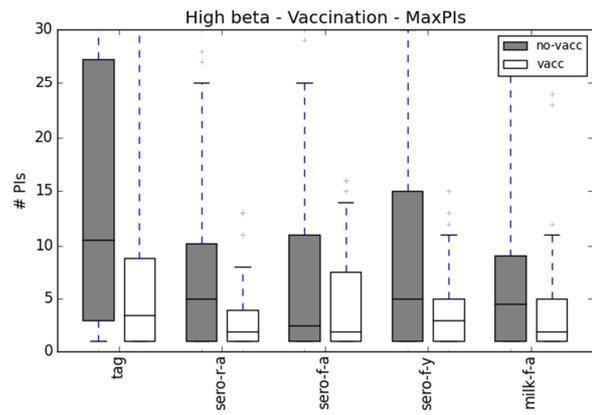
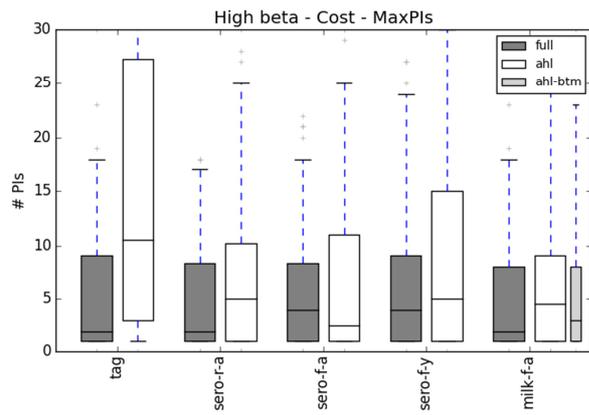
## Detection



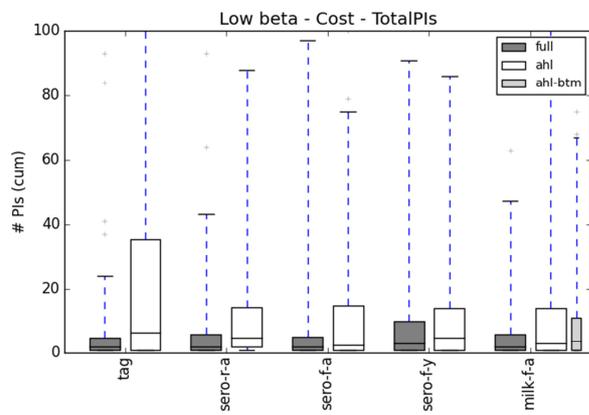
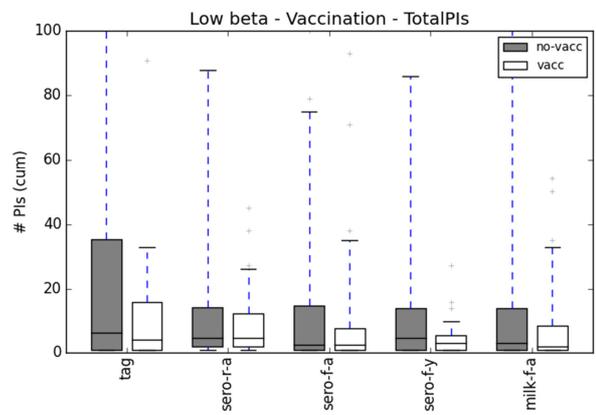
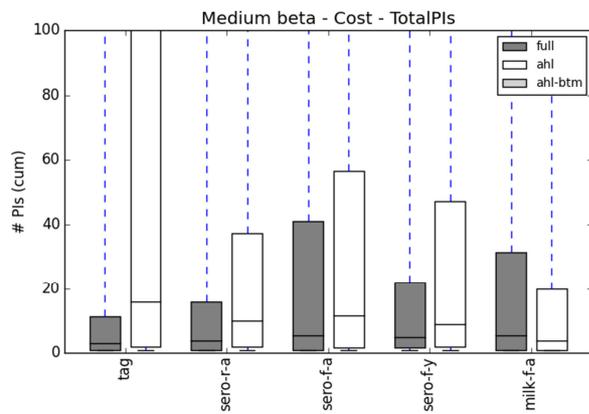
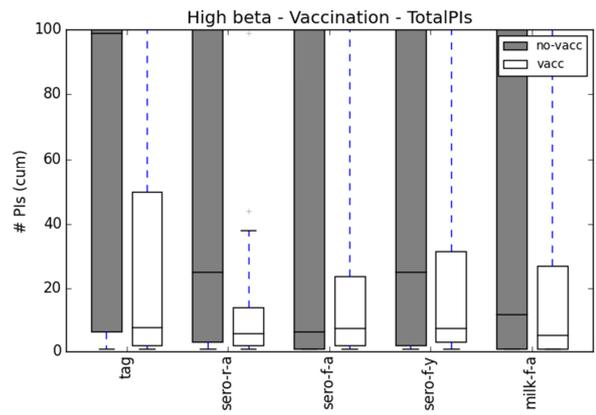
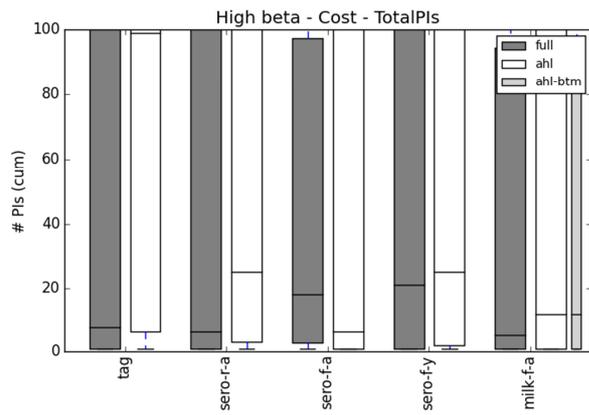
## Eradication



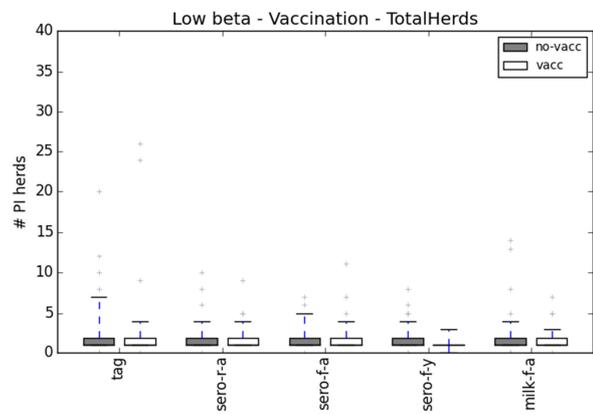
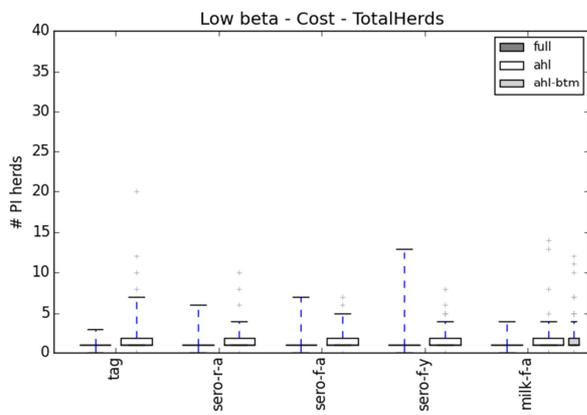
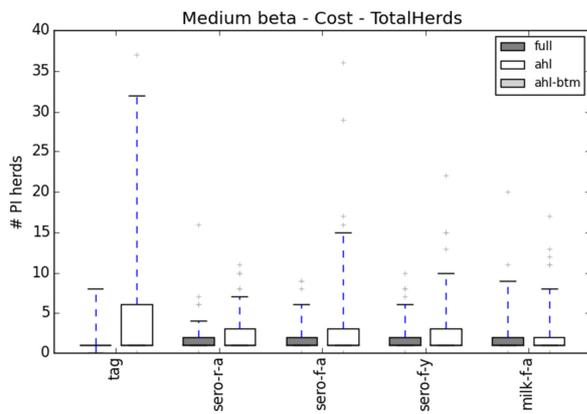
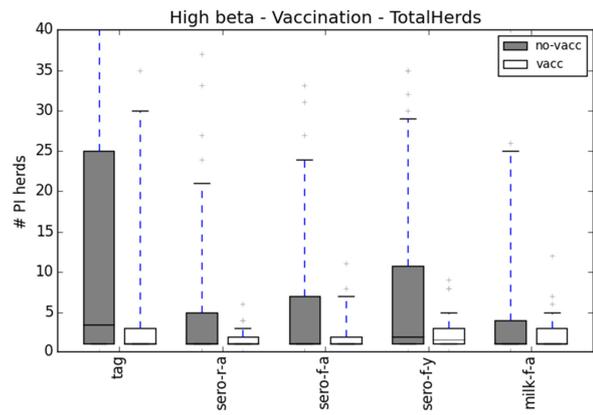
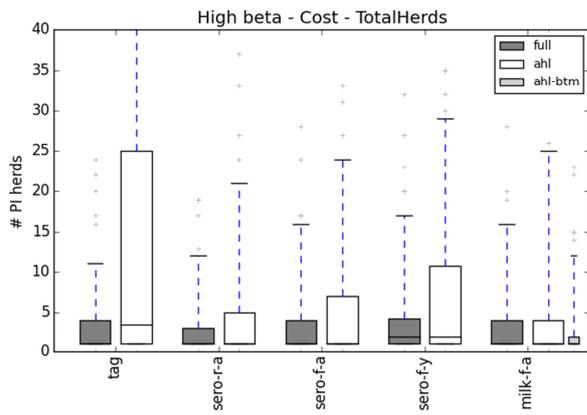
## Peak Pis



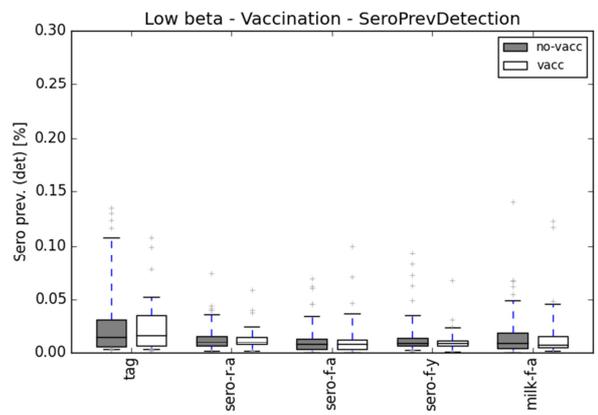
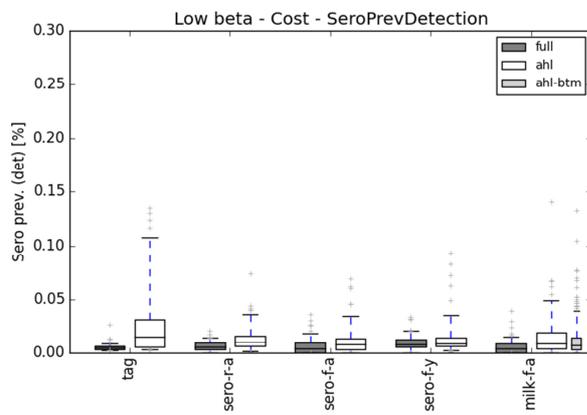
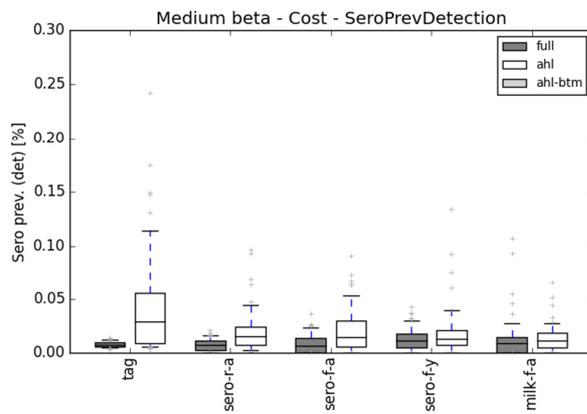
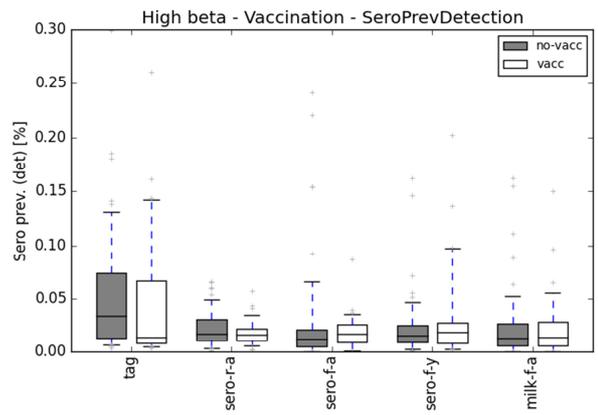
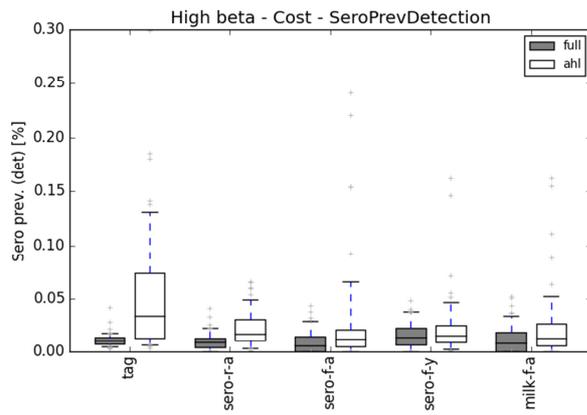
## Total Pis



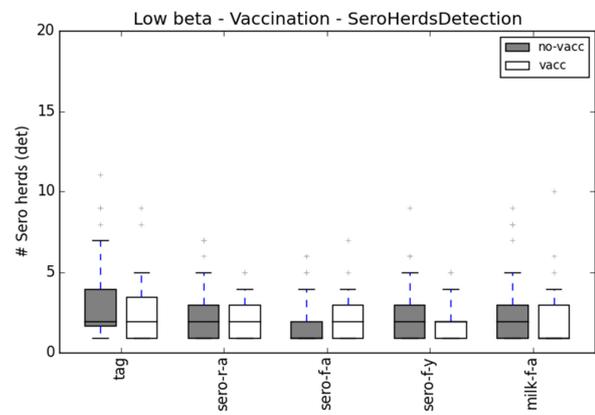
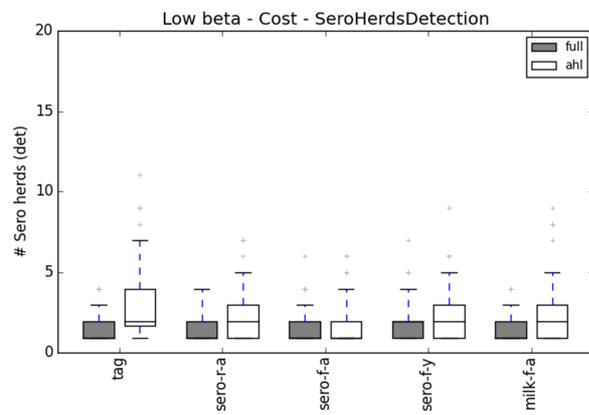
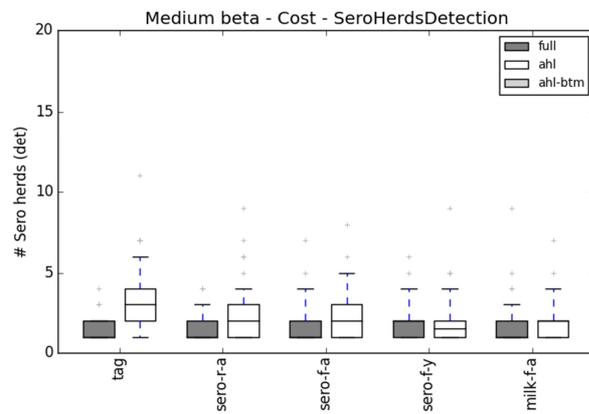
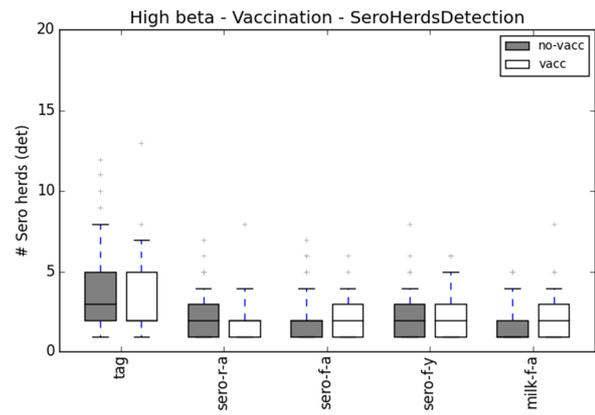
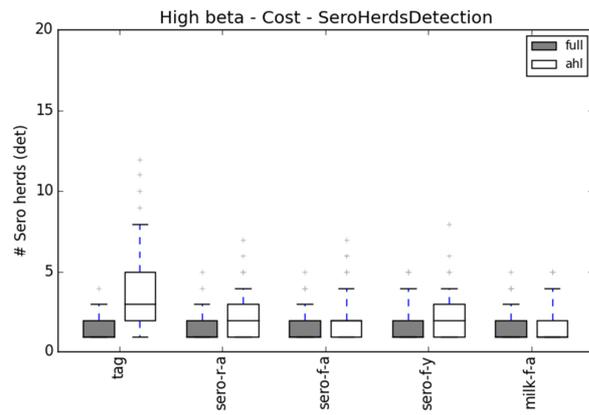
## Total herds



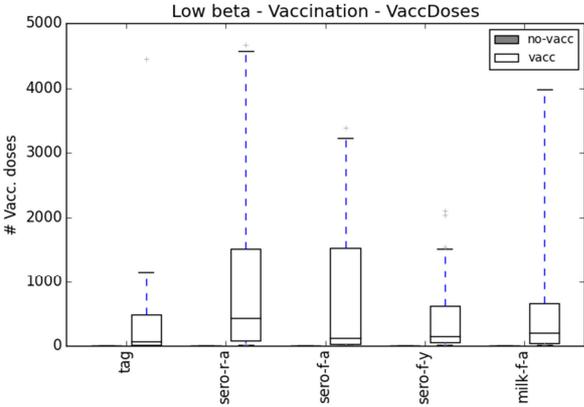
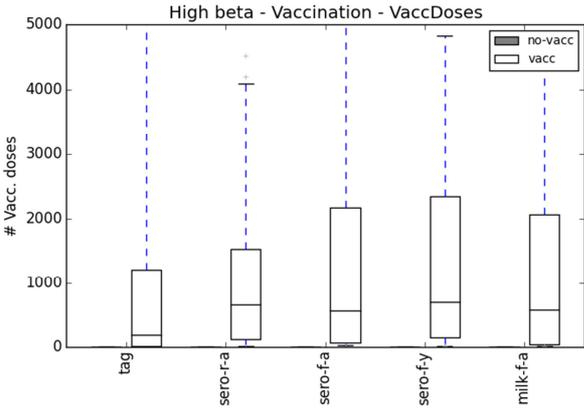
## Sero-prevalence at detection



## Sero-positive herds at detection



# Vaccine doses



## Anhang D - Modelldokumentation

# FarmECS/ ODD Saxony-Anhalt Report

Last edit: M.lange | 10.12.2019, 15:25 | all

From EcoEpi  
< FarmECS

ODD protocol for Saxony-Anhalt BVD surveillance simulations.

This page mainly consists of transcluded "modules". Each component (in the ECS-sense) and submodel is documented on a separate page to facilitate flexible compilation of ODDs by transclusions. To edit components or submodels, follow the link on top of the module's section.

For guidelines and conventions, please read FarmECS/ODD.

To refresh this page after changes to submodels, click this link ([https://ecoepi.miraheze.org/w/index.php?title=FarmECS/ODD\\_Saxony-Anhalt\\_Report&action=purge](https://ecoepi.miraheze.org/w/index.php?title=FarmECS/ODD_Saxony-Anhalt_Report&action=purge)) to clear the cache.

## Contents

---

- 1 Overview [-]
  - 1.1 Purpose
  - 1.2 Entities, state variables, and scales [+]
  - 1.3 Process overview and scheduling
- 2 Design [-]
  - 2.1 Herd management
  - 2.2 Transports
  - 2.3 BVD Infection
- 3 Details [-]
  - 3.1 Globals [+]
  - 3.2 Initialization [-]
    - 3.2.1 Herds and animals
    - 3.2.2 Neighborhood
    - 3.2.3 Trade partners
    - 3.2.4 BVD surveillance
  - 3.3 Input data
  - 3.4 Submodels [+]
- 4 Parameters

## Overview

---

### Purpose

Purpose of the FarmECS model is the evaluation of different BVD post-eradication surveillance strategies that may potentially replace ear tag antigen/virus testing.

## Entities, state variables, and scales

Entities are individual cattle animals and cattle herds.

Spatial scale is the German Federal State of Saxony-Anhalt, with an area of approx. 20'000 km<sup>2</sup>, 1000 cattle herds and 330'000 individual cattle. Herds are represented as 2D points in continuous space.

The model has a time step of one week, and runs over years to decades.

### State variables

Due to the application of an Entity-Component-System (ECS), state variables are grouped into *Components* that are attached to *Entities*. Components, and thus state variables, may be optional for certain entity types, or may be attached only temporarily.

#### Animals

##### AnimalBase

FarmECS/ODD/Components/AnimalBase

Basic animal component. Permanent for all animals. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/comp/animal/AnimalBase.scala>)

Variable	Type	Default	Description
id	int	unique auto-generated	Unique animal ID
sex	enum Sex: Female, Male	null	Animal's sex
cohort	enum Cohort: Calf, Heifer, ...	null	Animal's current management cohort
breed	enum Breed: Dairy, Beef, Mixed	null	Animal's breed
dateOfBirth	int	Int.MinValue	Date (model tick) of birth
tickFirstCalving	int	Int.MinValue	Date (model tick) of first calving
tickLastCalving	int	Int.MinValue	Date (model tick) of last calving so far
calvings	int	0	Number of calving so far (parity)

##### AnimalGroup

FarmECS/ODD/Components/AnimalGroup

Component specifying an animal's herd. Permanent for all animals. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/comp/animal/AnimalGroup.scala>)

Variable	Type	Default	Description
herd	HerdBase	null	The HerdBase component of the animal's herd

##### AwaitsBreeding

FarmECS/ODD/Components/AwaitsBreeding

Component marking female animals are to be served at some time in the future. Optional, only non-pregnant females to be served. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/comp/animal/AwaitsBreeding.scala>)

Variable	Type	Default	Description
inseminationTrial	int	0	Number of insemination trials so far (for trial-based breeding)
lastInseminationTrial	int	Int.MinValue	Date (model tick) of last trial (for trial-based breeding)
dateOfLastConception	int	Int.MinValue	Date (model tick) of last conception
inseminationTick	int	Int.MinValue	Date (model tick) of future insemination (for distribution-based breeding)
inseminationSuccess	boolean	false	Success of future insemination (for distribution-based breeding)

## IsPregnant

FarmECS/ODD/Components/IsPregnant

Component marking pregnant females. Optional, only pregnant females. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/comp/animal/IsPregnant.scala>)

Variable	Type	Default	Description
sex	enum Sex: Female, Male	null	Sex of the fetus
breed	enum Breed: Dairy, Beef, Mixed	null	Breed of the fetus
dateOfConception	int	Int.MinValue	Date (model tick) of conception
dateOfAbortion	int	Int.MinValue	Date (model tick) of future abortion (Int.MinValue if no abortion)
isPregnancyKnown	boolean	false	Is pregnancy known to owner?

## ScheduledForSale

FarmECS/ODD/Components/ScheduledForSale

Marks animals to be sold at some point in the future. Optional. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/comp/animal/ScheduledForSale.scala>)

Variable	Type	Default	Description
tickOfSale	int	Int.MinValue	Intended future date (model tick) to sell the animal

## IsForSale

FarmECS/ODD/Components/IsForSale

Marks animals currently offered for sale. Optional, only animals currently on the "market". Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/comp/animal/IsForSale.scala>)

Variable	Type	Default	Description
tradeCohort	enum TradeCohort: CalfForFattening, ...	null	Trade cohort (animal type) the animal belongs to
tickOfIntendedSale	int	Int.MinValue	Originally intended date (model tick) to sell animal
herd	HerdBase	null	Component HerdBase of the animal's source herd
isSold	boolean	false	If the animal was successfully sold. For technical reasons

## AnimalTradeSource

FarmECS/ODD/Components/AnimalTradeSource

Marks the source/birth herd for traded animals. Used to transport reared dairy heifers back to their source.

Optional. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/comp/animal/AnimalTradeSource.scala>)

Variable	Type	Default	Description
sourceHerd	HerdBase	null	Component HerdBase of the animal's source/birth herd

## AnimalBvdEpiStat

FarmECS/ODD/Components/AnimalBvdEpiStat

Component containing BVD-related state variables. Optional, but used on all animals in BVD simulations.

Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/comp/animal/AnimalBvdEpiStat.scala>)

Variable	Type	Default	Description
epiStat	enum BvdEpiStat: Susceptible, ...	Susceptible	The epidemiological status of the animal
fetusEpiStat	enum BvdEpiStat: Susceptible, ...	Susceptible	The epidemiological status of the animal's in utero calf, if any
lastChange	int	Int.MinValue	Date (model tick) of last status change (e.g. infection, recovery)
piDamId	long	Long.MinValue	Animal ID of dam if dam is a PI

## Herds

### HerdBase

FarmECS/ODD/Components/HerdBase

Basic herd component. Permanent for all herds. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/comp/herd/HerdBase.scala>)

Variable	Type/Values	Default	Description
id	long	Long.MinValue	Unique herd ID
herdType	HerdType	null	The herd's herd/management type. Specific sets for different regions
animals	List[AnimalBase]	empty list	List of the herd's animals
enterprise	List[HerdBase]	empty list	List of other herds belonging to the same enterprise
tradeDemand	List[float]	[Float.MinValue, ...]	Current relative trade demand per TradeCohort

### Position

FarmECS/ODD/Components/Position

Position component. Permanent for all herds. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/comp/basic/Position.scala>)

Variable	Type/Values	Default	Description
x	float	0.0	X coordinate / easting
y	float	0.0	Y coordinate / northing

## HerdManagement

FarmECS/ODD/Components/HerdManagement

Herd component for management variables and parameters. Permanent for all herds. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/comp/herd/HerdManagement.scala>)

Variable	Type/Values	Default	Description
targetBreeders	int	Int.MinValue	Target number of breeders (target herd size for non-calving herd types)
breedingSeason	(int, int)	null	Start and end calendar week (tick of year) of breeding season
outdoorSeason	(int, int)	null	Start and end calendar week (tick of year) of breeding season
probKeepHeifers	float	1.0	Current probability to keep heifers
replacementEstTick	int	0	Phase offset of replacement estimation date (tick)
demandEstTick	int	0	Phase offset of demand estimation date (tick)

## HerdPooling

FarmECS/ODD/Components/HerdPooling

Cohort contact structure / pooling of herd. Permanent for all herds. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/comp/herd/HerdPooling.scala>)

Variable	Type/Values	Default	Description
poolingIndoor	Matrix[boolean]	null	Cohort-to-cohort pooling/contacts matrix indoor
poolingOutdoor	Matrix[boolean]	null	Cohort-to-cohort pooling/contacts matrix outdoor

## HerdTradePartners

FarmECS/ODD/Components/HerdTradePartners

Permanent/primary trade partners of the herd. Optional, but normally used on all herds. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/comp/herd/HerdTradePartners.scala>)

Variable	Type/Values	Default	Description
outPartners	List[HerdBase]	empty list	List of target trade partners
inPartners	List[HerdBase]	empty list	List of source trade partners

## HerdBvdStatus

FarmECS/ODD/Components/HerdBvdStatus

Stores herd bvd information, primarily for faster access/caching during neighborhood infection. Optional, but permanent on all herds in BVD simulations. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/comp/herd/HerdBvdStatus.scala>)

Variable	Type/Values	Default	Description
pi	List[int]	[0, ...]	Number of PIs per Cohort
ti	List[int]	[0, ...]	Number of TIs per Cohort
n	List[int]	[0, ...]	Total number of animals per Cohort
countPi	int	0	Number of PIs in the herd
countTi	int	0	Number of TIs in the herd
countSero	int	0	Number of sero-positives in the herd
countTotal	int	0	Total number of animals in the herd
lastPiTick	int	Int.MinValue	Last date (model tick) of PI presence

## HerdBvdNeighbors

FarmECS/ODD/Components/HerdBvdNeighbors

Holds herd's neighbors by their BVD status. Optional, but permanent on all herds in BVD simulations. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/comp/herd/HerdBvdNeighbors.scala>)

Variable	Type/Values	Default	Description
neighbors	List[HerdBvdStatus]	empty list	List of HerdBvdStatus components of neighboring herds

## HerdBvdTagSchedule

FarmECS/ODD/Components/HerdBvdTagSchedule

Marks the herd for tag testing. Optional, on herds with tag testing. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/comp/herd/HerdBvdTagSchedule.scala>)

Variable	Type/Values	Default	Description
lastDetection	int	Int.MinValue	Date (model tick) of last PI detection
tagAll	boolean	false	Tag all? Used to tag all after initial detection (and switch to tagging)

## HerdBvdSeroSchedule

FarmECS/ODD/Components/HerdBvdSeroSchedule

Marks the herd for blood serology testing. Optional, on herds with sero testing. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/comp/herd/HerdBvdSeroSchedule.scala>)

Variable	Type/Values	Default	Description
testTickOffset	int	Int.MinValue	Phase offset of test date/tick

## HerdBvdTankMilkSchedule

FarmECS/ODD/Components/HerdBvdTankMilkSchedule

Marks the herd for bulk tank milk serology testing. Optional, on herds with bulk milk testing. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/comp/herd/HerdBvdTankMilkSchedule.scala>)

Variable	Type/Values	Default	Description
testTickOffset	int	Int.MinValue	Phase offset of test date/tick

## Enumerations

Several categorical state variables are represented by enumerations:

**Cohort:** Animal management cohort.

Values: Newborn, Calf, Grasser, Heifer, HeiferBred, Cow, Fattener, Bull

**Sex:** Animal sex.

Values: Female, Male

**Breed:** Animal breed.

Values: Dairy, Beef, Mixed

**TradeCohort:** Animal trade type.

Values: PregnantHeiferDairy, CalfFemaleDairy, YoungFemaleDairy, PregnantHeiferBeef, YoungFemaleBeef, CalfForFattening

**BvdEpiStat:** Animal's BVD status

Values: Susceptible (S), TransientInfected (TI), PersistentInfected (PI), Recovered (R), MaternalAntibodies (MAB), Vaccinated (V)

**HerdType:** Management type of a herd. Values are specific for different regions.

Values for Saxony-Anhalt: Dairy (D), DairyNoRearing (DnR), DairyRearing (R), DairyRearing1 (R1), DairyRearing2 (R2), Fattening (F), Beef (B), BeefNoFattening (BnF)

## Process overview and scheduling

The model runs in discrete time steps of one week.

The main processes of each step are executed in the following order:

1. Management: grouping of animals to Cohorts, marking animals for sale
2. Breeding
3. Abortion
4. Calving
5. Trade/transport
6. BVD infection, recovery, PI mortality
7. Background mortality/culling
8. Testing/surveillance
9. Virus release

## Design

---

**Basic principles:** Herds manage animals according their herd type. Animals reproduce according to biological parameters, while breeding is managed by the herd. Grouping of animals to epidemiological units is also managed by the herd. Herds estimate their demand of certain animal types, and try to sell animals due to management scheme or when in excess. Supply and demand are balanced by trade, preferring herds belonging to the same enterprise, as well as long-term trade partners.

BVD spreads in the population by infection between individual cattle within herds and between neighboring herds. Vertical infection can lead to persistently infected calves. Additionally, infected animals can be

translocated by trade.

**Emergence:** Herd population structure emerges from biological parameters of cattle individuals and different management practices of herds. Transports result from emergent supply of and demand for certain animal types, and adaptive trade selection by demanders. Disease outbreaks emerge from individual disease courses, animal-to-animals transmission, neighborhood transmission between herds and animal transports.

**Interaction:** Herds interact by trade and neighborhood infection. Animals interact by horizontal and vertical disease transmission.

**Stochasticity:** Most processes and decisions in the model are stochastic.

## Herd management

Before continuing with ODD's Details part, herd management as the overarching driver of the model is to be explained in a schematic way.

Eight different herd types are defined in the model version for Saxony-Anhalt (see Enumerations), representing the typical management schemes of the cattle sector in that Federal State. Two types (Dairy [D], DairyNoRearing [DnR]) are milk-producing dairy herds, where D herds rear their own replacement heifers, while DnR herds do not. Three herd types (DairyRearing [R], DairyRearing1 [R1], DairyRearing2 [R2]) rear young female dairy animals for D and (primarily) DnR herds. Two herd types produce beef calves that they fatten (Beef [B]) or sell for fattening elsewhere (BeefNoFattening [BnF]). Finally, one herd type (Fattening [F]) buys calves from dairy and beef herds for fattening, but produces no own calves.

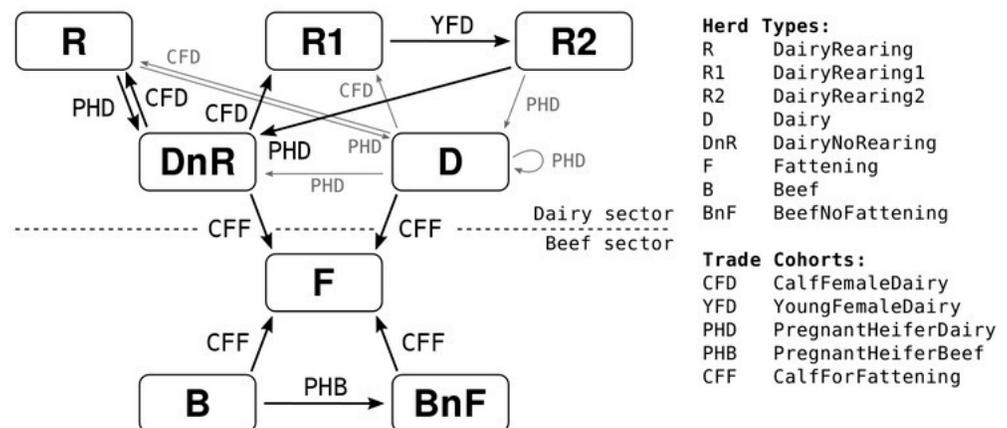
Here, *buy* and *sell* should be understood as synonyms of any kind of animal movements between herds, as participating herds may for instance be part of the same enterprise. Typical transports are shown in the diagram below.

Dairy (**D**) herds sell their male calves for fattening at the age of a few weeks (legally not under an age of 14 days). Most female calves are kept and reared as replacements, or sold as pregnant heifers before their first calving (approx. 24 months of age). In these herds, all age classes of animals are present.

Non-rearing Dairy (**DnR**)

herds sell most of their calves, but female calves are sold to external rearing herds (R or R1). Most of them return to the DnR herd as pregnant heifers before calving. These herds mainly consist of cows and some calves.

Rearing herds (**R**, **R1**, **R2**) buy dairy calves or young females. R herds rear calves to heifers, including breeding, and sell them back to DnR herds before calving. R1 herds buy calves and sell them before first breeding. R2 herds breed these animals and rear them until sold before calving.



Typical animal transports under the Saxony-Anhalt cattle management regime. Click the image for details.

Beef herds (**B**) sell weaned male and female calves for fattening, but also rear females at least for their own replacement. More females may be kept and sold as pregnant heifers.

Non-fattening beef herds (**BnF**, suckler herds) sell weaned male and female calves for fattening, and do not rear females to replacement heifers. Replacement heifers are bought in.

Fattening herds (**F**) buy beef calves as well as male dairy calves and fatten them until slaughter. Fattening herds do not normally produce own calves.

## Transports

Supply of and demand for animals by individual herds emerge from herd type specific management. Animals in supply and demand are classified into 5 trade categories (trade cohorts), like e.g. calves for fattening or pregnant dairy heifers. As an example, Fattening herds have demand for calves for fattening according the free space in their premises. Dairy herds supply calves for fattening by trying to sell their male calves at an age of 2 weeks.

Hence, animal transports emerge from supply and demand, which emerges from the management of the different herd types. Animals intended to leave a herd are preferably distributed to enterprise sites and trade partners. If this is not possible, supplied animals enter an open market, where demanders select supplies based on distance as well as demand and supply batch size. If demand can't be satisfied on the market for a certain time, it is satisfied by imports from outside the modelled region.

## BVD Infection

BVD infection is driven by direct transmission between animals in the same herd, by indirect transmission between nearby herds, as well as animal transports. On farm, transmission of the infection is independently modelled within management groups compared to transmission between groups.

Individual probability to contract infection follows standard epidemiological formalisms, comprising all pathways of the animal's current exposure.

*In utero* emergence of persistently infected (PI) animals is explicitly modelled following infection during gestation. Infectiousness of PI animals is by orders of magnitude greater than of transiently infected animals.

## Details

---

### Globals

This section covers globally accessible data structures that are utilized by submodels to access global parameters and to indirectly communicate with each other. This section is not part of the official ODD structure, but we think it helps to understand global parameters and interactions between submodels

### Biological parameter data

FarmECS/ODD/Data/BiologicalParameterData

Holds parameters of cattle biology, required by multiple submodels. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/data/BiologicalParameterData.scala>)

Parameter	Symbol	Type	Description
gestationLength	$\tau_{gest}$	int	Length of gestation/pregnancy in weeks
lactationLength	$\tau_{lact}$	int	Length of lactation after calving in weeks

## Management parameter data

FarmECS/ODD/Data/ManagementParameterData

Holds management parameters, required by multiple submodels. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/data/ManagementParameterData.scala>)

Parameter	Symbol	Type	Description
maxAgeNewborn	$a_{newb}$	int	Age to move from Cohort Newborn to Calf
maxAgeCalf	$a_{calf}$	int	Age to move from Cohort Calf to Heifer or Grasser
maxAgeGrasser	$a_{gras}$	int	Age to move from Cohort Grasser to Fattener
maxAgeFattener	$a_{fatt}$	int	Maximum age for Cohort Fattener
minAgeBreeding	$a_{breed}$	int	Minimum age of heifers for first breeding

## Initialization

### Herds and animals

FarmECS/ODD/Initialization/TableXmlFarmInitialization

Initialization of herds and animals. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/operators/initialization/TableXmlFarmInitialization.scala>)

Parameter	Symbol	Type	Description
herdXmlFile	-	String	Path to xml file with serialized herd populations
herdTableFile	-	String	Path to herd table
columns...	-	String	Column names of the herd table file, for ID, Type, Size, ...
poolsIndoor	$P_i(ij)$	List[Matrix[boolean]]	Per herd type pooling/contact matrix indoor
poolsOutdoor	$P_o(ij)$	List[Matrix[boolean]]	Per herd type pooling/contact matrix outdoor

Herds are initialized from a table with herd position, type, target size/breeders, enterprise herds, breeding and outdoor season (`herdTableFile`). The herd table is derived from HIT data during preprocessing. For details, see FarmECS/HIT Data Processing. Pooling/contact matrices are defined by herd type as parameter of the submodel.

Individual herds' populations are initialized with animals randomly drawn from herd populations serialized from preliminary simulations (`herdXmlFile`). This ensures a proper initial population structure and valid animal components and state variable values.

### Neighborhood

FarmECS/ODD/Initialization/NeighborhoodInitializer

Initialization of herd neighborhood connections. Operates on all herds with component `HerdBvdNeighbors`.

Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/operators/initialization/NeighborhoodInitializer.scala>)

Parameter	Symbol	Type	Description
maxRadius	$r_{neigh}$	float	Neighborhood radius
includeEnterpriseSites	-	boolean	Should enterprise sites be connected as (disease transmission) neighbors independent of distance? Allows for implicit representation of movement of personnel, vehicles and other fomites between enterprise sites

For each herd  $i$ , add all herds  $j$  to its neighbors list `HerdBvdNeighbors.neighbors` for which distance

$$d_{ij} \leq r_{neigh}$$

Additionally, if `includeEnterpriseSites` is `true`, add all enterprise sites of herd  $i$  that are not already contained in `HerdBvdNeighbors.neighbors`.

## Trade partners

FarmECS/ODD/Initialization/TradePartnersInitializer

Initialization of herds' permanent trade partners. Operates on all herd. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/operators/initialization/NeighborhoodInitializer.scala>)

Parameter	Symbol	Type	Description
partnersTable	-	String	Path to trade partners table file
columns...	-	String	Column names for ID and partners columns

Attaches a `HerdTradePartners` component to each herd. The component's `inPartners` and `outPartners` lists are initialized from a table generated by optimization of the trade network using a Genetic Algorithm during preprocessing. For details, see `FarmECS/Development/Trade network optimization`. Alternatively, trade partner tables may be derived by other means, e.g. directly from HIT data.

Trade partner tables have the following format: Each row represents the target (out) trade partners of one herd. One column contains the herd ID, while a second column contains a space-separated list of target trade partners. Enterprise sites should not be included in the list of trade partners.

## BVD surveillance

FarmECS/ODD/Initialization/BvdTestingInitializer

Assigns initial BVD testing schemes to herds. Operates on all herds with component `HerdBvdStatus`. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/operators/initialization/BvdTestingInitializer.scala>)

Parameter	Symbol	Type	Description
taggingTypes	-	List[HerdType]	Herd types to schedule for tagging
seroTypes	-	List[HerdType]	Herd types to schedule for blood serology testing
tankMilkTypes	-	List[HerdType]	Herd types to schedule for bulk tank milk testing

To each herd, a test schedule component is attached if it's herd type is contained in one of the parameter lists `taggingTypes`, `seroTypes` or `tankMilkTypes`.

To herds with type in `taggingTypes`, a `HerdBvdTagSchedule` component is attached. Herds with type in `seroTypes` get a `HerdBvdSeroSchedule` component, and herds with type in `tankMilkTypes` get a

HerdBvdTankMilkSchedule.

The attached schedule component determines which testing submodel the herd is assigned to. Parameters of the schedule are determined in testing submodels.

## Input data

The model uses no input data except for initialization

## Submodels

Submodels are presented in their order of execution.

Due to the application of an ECS, submodels only work on *Entities* with certain *Components*. Respective constraints are listed in each submodel.

## Replacement

### Replacement estimate

FarmECS/ODD/Replacement/PrototypeReplacementEstimator

Estimates probability of selling or keeping pregnant heifers, for reproducing herds. Operates on all herds with HerdManagement component. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/operators/replacement/PrototypeReplacementEstimator.scala>)

Parameter	Symbol	Type	Description
estimationInterval	$\tau_{est}$	int	Time interval between replacement estimates, in weeks

At startup, each herd is assigned a random time offset of estimation in state variable

`HerdManagement.replacementEstTick` ( $O_{est}$ ):

$$O_{est} = \lfloor U([0, \tau_{est}]) \rfloor$$

At every model step, replacement estimation is performed for all herds with

$$t \bmod \tau_{est} == O_{est}$$

For each herd to estimate in a step, the probability to keep pregnant heifers  $p_{keep}$  is estimated based on herd type, target breeders  $n_{targ}$  and number of cows  $n_{cow}$  and bred heifers  $n_{hb}$ .

**Rearing herds (R, R1, R2):**

$$p_{keep} = 0.0$$

**All other herds:**

The number of required reproducing animals is

$$n_{req} = n_{targ} - n_{cow}$$

The probability to keep heifers is

$$p_{keep} = \begin{cases} 1, & \text{if } n_{hb} == 0 \\ n_{req}/n_{hb}, & \text{otherwise} \end{cases} \Big|_{[0,1]}$$

The result is written to the herd's `HerdManagement.probKeepHeifers` state variable.

## Replacement decision

### FarmECS/ODD/Replacement/PrototypeReplacementDecision

Decides for individual bred heifers to keep or sell them, based on the replacement estimate. Operates on all animals with IsPregnant component. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/operators/replacement/PrototypeReplacementDecision.scala>)

Parameter	Symbol	Type	Description
ticksBeforeCalving	$\tau_{est}$	int	How many weeks before calving to make the decision
sellTicksBeforeCalving	$\tau_{sell}$	int	How many weeks before calving to sell

Decides to keep or sell, for each pregnant animal in Cohort `HeiferBred`, that is  $\tau_{est}$  weeks before calving:

$$t == t_{conc} + \tau_{gest} - \tau_{est}$$

where  $t$  is the current model step,  $t_{conc}$  is the date of conception and  $\tau_{gest}$  is the gestation length.

Each animal to decide for is stochastically kept with the herd's probability  $p_{keep}$

(`HerdManagement.probKeepHeifers`). If an animal is to be sold, a `ScheduledForSale` component is attached, with the intended date of sale  $t_{sell}$  (`ScheduledForSale.tickOfSale`) determined as

$$t_{sell} = t_{conc} + \tau_{gest} - \tau_{sell}$$

## Grouping

### FarmECS/ODD/Grouping/DefaultSTGrouping

Performs Cohort transitions and most sale decisions for management as observed in Saxony-Anhalt. Operates on all herds with `HerdBase` and `HerdManagement` component. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/operators/grouping/DefaultSTGrouping.scala>)

Parameter	Symbol	Type	Description
ageSellMaleCalfDairy	$a_{sell}^{(D,M)}$	int	Age to sell male dairy calves
probSellFemaleCalfD	$p_{sell}^{(D,F)}$	float	Probability to sell female calves from D herds
ageSellFemaleCalfD	$\tilde{a}_{sell}^{(D,F)}$	Distribution	Age distribution to sell female dairy calves from D herds
ageSellFemaleCalfDnR	$\tilde{a}_{sell}^{(DnR,F)}$	Distribution	Age distribution to sell female dairy calves from DnR herds
sellHeifersBeforeBreeding	$\tau_{sell}^{(R1,H)}$	int	Weeks before <code>minAgeBreeding</code> $a_{breed}$ to sell dairy Heifers from R1 herds
probSellFemaleCalfB	$p_{sell}^{(B,F)}$	float	Probability to sell female calves from B herds
ageSellCalfB	$\tilde{a}_{sell}^{(B)}$	Distribution	Age distribution to sell calves from B herds
probSellFemaleCalfBnF	$p_{sell}^{(BnF,F)}$	float	Probability to sell female calves from BnF herds
ageSellCalfBnF	$\tilde{a}_{sell}^{(BnF)}$	Distribution	Age distribution to sell calves from BnF herds

In each model step, the submodel iterates over all herds. For each herd, it iterates over all animals in the herd. For each animal, performed decisions primarily depend on the herd's `HerdType` and the animal's Cohort  $c$  and age  $a$ . The animal's Cohort at the beginning of the model step is used in the following decisions. After a transition from e.g. `Newborn` to `Calf`, the section for `Calf` is not evaluated in the same step!

## Newborn:

Animals of Cohort *Newborn* are converted to Cohort *Calf* when reaching an age of `ManagementParameterData.maxAgeNewborn`. At the same model step, the following decisions are made:

- 1a) Dairy herd (D, DnR)
  - 2a) Male or mixed breed
    - → Schedule for sale at age  $a_{sell}^{(D,M)}$  (attach `ScheduledForSale`, set `ScheduledForSale.tickOfSale` to  $t_{sell} = t + a_{sell}^{(D,M)} - a$ ).
  - 2b) Female and not mixed breed
    - 3a) DnR herd
      - → Schedule for sale at an age drawn from the distribution  $\tilde{a}_{sell}^{(DnR,F)}$ .
    - 3b) D herd
      - → Schedule for sale with probability  $p_{sell}^{(D,F)}$ , at an age drawn from the distribution  $\tilde{a}_{sell}^{(D,F)}$ .
- 1b) Beef herd (B, DnF)
  - 4a) Male
    - → Schedule for sale at an age drawn from the distribution  $\tilde{a}_{sell}^{(B,F)}$  or  $\tilde{a}_{sell}^{(BnF,F)}$  (depending on herd type).
  - 4b) Female
    - → Schedule for sale with probability  $p_{sell}^{(B,F)}$  or  $p_{sell}^{(BnF,F)}$ , at an age drawn from the distribution  $\tilde{a}_{sell}^{(B,F)}$  or  $\tilde{a}_{sell}^{(BnF,F)}$  (depending on herd type).

## Calf

When an animal of Cohort *Calf* reaches an age of `ManagementParameterData.maxAgeCalf`, the following decisions are made:

- 1a) Dairy or rearing herd (D, DnR, R, R1, R2)
  - 2a) Male or mixed breed
    - → Convert to Cohort *Grasser* (should not happen, as males are normally sold earlier).
  - 2b) Female and not mixed breed
    - → Convert to Cohort *Heifer*. Attach `AwaitsBreeding` component.
- 1b) Beef herd (B, BnF)
  - 3a) Male or scheduled for sale
    - → Convert to Cohort *Grasser*.
  - 3b) Female and not scheduled for sale
    - → Convert to Cohort *Heifer*. Attach `AwaitsBreeding` component.
- 1c) Fattening herd (F)
  - → Convert to Cohort *Grasser*.

## Heifer

If in a fattening herd (F), the animal is converted to Cohort *Grasser*.

If in a first-stage rearing herd (R1), and the animal reaches age  $a_{breed} - \tau_{sell}^{(R1,H)}$ , it is scheduled for sale in the next step.

## Grasser

If in a beef or fattening herd (B, BnF, F) and the animal reaches `ManagementParameterData.maxAgeGrasser`, it is converted to Cohort Fattener. The animal's state variable `AnimalBase.dateOfDeath` is reset to `Int.MinValue` to force recalculation of mortality.

## Fattener

If in a beef or fattening herd (B, BnF, F) and the animal reaches `ManagementParameterData.maxAgeFattener`, it is removed from the simulation (slaughtered).

## Cow, HeiferBred, Bull

No action is taken by the submodel for these Cohorts.

## Breeding

### FarmECS/ODD/Breeding/TimeDistributionBreeding

Breeding with conception time point from distribution. Operates on animals with `AwaitsBreeding` component.

Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/operators/breeding/TimeDistributionBreeding.scala>)

Parameter	Symbol	Type	Description
<code>probFertilityDairy</code>	$f_D$	float	Fertility of animals in dairy herds (D, DnR, R, R2)
<code>waitingTimeBreedingDairy</code>	$\tau_{wait}^{(D)}$	float	Waiting time between calving and first breeding trial in dairy herds (D, DnR, R, R2)
<code>distributionDairy</code>	$cd_D$	List[float]	Distribution of conception time after waiting time in dairy herds (D, DnR, R, R2)
<code>probFertilityBeef</code>	$f_B$	float	Fertility of animals in beef herds (B, BnF)
<code>waitingTimeBreedingBeef</code>	$\tau_{wait}^{(B)}$	float	Waiting time between calving and first breeding trial in beef herds (B, BnF)
<code>distributionBeef</code>	$cd_B$	List[float]	Distribution of conception time after waiting time in beef herds (B, BnF)
<code>distributionBinSize</code>	$\tau_{bin}$	int	Bin size of distributions in weeks
<code>probDairyBeefBreeding</code>	$p_{mixed}$	float	Probability of breeding with beef breed semen in dairy herds (D, DnR)
<code>probFemale</code>	$p_{female}$	float	Sex ration: share of female calves

For all animals eligible for breeding, breeding success and the future time point of conception are determined, and written to state variables `AwaitsBreeding.inseminationSuccess` and `AwaitsBreeding.inseminationTick`.

Eligible are all animals with component `AwaitsBreeding`, in herds that are currently in their breeding season (or have no breeding season), with breeding success not yet determined (`AwaitsBreeding.inseminationTick` equals `Int.MinValue`), and with their last calving at least waiting time  $w_D$  or  $w_B$  (depending on herd type) ago, or with no calvings so far:

$$t \geq t_{conc} + \tau_{gest} + \tau_{wait}^{(?)}$$

where  $t$  is the model step,  $t_{conc}$  is the date of last conception,  $\tau_{gest}$  is gestation length and  $\tau_{wait}^{(?)}$  is the herd type dependent waiting time ( $w_D$  or  $w_B$ ). Heifers are eligible for breeding only if their age is at least `minAgeBreeding`.

For an eligible animal, it is first decided stochastically if breeding will be successful, according to herd type

dependent probability  $f_D$  or  $f_B$ .

If breeding is not successful, `AwaitsBreeding.inseminationSuccess` is set to `false` and `AwaitsBreeding.inseminationTick` is set to the pseudo value

$$t_{conc} = t + \tau_{bins} * len(cd?),$$

i.e. to one model step after the last possible date of insemination.

If breeding is successful, `AwaitsBreeding.inseminationSuccess` is set to `true` and the future time point of conception/successful insemination `AwaitsBreeding.inseminationTick` is drawn from the herd type dependent distribution  $cd_D$  or  $cd_B$ :

$$t_{conc} = t + bin \cdot \tau_{bins} + \lfloor U([0, \tau_{bin}]) \rfloor$$

where  $bin$  is an index of the distribution  $cd?$ , drawn with probabilities proportional to the values in the distribution list.

Animals with breeding success are converted to pregnant when the model step equals their insemination tick:  $t == t_{conc}$ . Component `AwaitsBreeding` is detached, `IsPregnant` is attached. Date of conception of `IsPregnant` is transferred from `AwaitsBreeding.inseminationTick`. Sex of the fetus is determined stochastically according  $p_{female}$ . Breed of the fetus is taken from the dam's breed, except for dairy herds (D, DnR), where the fetus' breed is set to `Mixed` with probability  $p_{mixed}$ .

If the animal is in `Cohort Heifer`, it's `Cohort` is changed to `HeiferBred`.

Animals without breeding success are converted to `Cohort Fattener` when the model step equals their (pseudo) insemination tick. Further, component `AwaitsBreeding` is detached.

## Abortion

### FarmECS/ODD/Abortion/PredeterminedAbortion

Background abortion, with date of abortion determined in advance. Operates on animals with component `IsPregnant` component. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/operators/abortion/PredeterminedAbortion.scala>)

Parameter	Symbol	Type	Description
<code>abortionProb</code>	$p_{abort}$	float	Probability of abortion

The future time point of abortion (`IsPregnant.dateOfAbortion`) is determined for each animal after successful breeding (component `IsPregnant` just attached). Abortion occurs with probability  $p_{abort}$ . In case of abortion, the time point is drawn uniformly distributed over the gestation length:

$$t_{abort} = t_{conc} + U([0, \tau_{gest}])$$

where  $t_{conc}$  is the date of conception and  $\tau_{gest}$  is the gestation length.

When the date of abortion  $t_{abort}$  (`IsPregnant.dateOfAbortion`) equals the current model tick, the `IsPregnant` component is removed from the entity, and an `AwaitsBreeding` component is attached, with `AwaitsBreeding.dateOfLastConception = Int.MinValue` (i.e. far in the past, or no conception yet).

This submodel covers **only disease-free background abortion!** Abortion due to BVD infection is handled in the infection submodel.

## Rationale

Pre-calculation of abortion date is done for performance. The alternative way of stochastic evaluation of abortion per model step would require the generation of large amount of random numbers, which is computationally expensive.

## Calving

FarmECS/ODD/Calving/PrototypeBvdCalving

Calving with BVD. Operates on animals with `IsPregnant` and `AnimalBvdEpiStat` component. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/operators/calving/PrototypeBvdCalving.scala>)

Produces a calf, detaches `IsPregnant` and attaches `AwaitsBreeding` when model step

$$t == t_{conc} + \tau_{gest}$$

where  $t_{conc}$  is the data of conception (`IsPregnant.dateOfConception`) and  $\tau_{gest}$  is the gestation length.

Sex and breed of the calf are taken from `IsPregnant.sex` and `IsPregnant.breed` (set at successful breeding by the breeding submodel). `AnimalBase.dateOfBirth` is set to the current model tick. `AnimalGroup.herd` is set to the dam's herd, and the calf is added to the herds list of animals (`HerdBase.animals`).

The BVD status of the calf depends on the BVD status of the fetus (`AnimalBvdEpiStat.fetusEpiStat`, set by the infection submodel) and the dam's BVD status (`AnimalBvdEpiStat.epiStat`):

- If dam `epiStat` is `PI`: calf is `PI`
- Else, if `fetusEpiStat` is `PI`: calf is `PI`
- Else, if `fetusEpiStat` is `Recovered`: calf is `Recovered`
- Else, if `fetusEpiStat` is `Susceptible`:
  - If dam `epiStat` is `Recovered` or `Vaccinated`: calf has maternal antibodies
  - Else: calf is `Susceptible`

Component `IsPregnant` is detached from the dam, and a new `AwaitsBreeding` component is attached.

`AwaitsBreeding.dateOfLastConception` is transferred from `IsPregnant.dateOfConception`.

If the dam is in `Cohort HeiferBred`, it's `Cohort` is changed to `Cow`.

## Transports

Animal transports emerge from supply and demand, which emerges from the management of the different herd types. Animals intended to leave a herd are preferably distributed to enterprise sites and trade partners. If this is not possible, supplied animals enter an open market, where demanders select supplies based on distance as well as demand and supply batch size. If demand can't be satisfied on the market for a certain time, it is satisfied by imports from outside the modelled region.

Considering a single animal, the process of trade consists of multiple stages. First, a `ScheduledForSale` component with intended date of sale is attached by a management submodel. When the date of sale is approached, the animal is either moved to an enterprise sites or trade partner, or the `ScheduledForSale` is

replaced by an IsForSale component (in submodel Supply), making the animal enter the open market. If not sold on the market (submodel Trade) for a certain time, the animal is removed. The animal does not leave its herd of origin until it is actually moved.

## Demand

FarmECS/ODD/Demand/PrototypeDemandManager

Estimates herds' demand by trade cohort and registers it to the market. Operates on herds with HerdManagement component. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/operators/transport/PrototypeDemandManager.scala>)

Parameter	Symbol	Type	Description
estimationInterval	$\tau_{est}$	int	Per herd demand estimation interval in weeks
targetTolerance	$\delta_{targ}$	float	Relative demand threshold, required to enter the open market

At startup, each herd is assigned a random time offset of estimation in state variable `HerdManagement.demandEstTick` ( $o_{est}$ ):

$$o_{est} = \lfloor U([0, \tau_{est}]) \rfloor$$

At every model step, demand estimation is performed for all herds with

$$t \bmod \tau_{est} == o_{est}$$

For each herd to estimate in a step, the absolute demand  $D(c_{trade})$  for trade cohort  $c_{trade}$  is estimated based on herd type, target size or target breeders  $n_{targ}$  and total number of animals  $n_{tot}$ , or number of cows  $n_{cow}$  and bred heifers  $n_{hb}$ .

**Reproducing herds** (with calvings: D, DnR, B, BnF):

$$D(c_{trade}) = n_{targ} - (n_{cow} + n_{hb})$$

$$c_{trade} = \begin{cases} \text{PregnantHeiferDairy}, & \text{if HerdType} \in \{D, DnR\} \\ \text{PregnantHeiferBeef}, & \text{if HerdType} \in \{B, BnF\} \end{cases}$$

$n_{targ}$  = target number of breeders (reproducing animals)

**Non-reproducing herds** (without calvings: R, R1, R2, F):

$$D(c_{trade}) = n_{targ} - n_{tot}$$

$$c_{trade} = \begin{cases} \text{CalfForFattening}, & \text{if HerdType} == F \\ \text{YoungFemaleDairy}, & \text{if HerdType} == R2 \\ \text{CalfFemaleDairy}, & \text{if HerdType} \in \{R, R1\} \end{cases}$$

$n_{targ}$  = target number of animal

The relative demand of the herd is calculated according

$$d(c_{trade}) = D(c_{trade})/n_{targ}$$

The herd's state variable `HerdBase.tradeDemand[c]` is set to  $d(c_{trade})$ .

If  $d(c_{trade}) \geq \delta_{targ}$ , the absolute demand  $D(c_{trade})$  is registered to `TransportManagementData`. Otherwise, a

demand of 0 is registered, which results in removal of the herd's demand entry for trade cohort *C<sub>trade</sub>* from TransportManagementData.

## Rationale

The tolerance parameter targets at fewer movements, but larger batches of animals, resulting in fewer trade partners per herd.

## Supply

FarmECS/ODD/Supply/BvdFilterTransportSales

Manages supply registered by herds through other submodels. Distributes supply to enterprise sites, trade partners and the open market. Operates on animals with ScheduledForSale component. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/operators/sales/BvdFilterTransportSales.scala>)

Parameter	Symbol	Type	Description
maxRelOverloadReturn	$l_{ret}$	float	Maximum overload (negative demand) allowed to push animals back from rearing herds to their source herds
maxRelOverloadEnterprise	$l_{ent}$	float	Maximum overload (negative demand) allowed to push animals to enterprise sites or trade partners
filterPiDetection	-	boolean	Filter out PI animals in herds with detection / positive test?
filterPi	-	boolean	Filter out PI animals?
filterTi	-	boolean	Filter out TI animals?
filterTrojan	-	boolean	Filter out trojans (in utero PIs)?

Supply is generated by other submodels, primarily grouping. Animals are marked there as scheduled for sale in the future with component ScheduledForSale. Animals stay in their herd until they are actually moved.

For each animal scheduled for sale, the submodel performs the following actions when ScheduledForSale.tickOfSale is reached ( $t == t_{sell}$ ):

Firth, the ScheduledForSale component is detached from the animal, but kept for reference.

## BVD filtering

The animal is removed from the simulation if

- it is a PI and filterPi is true, or
- if it is a TI and filterTi is true, or
- if it is a trojan and filterTrojan is true, or
- it is a PI, filterPiDetection is true, and the herd has detections (has component HerdBvdTagSchedule and HerdBvdTagSchedule.hasDetection() is true).

If the animal is removed, the submodel continues with the next animal, otherwise it proceeds:

## Trade cohort

The TradeCohort *C<sub>trade</sub>* of the animal is determined, based on the HerdType of the source herd and animal state variables:

If the source herd is of type R1,  $C_{trade}$  is `CalfForFattening` if the animal is a male or of mixed breed, and `YoungFemaleDairy` otherwise.

If the source herd is of another rearing type or a dairy herd (D, DnR, R, R2),  $C_{trade}$  is `CalfForFattening` if the animal is a male or of mixed breed. Otherwise, if the animal is pregnant (has component `IsPregnant`),  $C_{trade}$  is `PregnantHeiferDairy`. Otherwise, if the animal is in Cohort `Calf`,  $C_{trade}$  is `CalfFemaleDairy`. Otherwise,  $C_{trade}$  is `YoungFemaleDairy`.

If the source herd is a beef herd (B, BnF),  $C_{trade}$  is `PregnantHeiferBeef` if the animal is a female and pregnant (has component `IsPregnant`). Otherwise,  $C_{trade}$  is `CalfForFattening`.

## Return moves

If the animal has an `AnimalTradeSource` component, and the herd's type is R or R2, the submodel tries to push the animal to the herd referenced by `AnimalTradeSource.sourceHerd` (the animal's birth herd). The push is possible if the target herd's demand for trade cohort  $C_{trade}$  (`HerdBase.tradeDemand[c]`) does not exceed  $-\text{maxRelOverloadReturn}$ :  $d(C_{trade}) > -l_{ret}$ .

If pushing is possible, the animal is moved to the target herd (i.e. its birth herd), and the component `AnimalTradeSource` is detached from the animal. The target herd's absolute demand for  $C_{trade}$  in `TransportManagementData` is decreased by one. The submodel continues with the next animal. If pushing is not possible, the submodel proceeds:

## Enterprise moves

Equivalent to return moves, it is checked whether the animal can be pushed to the herd's enterprise site with the highest demand for trade cohort  $C_{trade}$  (if any), using threshold `maxRelOverloadEnterprise` ( $l_{ent}$ ).

If pushing is possible, the animal is moved to the target herd (enterprise site), and the component `AnimalTradeSource` is detached from the animal if it has one. The target herd's absolute demand for  $C_{trade}$  in `TransportManagementData` is decreased by one. The submodel continues with the next animal. If pushing is not possible, the submodel proceeds:

## Trade partner moves

Equivalent to enterprise moves, it is checked whether the animal can be pushed to the herd's trade partner with the highest demand for trade cohort  $C_{trade}$  (if any), using threshold `maxRelOverloadEnterprise` ( $l_{ent}$ ) again.

If pushing is possible, the animal is moved to the target herd (trade partner), and the component `AnimalTradeSource` is detached from the animal if it has one. The target herd's absolute demand for  $C_{trade}$  in `TransportManagementData` is decreased by one. The submodel continues with the next animal. If pushing is not possible, the submodel proceeds:

## Market

If  $C_{trade}$  is `CalfFemaleDairy` and the animal comes from a dairy herd (D, DnR), an `AnimalTradeSource` component is attached to the animal, with `sourceHerd` set to the animal's source herd.

An `IsForSale` component is attached to the animal, marking it as available for the open market. State variables of the `IsForSale` component are set: `IsForSale.tickOfIntendedSale = ScheduledForSale.tickOfSale`, `IsForSale.tradeCohort =  $C_{trade}$` , `IsForSale.herd = AnimalGroup.herd`

The open market is managed by the transports submodel.

## Rationale

Trade partners and overload parameters serve to reduce the number of total trade partners per herd. Without these features, herds in the model have far too many, frequently changing, trade partners.

## Trade

### FarmECS/ODD/Transport/TurnamentImportTransportManager

Estimates herds' demand by trade cohort and registers it to the market. Operates on no entities, but heavily uses TransportManagementData. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/operators/transport/TurnamentImportTransportManager.scala>)

Parameter	Symbol	Type	Description
waitingTimeSupply	$\tau_{supp}$	int	Waiting time of supply batches before eligible for trade, in weeks. To increase batch size.
waitingTimeDemand	$\tau_{dem}$	int	Waiting time of demand batches before eligible for trade, in weeks. To increase batch size.
maxAgeSupply	$a_{supp}$	int	Maximum individual waiting time on market, incl. waitingTimeSupply, in weeks
demandOrdering	-	enum: Random, Size, Age	Ordering of demand batches in selection process
numCandidates	$n_{cand}$	int	Maximum number of supply batch candidates to rate per demand batch
maxCandidates	$n_{cand}^{(max)}$	int	Maximum number of supply batches to consider for inclusion in candidates
candidateFitExponent	$e_{x_{cand}}$	float	Exponent to apply to batch size fit during candidate collection
distanceWeight	$w_{dist}$	float	Weight of distance in candidate rating
batchSizeWeight	$w_{batch}$	float	Weight of batch size fit in candidate rating
herdSizeTolerance	$\delta_{hs}$	float	Maximum herd size overload when moving large supply batches
importTimeThreshold	$\tau_{import}$	float	Maximum time demand batches wait before serving by imports, in weeks
importDemandThreshold	$h_{import}$	float	Maximum relative demand of batches before serving by imports
minNumClones	$n_{clone}^{(min)}$	int	Minimum number of animals required for cloning for imports
maxNumClones	$n_{clone}^{(max)}$	int	Maximum number of animals required for cloning for imports

The submodel manages the open market to balances supply and demand that was not previously solved, e.g. by enterprise or trade partner transports.

First, demand that was not satisfied for a certain time or exceeds a certain threshold is served by imports. Next, demanders rate and select from some supply batch candidates based on distance and batch size fit. Finally, individual animals in supply batches are removed from the simulation if they were waiting in the batch for a certain time (exports).

Terminology: A *supply batch* is the set of all animals that come from the same herd, and that are of the same TradeCohort. A *demand batch* is the total demand of a herd for a TradeCohort. Each batch has a time stamp denoting the model tick of its first registration to TransportManagementData, serving to calculate waiting time. For demand batches, a new time stamp is only assigned if demand was completely satisfied and the herd re-

enters trade. For supply batches, the time stamp is updated every step to reflect the market entrance time of the longest-waiting animal.

TransportManagementData holds and manages supply and demand batch lists for each TradeCohort. See there for details.

The following procedure is repeated for each TradeCohort. The description confines itself to a single TradeCohort.

Before any action, supply and demand batches are filtered for waiting time. Only batches waiting at least  $\tau_{supp}$  or  $\tau_{dem}$  weeks, respectively, are eligible for trade. Supply batches are shuffled. Hereafter, the terms *supply batches* and *demand batches* refer to the filtered (and shuffled) lists.

## Imports

First, a list is filled with references to animals from supply batches until at least `maxNumClones` animals are in the list, or no more supply animals are available. These animals serve as templates for cloning, in order to generate imports.

If less than `minNumClones` animals are available, no import is possible for the TradeCohort in this step. Otherwise, imports are performed.

For each demand batch with a waiting time of at least  $\tau_{import}$ , or with a relative demand  $d(c_{trade})$  of at least  $h_{import}$ , animals are cloned from randomly selected template animals to satisfy the absolute demand  $D(c_{trade})$ . Components `IsForSale` and `AnimalTradeSource` are detached from each cloned animal (the latter only if available), and each animal's herd is set to `null`. If the animal has component `AnimalBvdEpiStat`, infection status of the animal and the fetus (if any) are set to `Susceptible`, and the date of last change is set to `Int.MinValue`. All cloned animals are added to the demanding herd, and a demand of 0 is registered to TransportManagementData, which results in removal of the herd's demand entry for trade cohort  $c_{trade}$ .

## Farm-to-farm trade

In farm-to-farm trade, demand batches are processed in the order specified by `demandOrdering`: randomly (`Random`), by decreasing batch size (`Size`), or by decreasing waiting time (`Age`).

Sequentially, for each demand batch, the following selection procedure is executed:

First, supply candidates are collected. Randomly drawing from all supply batches (without returning), each drawn batch is checked to be included based on demand and supply batch size. A particular batch is included with probability

$$p_{incl} = \left(1 - \frac{|S - D|}{\max(S, D)}\right)^{ex_{cand}}$$

where  $S$  is supply and  $D$  is demand.

Random drawing and checking of supply batches is continued until either  $n_{cand}$  candidates were collected, until  $n_{cand}^{(max)}$  batches were checked, or until no supply batches to draw are available anymore.

Second, if any candidates were collected, one of them is selected for trade. Candidates are ranked (not ordered!) by decreasing batch size fit  $R_{batch}$  and increasing distance  $R_{dist}$ , where batch size fit is

$$f_{batch} = \begin{cases} 1, & \text{if } S \geq D \\ 1 - \frac{|S-D|}{\max(S,D)}, & \text{otherwise} \end{cases}$$

Standard competition ranking ("1224" ranking, actually "0113" ranking) is used. As an example, distances [1, 5, 2, 2] would be ranked [0, 3, 1, 1].

A weighted rank sum is formed according

$$R_{sum} = w_{batch} \cdot R_{batch} + w_{dist} \cdot R_{dist}$$

and the best-ranked supply candidate (lowest  $R_{sum}$ ) is selected for trade (if multiple best-ranked candidates exist, the first is selected; note: candidates are already in random order).

The number of animals transported from supplier to demander is

$$n_{trade} = \min(S, D + s_d * \delta_{hs})$$

where  $s_d$  is the target size (or target breeder count) of the demanding herd.  $n_{trade}$  animals are removed from the supply batch as well as the supplying herd, and are added to the demanding herd. For each animal, the herd is changed to the demanding herd, and component IsForSale is detached.

Finally, demand decreased by  $n_{trade}$  is registered to TransportManagementData, resulting in removal of the herd's demand entry if the resulting demand is zero or negative.

### Clear old supply / exports

For all supply batches, all animals are removed from the batch as well as the simulation if their waiting time exceeds  $a_{supp}$  (based on animal's FarmECS/ODD/Components/IsForSale.tickOfIntendedSale). Supply batch time stamps (for waiting time) are updated accordingly.

### Rationale

Imports, waiting times and batch size evaluation (candidate filtering, selection) target at fewer movements, but larger batches of animals, resulting in fewer trade partners per herd.

### Infection

#### FarmECS/ODD/Infection/BvdPoolsInfection

BVD infection with differentiated betas within and between pools and between herds. In utero PI generation. Operates on **herds** with components HerdBvdStatus, HerdPooling and HerdBvdNeighbors. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/operators/infection/BvdPoolsInfection.scala>)

Parameter	Symbol	Type	Description
betaTiWithin	$\beta_{ti}^{(i)}$	float	Beta for TIs within pools
betaPiWithin	$\beta_{pi}^{(i)}$	float	Beta for PIs within pools
betaPiBetweenPools	$\beta_{pi}^{(p)}$	float	Beta for PIs between pools
betaPiBetweenHerds	$\beta_{pi}^{(h)}$	float	Beta for PIs between herds (neighborhood infection)
endEarlyPregnancy	$\tau_{early}$	int	End of early pregnancy in weeks after conception
endMidPregnancy	$\tau_{mid}$	int	End of mid pregnancy in weeks after conception
abortEarly	$a_{early}$	float	Probability of abortion due to BVD infection during early pregnancy
abortMid	$a_{mid}$	float	Probability of abortion due to BVD infection during mid pregnancy
abortLate	$a_{late}$	float	Probability of abortion due to BVD infection during late pregnancy
piEarly	$pi_{early}$	float	Probability of PI calf due to BVD infection during early pregnancy (conditional on no abortion)
piMid	$pi_{mid}$	float	Probability of PI calf due to BVD infection during mid pregnancy (conditional on no abortion)
piLate	$pi_{late}$	float	Probability of PI calf due to BVD infection during late pregnancy (conditional on no abortion)
immuneEarly	$imm_{early}$	float	Probability of immune calf due to BVD infection during early pregnancy (conditional on no abortion, remainder immune + pi: susceptible calf)
immuneMid	$imm_{mid}$	float	Probability of PI immune due to BVD infection during mid pregnancy (conditional on no abortion, remainder immune + pi: susceptible calf)
immuneLate	$imm_{late}$	float	Probability of PI immune due to BVD infection during late pregnancy (conditional on no abortion, remainder immune + pi: susceptible calf)

## Horizontal transmission

First, each herd counts its numbers of PIs and TIs, animals and seropositives, per Cohort and in total, and writes them to the state variables of its HerdBvdStatus component ( $pi[c]$ ,  $ti[c]$ ,  $n[c]$ ,  $countPI$ ,  $countTI$ ,  $countTotal$ ,  $countSero$ ). These are in the next stage used to calculate infection probabilities (except  $countSero$ ).

Second, each herd stochastically determines individuals to be infected according the following scheme.

The herd sums up the number of PIs and total animal number in it's neighboring herds  $k$  ( $HerdBvdNeighbors.neighbors$ ) for neighborhood infection.

$$pi_{neigh} = \sum_k countPi_k$$

$$n_{neigh} = \sum_k countTotal_k$$

Next, the herd iterates over all possible Cohort-to-Cohort combinations  $ij$  and calculates the individual probability of infection for each cohort  $i$  from animals in cohort  $j$ , depending on the pooling matrix.

$$P_{inf,i} = 1 - \exp \left( - \underbrace{\left( \beta_{pi}^{(i)} \cdot \frac{\sum_j^{j=i \vee p_{ij}} p_{ij}}{\sum_j^{j=i \vee p_{ij}} n_j} + \beta_{ti}^{(i)} \cdot \frac{\sum_j^{j=i \vee p_{ij}} t_{ij}}{\sum_j^{j=i \vee p_{ij}} n_j} \right)}_{\text{within pool + own cohort}} + \underbrace{\beta_{pi}^{(p)} \cdot \frac{\sum_j^{j \neq i \wedge \neg p_{ij}} p_{ij}}{\sum_j^{j \neq i \wedge \neg p_{ij}} n_j}}_{\text{between pools}} + \underbrace{\beta_{pi}^{(h)} \frac{p_{i_{neigh}}}{n_{neigh}}}_{\text{neighborhood}} \right)$$

$p_{ij}, t_{ij}, n_j$  = number of PIs, TIs and total animals in cohort  $j$

$n$  = number animals in herd

$p_{i_{neigh}}$  = number of PIs in neighboring herds

$n_{neigh}$  = number of animals in neighboring herds

$p_{ij}$  = true/false whether cohorts  $i$  and  $j$  are pooled / have direct contact. Taken from herd's

HerdPooling.poolsIndoor or HerdPooling.poolsOutdoor, depending on season (and whether the herd has an outdoor season)

Finally, the herd iterates over all susceptible animals in all cohorts  $i$  where  $P_{inf,i} > 0$ , and infects each individual with probability  $P_{inf,i}$ . Infected individuals are converted to status TransientInfected (TI; by setting state variable AnimalBvdEpiStat.epiStat).

## Vertical transmission

If a pregnant animal (with component IsPregnant) is infected, the infection may affect the fetus. Effect of infection on the fetus depends on the week on pregnancy  $\tau_{preg} = t - t_{conc}$  (time passed since conception).

Pregnancy is divided into three phases: early ( $\tau_{preg} \leq \tau_{early}$ ), mid ( $\tau_{early} < \tau_{preg} \leq \tau_{mid}$ ) and late ( $\tau_{preg} > \tau_{mid}$ )

With probability  $a_{phase}$ , the fetus is aborted. Component IsPregnant is detached from the dam, and component AwaitsBreeding is attached.

If the fetus is not aborted, a uniformly distributed random number  $r = U([0, 1])$  is drawn, and the dam's state variable AnimalBvdEpiStat.fetusEpiStat is set to:

- *PersistentInfected* if  $r < p_{i_{phase}}$  (i.e. with probability  $p_{i_{phase}}$ )
- *Recovered* if  $p_{i_{phase}} \leq r < p_{i_{phase}} + imm_{phase}$  (i.e. with probability  $imm_{phase}$ )
- *Susceptible* if  $r \geq p_{i_{phase}} + imm_{phase}$  (i.e. with probability  $1 - (p_{i_{phase}} + imm_{phase})$ )

AnimalBvdEpiStat.fetusEpiStat is later used by the calving submodel to determine the epidemiologic status of the calf at birth.

## Recovery

FarmECS/ODD/Recovery/PrototypeBvdRecovery

Recovery from BVD infection and loss of maternal antibodies. Operates on animals with component

AnimalBvdEpiStat. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/operators/recovery/PrototypeBvdRecovery.scala>)

Parameter	Symbol	Type	Description
stepsInfected	$\tau_{inf}$	int	Duration of infection in weeks/model steps
durationMAB	$\tau_{MAB}$	int	Duration of presence of maternal antibodies in weeks/model steps

Transiently infected animals (TIs) convert to Recovered  $\tau_{inf}$  steps after infection.

Animals with maternal antibodies convert to Susceptible at age  $\tau_{MAB} + 1$  (in weeks).

## PI mortality

FarmECS/ODD/Mortality/PrototypeBvdPiMortality

PI mortality with fixed, annual mortality probability. Operates on animals with component AnimalBvdEpiStat.

Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/operators/mortality/PrototypeBvdPiMortality.scal>)

Parameter	Symbol	Type	Description
piMortality	$m_{PI}$	float	Annual PI mortality

At every model step, each PI animal is removed from the simulation with probability

$$p_m = 1 - (1 - m_{PI})^{1/52}$$

## Background mortality

FarmECS/ODD/Mortality/AgeDependentMortality

Background mortality, with date of death determined in advance. Independent mortality rates by age. Operates on all animals (with component AnimalBase). Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/base/operators/mortality/AgeDependentMortality.scala>)

Parameter	Symbol	Type	Description
backgroundMortality	$m_{bg}$	float	Annual background mortality
backgroundMortalityNewborn	$m_{nb}$	float	Annual background mortality for cohort Newborn
backgroundMortalityCalf	$m_{ca}$	float	Annual background mortality for cohort Calf
elderlyMortalityDairy	$m_{Do}$	float	Annual background mortality for old animals in D and DnR herds
elderlyThresholdDairy	$h_{Do}$	int	Age threshold for old animals in D and DnR herds in weeks
elderlyMortalityBeef	$m_{Bo}$	float	Annual background mortality for old animals in B and BnF herds
elderlyThresholdBeef	$h_{Bo}$	int	Age threshold for old animals in B and BnF herds in weeks
grasserFattenerMortality	$m_f$	float	Annual background mortality for animals in cohorts Grasser and Fattener

The future time point of death (`AnimalBase.dateOfDeath`) is determined for each animal at birth, and is recalculated when an animal enters the `Fattener` cohort.

Basically, the time point of death of an animal is simply

$$t_{death} = t + 52 \cdot \text{Exp}(m_{bg})$$

where  $m_{bg}$  is the annual background mortality (replace with  $m_f$  at transition to cohort `Fattener`),  $t$  is the current model step, and  $\text{Exp}(m)$  is a random number drawn from an exponential distribution with rate  $\lambda = m$ .

However, to differentiate between age classes, multiple exponential distributions are combined by processing them sequentially.

First,  $t_{death}$  is calculated for newborn mortality  $m_{nb}$ . If the resulting lifespan is below  $a_{newb}$  (`ManagementParameterData.maxAgeNewborn`), the date is accepted. Otherwise,  $t_{death}$  is calculated again, for

calf mortality  $m_{ca}$ , assuming survival of  $a_{newb}$ . If the resulting lifespan is below  $a_{calf}$  (`ManagementParameterData.maxAgeCalf`), the date is accepted. Otherwise, the procedure is repeated with  $m_{bg}$  and age threshold  $h_{Do}$  or  $h_{Bo}$ , and finally with  $m_{old}$  without an age threshold.

The accepted date of death is assigned to the animal's state variable `AnimalBase.dateOfDeath`.

An animal is removed from the simulation when its `AnimalBase.dateOfDeath` equals the current model tick.

## Rationale

Pre-calculation of death date is done for performance. The alternative way of stochastic evaluation of mortality per model step would require the generation of large amount of random numbers, which is computationally expensive.

Increased mortality of older animals reflects culling and slaughter due to decreasing productivity, and allows for the adjustment of replacement rates and herd structure.

Separate mortality rates for fatteners reflect slaughter.

## Emergency vaccination

### FarmECS/ODD/Vaccination/BvdEmergencyVaccination

Emergency vaccination after positive test result. Operates on all herds with component `HerdBvdTagSchedule`.

Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/ba/se/operators/vaccination/BvdEmergencyVaccination.scala>)

Parameter	Symbol	Type	Description
<code>vaccinationCoverage</code>	$p_{vacc}$	float	Vaccination coverage, i.e. individual probability of vaccination
<code>minAge</code>	$a_{vacc}$	int	Minimum age of animals to vaccinate, in weeks.
<code>vaccinateMales</code>	-	boolean	Are males also vaccinated, or only females
<code>vaccinateMABs</code>	-	boolean	Does vaccination also protect animals with maternal antibodies?
<code>countCoverageOnly</code>	-	boolean	If true, only vaccine doses actually immunizing animals are counted (according <code>vaccinationCoverage</code> ) are counted. If false, also doses not resulting in immunity are counted.

In herds with state variable `HerdBvdTagSchedule.tagAll` is `true` (i.e. in a normal use case immediately after the first detection), emergency vaccination is applied.

For each animal in the herd with the following conditions, state variable `AnimalBvdEpiStat.epiStat` is set to `Vaccinated` with individual probability  $p_{vacc}$ :

- The animal is female, or `vaccinateMales` is `true`, and
- The animal's BVD status is `Susceptible`, or `vaccinateMABs` is `true` and the animal's BVD status is `MaternalAntibodies`, and
- The animal's age is at least  $a_{vacc}$

Vaccination doses are counted, depending on `countCoverageOnly`. If `false`, all animals that fulfill the above conditions are counted. If `true`, only animals for which  $p_{vacc}$  is realized are counted.

## BVD testing / surveillance

Testing type for each herd is specified by herd component `HerdBvdTagSchedule`, `HerdBvdSeroSchedule` or `HerdBvdTankMilkSchedule`. Each herd has at most one of these components. Components may change during a simulation, resulting in a change in the herd's testing type. For example, a herd may switch to tagging after serological detection.

## Tagging

### FarmECS/ODD/Testing/FixedAgeTagTesting

Tag testing of animals and PI removal at a fixed age. Operates on all herds with component

`HerdBvdTagSchedule`. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/testing/FixedAgeTagTesting.scala>)

Parameter	Symbol	Type	Description
<code>ageOfPiRemoval</code>	$a_{tag}$	int	Age of testing and immediate removal, in weeks
<code>testMales</code>	-	boolean	Tag also males (or only females?)
<code>eliminatePiMother</code>	-	boolean	Eliminate PI mother in same herd?
<code>tagAllAfterDetection</code>	-	boolean	Tag all animals after detection / switch to tagging?
<code>startTick</code>	$t_{tag}$	int	Date / model tick of start of tagging
<code>probBeforeDetection</code>	$p_{tag}^{(pre)}$	float	Individual tagging probability before first detection
<code>probAfterDetection</code>	$p_{tag}^{(post)}$	float	Individual tagging probability after first detection
<code>countAfterDetection</code>	$\tau_{count}$	int	After detection, count tags only for the given number of weeks. Tags before detection are always counted. Use a negative value for infinite counting.

If the current model step is at least `startTick`, the following procedure is executed every step, for all herds with `HerdBvdTagSchedule`.

Each animal meeting the following conditions is tagged with probability  $p_{tag}^{(pre)}$  or  $p_{tag}^{(post)}$ , and immediately removed from the simulation if it is PI:

- the animal is exactly  $a_{tag}$  weeks old, and `testMales` is `true` or the animal is female,

or

- with 100% probability if the animal is older than  $a_{tag}$  weeks, the herd's state variable

`HerdBvdTagSchedule.tagAll` is `true` and `tagAllAfterDetection` is `true`, (i.e. in a normal use case immediately after the first detection).

Tagged animals are counted if `countAfterDetection` < 0, or if the herd has no BVD detection so far (`HerdBvdTagSchedule.lastDetection == Int.MinValue`), or if the last detection is no more than  $\tau_{count}$  (`countAfterDetection`) weeks ago, or if the test is positive.

If `eliminatePiMother` is `true`, each detected PI animal's dam is removed if it also is a PI and in the same herd.

If a PI is found in the herd, and it is the initial detection (`HerdBvdTagSchedule.lastDetection` is not set / equals `Int.MinValue`), `HerdBvdTagSchedule.lastDetection` is set to the current model tick. If `tagAllAfterDetection` is `true`, `HerdBvdTagSchedule.tagAll` is set to `true`.

## Blood serology

The following blood serology submodels are used alternatively, not in conjunction.

### Random sampling

### FarmECS/ODD/Testing/FixedAnnualRandomSampleSeroTesting

Blood serology testing a given number of randomly selected animals per year, with optional age restriction.

Only tests in herds with component HerdBvdSeroSchedule. Operates on all **animals** with component

AnimalBvdEpiStat. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/testing/FixedAnnualRandomSampleSeroTesting.scala>)

Parameter	Symbol	Type	Description
testsPerYear	$n_{sero}$	int	Sample size per year (total number of animals to test), under the assumption that all herds participate.
hasAgeLimit	-	boolean	Should the age limits be applied?
minAgeTesting	$a_{sero}^{(min)}$	int	Minimum age for tested animals, in weeks (incl.)
maxAgeTesting	$a_{sero}^{(max)}$	int	Maximum age for tested animals, in weeks (incl.)
switchToTagging	-	boolean	Switch to tagging in positive case

In each model step, animals are tested to approx. result in  $n_{sero}$  animals tested per year.

Based on the number of eligible animals  $n_{tot}$  in the population, and on the number of intended tests, the individual per-animal testing probability is determined:

$$p_{test} = \frac{n_{sero}}{52 \cdot n_{tot}}$$

where  $n_{tot}$  is the total number of animals if `hasAgeLimit` is `true`, and the number of all animals with age  $a_{sero}^{(min)} \leq a \leq a_{sero}^{(max)}$  otherwise.

Iterating over all eligible animals in herds with component HerdBvdSeroSchedule, each animal is tested with probability  $p_{test}$ . If a tested animal is of status Recovered (state variable `AnimalBvdEpiStat.epiStat`) and `switchToTagging` is `true`, it's herd's component HerdBvdSeroSchedule is detached and a HerdBvdTagSchedule component is attached, with `lastDetection` set to the current model tick, and `tagAll` set to `true`. This causes the herd to tag all animals in the next step, and to continue with tagging instead of blood serology testing (given an appropriate tagging submodel).

Note that the total number of tests is not necessarily  $n_{sero}$ . Rather, animals in herds with HerdBvdSeroSchedule are tested with a probability as if  $n_{sero}$  samples were distributed over all herds, proportional to herd size.

#### Herd-based sampling

### FarmECS/ODD/Testing/FixedHerdSampleSeroTesting

Blood serology testing of a fixed or herd size proportional sample in regular intervals, with optional age

restriction. Only tests in herds with component HerdBvdSeroSchedule. Operates on all herds with component

HerdBvdSeroSchedule. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/testing/FixedHerdSampleSeroTesting.scala>)

Parameter	Symbol	Type	Description
testInterval	$\tau_{sero}$	float	Testing interval in weeks
testsPerHerd	$n_{sero}$	float	Sample size per herd and test campaign, for fixed sample
testsPerAnimal	$p_{sero}$	float	Per animal testing probability per test campaign, for size-proportional sample
minAgeTesting	$a_{sero}^{(min)}$	float	Minimum age for tested animals, in weeks (incl.)
maxAgeTesting	$a_{sero}^{(max)}$	int	Maximum age for tested animals, in weeks (incl.)
ignoreAgeNonYoungStock	-	boolean	Ignore age limits for herd types without youngstock (DnR, BnF)
switchToTagging	-	boolean	Switch to tagging in case of a positive test

For every herd added to the submodel (at startup or after attaching HerdBvdSeroSchedule), its testing offset `HerdBvdSeroSchedule.testTickOffset` ( $o_{sero}$ ) is determined:

$$o_{sero} = \lfloor U([0, \lceil \tau_{sero} \rceil]) \rfloor$$

At every model step, blood serology testing is performed for all herds with  $\lfloor (t + o_{sero}) / \tau_{sero} \rfloor \neq \lfloor (t + o_{sero} - 1) / \tau_{sero} \rfloor$

For each herd to test in the model step, blood serology testing is performed as follows:

First, the desired sample size  $n_{tests}$  is determined:

$$n_{tests} = \text{round}(n_{sero} + p_{sero} \cdot n_{tot})$$

where  $n_{tot}$  is the total number of animals in the herd, and  $\text{round}(x)$  randomly rounds to integer, ceiling (rounding up) with probability  $x - \lfloor x \rfloor$ . Normally, only one of the two terms of the sum will not be zero, depending on fixed sample ( $p_{sero} = 0$ ) or size-proportional sampling ( $n_{sero} = 0$ ).

Next, all animals in the herd eligible for testing are collected. Animal eligibility is restricted to animals with age  $a_{sero}^{(min)} \leq a \leq a_{sero}^{(max)}$ , except if `ignoreAgeNonYoungStock` is `true` and the herd has no young stock (types DnR, BnF).

Among all eligible animals ( $n_{elig}$ ),  $n_{tests}$  animals are randomly drawn for testing, without replacement. If  $n_{elig} \leq n_{tests}$ , all eligible animals are tested. If a tested animal is of status `Recovered` (state variable `AnimalBvdEpiStat.epiStat`) and `switchToTagging` is `true`, its herd's component `HerdBvdSeroSchedule` is detached and a `HerdBvdTagSchedule` component is attached, with `lastDetection` set to the current model tick, and `tagAll` set to `true`. This causes the herd to tag all animals in the next step, and to continue with tagging instead of blood serology testing (given an appropriate tagging submodel).

### Bulk tank milk serology

The following bulk tank milk serology submodels are used alternatively, not in conjunction.

#### Fixed interval sampling

##### FarmECS/ODD/Testing/IntervalBulkTankMilkTesting

Serological bulk tank milk testing in regular intervals. Only tests in herds with component `HerdBvdTankMilkSchedule`. Operates on all herds with component `HerdBvdTankMilkSchedule`. Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/testing/IntervalBulkTankMilkTesting.scala>)

Parameter	Symbol	Type	Description
testInterval	$\tau_{btm}$	float	Testing interval in weeks
testFunction	-	Function: double -> boolean	Function to determine result from sero-prevalence in sampled population
switchToTagging	-	boolean	Switch to tagging in case of a positive test

For every herd added to the submodel (at startup or after attaching `HerdBvdTankMilkSchedule`), its testing offset `HerdBvdTankMilkSchedule.testTickOffset` ( $o_{btm}$ ) is determined:

$$o_{btm} = \lfloor U([0, \lceil \tau_{btm} \rceil]) \rfloor$$

At every model step, bulk tank milk testing is performed for all herds with  $\lfloor (t + o_{btm}) / \tau_{btm} \rfloor \neq \lfloor (t + o_{btm} - 1) / \tau_{btm} \rfloor$

For each herd to test in the model step, bulk tank milk is performed as follows:

First, sero-prevalence of lactating animals in the herd is calculated. Lactating animals are all females with at least one calving, and the last calving no longer than `BiologicalParameterData.lactationLength` ago. Animals with `AnimalBvdEpiStat.epiStat = Recovered` are assumed sero-positive.

Second, the test result is determined by the `testFunction`.

If the test result is positive (`testFunction` returned `true`) and `switchToTagging` is `true`, its herd's component `HerdBvdTankMilkSchedule` is detached and a `HerdBvdTagSchedule` component is attached, with `lastDetection` set to the current model tick, and `tagAll` set to `true`. This causes the herd to tag all animals in the next step, and to continue with tagging instead of blood serology testing (given an appropriate tagging submodel).

#### Herd-size dependent sampling

FarmECS/ODD/Testing/SizeProportionalBulkTankMilkTesting  
 FarmECS/ODD/Testing/SizeProportionalBulkTankMilkTesting

#### Not used

#### Virus release

FarmECS/ODD/Release/BvdVirusRelease

Releases BVD virus in a fixed model step, as PI(s) or trojan(s). Operates on herds with component `HerdBase`.

Code (<https://bitbucket.org/ecoepi/farmecs/src/dev/FarmECSCore/src/main/scala/de/ecoepi/farmecs/modules/ba se/operators/virusrelease/BvdVirusRelease.scala>)

Parameter	Symbol	Type	Description
releaseStep	$t_{release}$	int	Model step of virus release
releaseMode	-	enum: PI, Trojan	Mode of release
allHerds	-	boolean	Whether to infect all herds, vs. only one
forceFemaleFetus	-	boolean	Allows PI generation only for female fetuses

In the model step given by  $t_{release}$ , the virus is released to one or all herds (where possible), depending on parameter `allHerds`.

If release is intended to a single herd, herds are randomly drawn until one is found where release is possible (see below). If release is intended to all herds, virus is released to all herds where release is possible.

On the herd level, if `releaseMode` is `PI`, a randomly selected animal from the herd is set to `AnimalBvdEpiStat.epiStat = PI`. This is possible in all herds with animals.

If `releaseMode` is `Trojan`, a random individual is drawn from all pregnant individuals of the herd (with component `IsPregnant`; with female fetus if `forceFemaleFetus`). The drawn individual's `AnimalBvdEpiStat.fetusEpiStat` is set to `PI`, and `AnimalBvdEpiStat.epiStat` is set to `Recovered`. This is only possible in herds with pregnant animals.

## Parameters

### FarmECS/ODD/Data/BiologicalParameterData

Parameter	Symbol	Type	Value	Comment	Description
<code>gestationLength</code>	$\tau_{gest}$	int	40 w (280 d)		Length of gestation/pregnancy in weeks
<code>lactationLength</code>	$\tau_{lact}$	int	44 w (308 d)		Length of lactation after calving in weeks

### FarmECS/ODD/Data/ManagementParameterData

Parameter	Symbol	Type	Value	Comment	Description
<code>maxAgeNewborn</code>	$a_{newb}$	int	2 w		Age to move from Cohort Newborn to Calf
<code>maxAgeCalf</code>	$a_{calf}$	int	26 w (6 m)		Age to move from Cohort Calf to Heifer or Grasser
<code>maxAgeGrasser</code>	$a_{gras}$	int	65 w (15 m)		Age to move from Cohort Grasser to Fattener
<code>maxAgeFattener</code>	$a_{fatt}$	int	160 w ( $\approx 3$ y)		Maximum age for Cohort Fattener
<code>minAgeBreeding</code>	$a_{breed}$	int	61 w (14 m)		Minimum age of heifers for first breeding

### FarmECS/ODD/Initialization/TableXmlFarmInitialization

#### poolsIndoor

- D, DnR: [Calf, Heifer]
- R, R1, R2: [Calf, Heifer]
- B, BnF: [Cow, Calf, Newborn], [Heifer, HeiferBred]
- F: [all]

#### poolsOutdoor

- same as poolsIndoor

### FarmECS/ODD/Initialization/NeighborhoodInitializer

Parameter	Symbol	Type	Value	Comment	Description
<code>maxRadius</code>	$r_{neigh}$	float	5 km		Neighborhood radius
<code>includeEnterpriseSites</code>	-	boolean	true		Should enterprise sites be connected as (disease transmission) neighbors independent of distance? Allows for implicit representation of movement of personnel, vehicles and other fomites between enterprise sites

### FarmECS/ODD/Initialization/BvdTestingInitializer

Parameter	Symbol	Type	Value	Comment	Description
taggingTypes	-	List[HerdType]	none or all		Herd types to schedule for tagging
seroTypes	-	List[HerdType]	all or [B BnF R R1 R2 F]		Herd types to schedule for blood serology testing
tankMilkTypes	-	List[HerdType]	none or [D DnR]		Herd types to schedule for bulk tank milk testing

## FarmECS/ODD/Replacement/PrototypeReplacementEstimator

Parameter	Symbol	Type	Value	Comment	Description
estimationInterval	$\tau_{est}$	int	13 w (3 m)		Time interval between replacement estimates, in weeks

## FarmECS/ODD/Replacement/PrototypeReplacementDecision

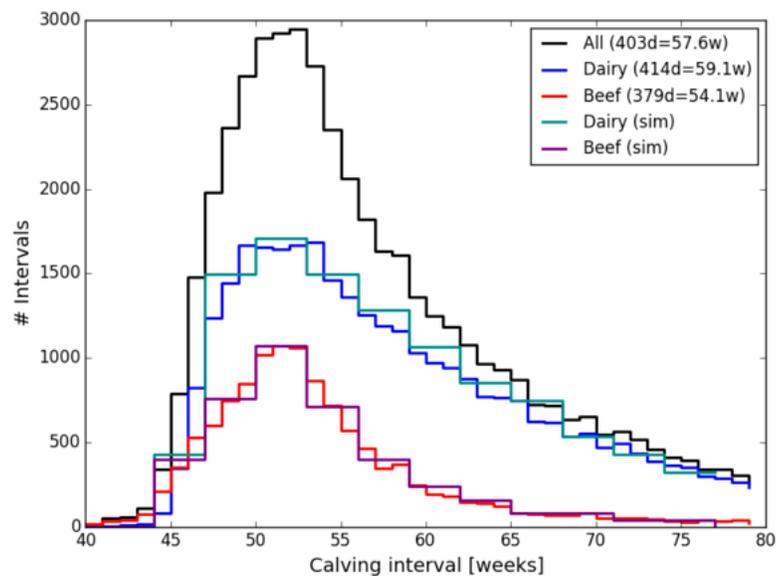
Parameter	Symbol	Type	Value	Comment	Description
ticksBeforeCalving	$\tau_{est}$	int	17 w ( $\approx 4$ m)		How many weeks before calving to make the decision
sellTicksBeforeCalving	$\tau_{sell}$	int	15 w ( $\approx 3.5$ m)	delayed by trade (waiting time, etc.)	How many weeks before calving to sell

## FarmECS/ODD/Grouping/DefaultSTGrouping

Parameter	Symbol	Type	Value	Comment	Description
ageSellMaleCalfDairy	$a_{sell}^{(D,M)}$	int	2 w		Age to sell male dairy calves
probSellFemaleCalfD	$p_{sell}^{(D,F)}$	float	0.25		Probability to sell female calves from D herds
ageSellFemaleCalfD	$\tilde{a}_{sell}^{(D,F)}$	Distribution	$U([4, 30])$ (1-7 m)		Age distribution to sell female dairy calves from D herds
ageSellFemaleCalfDnR	$\tilde{a}_{sell}^{(DnR,F)}$	Distribution	$U([2, 20])$ (0.5-4.5 m)		Age distribution to sell female dairy calves from DnR herds
sellHeifersBeforeBreeding	$\tau_{sell}^{(R1,H)}$	int	12 (3 m)		Weeks before minAgeBreeding $a_{breed}$ to sell dairy Heifers from R1 herds
probSellFemaleCalfB	$p_{sell}^{(B,F)}$	float	0.15		Probability to sell female calves from B herds
ageSellCalfB	$\tilde{a}_{sell}^{(B)}$	Distribution	$U([15, 43])$ (3.5-10 m)		Age distribution to sell calves from B herds
probSellFemaleCalfBnF	$p_{sell}^{(BnF,F)}$	float	0.95		Probability to sell female calves from BnF herds
ageSellCalfBnF	$\tilde{a}_{sell}^{(BnF)}$	Distribution	$U([15, 43])$ (3.5-10 m)		Age distribution to sell calves from BnF herds

## FarmECS/ODD/Breeding/TimeDistributionBreeding

Parameter	Symbol	Type	Value	Comment	Description
probFertilityDairy	$f_D$	float	0.95		Fertility of animals in dairy herds (D, DnR, R, R2)
waitingTimeBreedingDairy	$\tau_{wait}^{(D)}$	float	4 w	Derived from HIT	Waiting time between calving and first breeding trial in dairy herds (D, DnR, R, R2)
distributionDairy	$cd_D$	List[float]	[0.04 0.14 0.16 0.14 0.12 0.1 0.08 0.07 0.05 0.04 0.03 0.03]	Derived from HIT	Distribution of conception time after waiting time in dairy herds (D, DnR, R, R2)
probFertilityBeef	$f_B$	float	0.95		Fertility of animals in beef herds (B, BnF)
waitingTimeBreedingBeef	$\tau_{wait}^{(B)}$	float	4 w	Derived from HIT	Waiting time between calving and first breeding trial in beef herds (B, BnF)
distributionBeef	$cd_B$	List[float]	[0.1 0.19 0.27 0.18 0.1 0.06 0.04 0.02 0.02 0.01 0.01]	Derived from HIT	Distribution of conception time after waiting time in beef herds (B, BnF)
distributionBinSize	$\tau_{bin}$	int	3 w		Bin size of distributions in weeks
probDairyBeefBreeding	$p_{mized}$	float	0.1		Probability of breeding with beef breed semen in dairy herds (D, DnR)
probFemale	$p_{female}$	float	0.5		Sex ration: share of female calves



Histogram of calving in Saxony-Anhalt for 2016-2017. For further details, see the image's media page.

#### FarmECS/ODD/Abortion/PredeterminedAbortion

Parameter	Symbol	Type	Value	Comment	Description
abortionProb	$p_{abort}$	float	0.03		Probability of abortion

## FarmECS/ODD/Calving/PrototypeBvdCalving

## FarmECS/ODD/Demand/PrototypeDemandManager

Parameter	Symbol	Type	Value	Comment	Description
estimationInterval	$\tau_{est}$	int	4 w		Per herd demand estimation interval in weeks
targetTolerance	$\delta_{targ}$	float	0.15		Relative demand threshold, required to enter the open market

## FarmECS/ODD/Supply/BvdFilterTransportSales

Parameter	Symbol	Type	Value	Comment	Description
maxRelOverloadReturn	$l_{ret}$	float	0.2		Maximum overload (negative demand) allowed to push animals back from rearing herds to their source herds
maxRelOverloadEnterprise	$l_{ent}$	float	0.2		Maximum overload (negative demand) allowed to push animals to enterprise sites or trade partners
filterPiDetection	-	boolean	true		Filter out PI animals in herds with detection / positive test?
filterPi	-	boolean	false		Filter out PI animals?
filterTi	-	boolean	false		Filter out TI animals?
filterTrojan	-	boolean	false		Filter out trojans (in utero PIs)?

## FarmECS/ODD/Transport/TurnamentImportTransportManager

Parameter	Symbol	Type	Value	Comment	Description
waitingTimeSupply	$\tau_{supp}$	int	4 w		Waiting time of supply batches before eligible for trade, in weeks. To increase batch size.
waitingTimeDemand	$\tau_{dem}$	int	4 w		Waiting time of demand batches before eligible for trade, in weeks. To increase batch size.
maxAgeSupply	$a_{supp}$	int	10 w		Maximum individual waiting time on market, incl. waitingTimeSupply, in weeks
demandOrdering	-	enum: Random, Size, Age	Random		Ordering of demand batches in selection process
numCandidates	$n_{cand}$	int	5		Maximum number of supply batch candidates to rate per demand batch
maxCandidates	$n_{cand}^{(max)}$	int	5		Maximum number of supply batches to consider for inclusion in candidates
candidateFitExponent	$e_{cand}$	float	2.0		Exponent to apply to batch size fit during candidate collection
distanceWeight	$w_{dist}$	float	0.5		Weight of distance in candidate rating
batchSizeWeight	$w_{batch}$	float	0.5		Weight of batch size fit in candidate rating
herdSizeTolerance	$\delta_{hs}$	float	0.05		Maximum herd size overload when moving large supply batches
importTimeThreshold	$\tau_{import}$	float	13 w (3 m)		Maximum time demand batches wait before serving by imports, in weeks
importDemandThreshold	$h_{import}$	float	0.25		Maximum relative demand of batches before serving by imports
minNumClones	$n_{clone}^{(min)}$	int	10		Minimum number of animals required for cloning for imports
maxNumClones	$n_{clone}^{(max)}$	int	500		Maximum number of animals required for cloning for imports

## FarmECS/ODD/Infection/BvdPoolsInfection

Parameter	Symbol	Type	Value	Comment	Description
betaTiWithin	$\beta_{ti}^{(i)}$	float	0.1	$0.05 \cdot \beta_{pi}^{(i)}$	Beta for TIs within pools
betaPiWithin	$\beta_{pi}^{(i)}$	float	2.0		Beta for TIs within pools
betaPiBetweenPools	$\beta_{pi}^{(p)}$	float	0.4	$0.2 \cdot \beta_{pi}^{(i)}$	Beta for PIs between pools
betaPiBetweenHerds	$\beta_{pi}^{(h)}$	float	0.04	$0.02 \cdot \beta_{pi}^{(i)}$	Beta for PIs between herds (neighborhood infection)
endEarlyPregnancy	$\tau_{early}$	int	6 w (42 d)		End of early pregnancy in weeks after conception
endMidPregnancy	$\tau_{mid}$	int	22 w (154 d)		End of mid pregnancy in weeks after conception
abortEarly	$a_{early}$	float	0.8		Probability of abortion due to BVD infection during early pregnancy
abortMid	$a_{mid}$	float	0.2		Probability of abortion due to BVD infection during mid pregnancy
abortLate	$a_{late}$	float	0.0		Probability of abortion due to BVD infection during late pregnancy
piEarly	$pi_{early}$	float	0.0		Probability of PI calf due to BVD infection during early pregnancy (conditional on no abortion)
piMid	$pi_{mid}$	float	0.9		Probability of PI calf due to BVD infection during mid pregnancy (conditional on no abortion)
piLate	$pi_{late}$	float	0.0		Probability of PI calf due to BVD infection during late pregnancy (conditional on no abortion)
immuneEarly	$imm_{early}$	float	0.0		Probability of immune calf due to BVD infection during early pregnancy (conditional on no abortion, remainder immune + pi: susceptible calf)
immuneMid	$imm_{mid}$	float	0.05		Probability of PI immune due to BVD infection during mid pregnancy (conditional on no abortion, remainder immune + pi: susceptible calf)
immuneLate	$imm_{late}$	float	1.0		Probability of PI immune due to BVD infection during late pregnancy (conditional on no abortion, remainder immune + pi: susceptible calf)

## FarmECS/ODD/Recovery/PrototypeBvdRecovery

Parameter	Symbol	Type	Value	Comment	Description
stepsInfected	$\tau_{inf}$	int	2 w		Duration of infection in weeks/model steps
durationMAB	$\tau_{MAB}$	int	26 w (6 m)		Duration of presence of maternal antibodies in weeks/model steps

## FarmECS/ODD/Mortality/PrototypeBvdPiMortality

Parameter	Symbol	Type	Value	Comment	Description
piMortality	$m_{PI}$	float	0.45		Annual PI mortality

## FarmECS/ODD/Mortality/AgeDependentMortality

Parameter	Symbol	Type	Value	Comment	Description
backgroundMortality	$m_{bg}$	float	0.03	Pannwitz 2013	Annual background mortality
backgroundMortalityNewborn	$m_{nb}$	float	0.87	Pannwitz 2013	Annual background mortality for cohort Newborn
backgroundMortalityCalf	$m_{ca}$	float	0.05	Pannwitz 2013	Annual background mortality for cohort Calf
elderlyMortalityDairy	$m_{Do}$	float	0.4	calibrated vs. HIT	Annual background mortality for old animals in D and DnR herds
elderlyThresholdDairy	$h_{Do}$	int	182 w (3.5 y)	calibrated vs. HIT	Age threshold for old animals in D and DnR herds in weeks
elderlyMortalityBeef	$m_{Bo}$	float	0.2	calibrated vs. HIT	Annual background mortality for old animals in B and BnF herds
elderlyThresholdBeef	$h_{Bo}$	int	260 w (5 y)	calibrated vs. HIT	Age threshold for old animals in B and BnF herds in weeks
grasserFattenerMortality	$m_f$	float	3.0 (LE 4 m)	calibrated vs. HIT	Annual background mortality for animals in cohorts Grasser and Fattener

### FarmECS/ODD/Vaccination/BvdEmergencyVaccination

Parameter	Symbol	Type	Value	Comment	Description
vaccinationCoverage	$p_{vacc}$	float	0.8		Vaccination coverage, i.e. individual probability of vaccination
minAge	$a_{vacc}$	int	26 w (6 m)		Minimum age of animals to vaccinate, in weeks.
vaccinateMales	-	boolean	false		Are males also vaccinated, or only females
vaccinateMABs	-	boolean	true		Does vaccination also protect animals with maternal antibodies?
countCoverageOnly	-	boolean	false		If true, only vaccine doses actually immunizing animals are counted (according <code>vaccinationCoverage</code> ) are counted. If false, also doses not resulting in immunity are counted.

### FarmECS/ODD/Testing/FixedAgeTagTesting

Parameter	Symbol	Type	Value	Comment	Description
ageOfPiRemoval	$a_{tag}$	int	7 w		Age of testing and immediate removal, in weeks
testMales	-	boolean	true / false / true	full / female tagging / AHL	Tag also males (or only females?)
eliminatePiMother	-	boolean	true		Eliminate PI mother in same herd?
tagAllAfterDetection	-	boolean	true		Tag all animals after detection / switch to tagging?
startTick	$t_{tag}$	int	0		Date / model tick of start of tagging
probBeforeDetection	$p_{tag}^{(pre)}$	float	1.0 / 1.0 / 0.318	full / female tagging / AHL	Individual tagging probability before first detection
probAfterDetection	$p_{tag}^{(post)}$	float	1		Individual tagging probability after first detection
countAfterDetection	$\tau_{count}$	int	-1		After detection, count tags only for the given number of weeks. Tags before detection are always counted. Use a negative value for infinite counting.

## FarmECS/ODD/Testing/FixedAnnualRandomSampleSeroTesting

Parameter	Symbol	Type	Value	Comment	Description
testsPerYear	$n_{sero}$	int	88384 / 36635 / 19044	full / female tagging / AHL	Sample size per year (total number of animals to test), under the assumption that all herds participate.
hasAgeLimit	-	boolean	false		Should the age limits be applied?
minAgeTesting	$a_{sero}^{(min)}$	int	0		Minimum age for tested animals, in weeks (incl.)
maxAgeTesting	$a_{sero}^{(max)}$	int	Int.MaxValue		Maximum age for tested animals, in weeks (incl.)
switchToTagging	-	boolean	true		Switch to tagging in positive case

## FarmECS/ODD/Testing/FixedHerdSampleSeroTesting

Parameter	Symbol	Type	Value	Comment	Description
testInterval	$\tau_{sero}$	float	17.333	3x per year	Testing interval in weeks
testsPerHerd	$n_{sero}$	float	27.8 / 11.5 / 6.0	full / female tagging / AHL	Sample size per herd and test campaign, for fixed sample
testsPerAnimal	$p_{sero}$	float	0		Per animal testing probability per test campaign, for size-proportional sample
minAgeTesting	$a_{sero}^{(min)}$	float	0 / 39 w (9 m)	sero-fix-a / sero-fix-y	Minimum age for tested animals, in weeks (incl.)
maxAgeTesting	$a_{sero}^{(max)}$	int	Int.MaxValue / 60 w	sero-fix-a / sero-fix-y	Maximum age for tested animals, in weeks (incl.)
ignoreAgeNonYoungStock	-	boolean	true		Ignore age limits for herd types without youngstock (DnR, BnF)
switchToTagging	-	boolean	true		Switch to tagging in case of a positive test

## FarmECS/ODD/Testing/IntervalBulkTankMilkTesting

Parameter	Symbol	Type	Value	Comment	Description
testInterval	$\tau_{btm}$	float	4.35 w / 8.7 w / 13.7w	full / female tagging / AHL	Testing interval in weeks
testFunction	-	Function: double -> boolean	$x \geq 0.05$	detect prevalence $\geq 5\%$	Function to determine result from seroprevalence in sampled population
switchToTagging	-	boolean	true		Switch to tagging in case of a positive test

Retrieved from "[https://ecoepi.miraheze.org/w/index.php?title=FarmECS/ODD\\_Saxony-Anhalt\\_Report&oldid=3707](https://ecoepi.miraheze.org/w/index.php?title=FarmECS/ODD_Saxony-Anhalt_Report&oldid=3707)"