



Genomische Selektion - Aktueller Stand in Österreich mit ersten Ergebnissen

ZAR-Seminar
Salzburg, 18.3.2010

Birgit Gredler, Hermann Schwarzenbacher,
Christa Egger-Danner, Johann Sölkner



Übersicht

- Aktueller Stand bei Braunvieh
 - Projekte
- Aktueller Stand bei Fleckvieh
 - Projekte
 - Daten und Methodik
 - Ergebnisse
- Ausblick

Aktueller Stand Braunvieh



interGenomics

- Gemeinsames Projekt „**InterGenomics**“ der Braunviehzuchtorganisationen zur Entwicklung einer genomischen Zuchtwertschätzung
- Bündelung der Kräfte - Genotypenpool
- Länder:
 - Deutschland, Frankreich, Italien, Schweiz, Slowenien, Österreich und USA
- Durchführung bei Interbull (Uppsala, Schweden)
- Entwicklung binnen 1,5 Jahren
- Projekt wird von einem Management- und technischen Komitee begleitet

Eingebrachte Genotypen

Land	Anzahl Stiere
Frankreich	93
Italien	762
Slowenien	191
Schweiz	1.202
USA	816
Summe	3.064

Erste Ergebnisse im Sommer 2010 zu erwarten!

Nationales Projekt bei Braunvieh in Deutschland

- Projekt „**PAGeS**“ in Deutschland
 - Prüfbullen-Auswahl durch Genomische Selektion
- Partner: Tierzuchtforschung e.V., Landeskontrollverband, Institut für Tierzucht (LfL)
- Durchführung am Institut für Tierzucht
- Genotypisierung von ~ 1.000 Braunvieh Stieren

Nationales Projekt bei Braunvieh in Österreich

- Parallel zu InterGenomics auch Projekte zur Entwicklung einer genom. Zuchtwertschätzung für Braunvieh in Österreich und Deutschland
- Projekt an der BOKU: „**Genomische Selektion über Rassen hinweg**“
 - Fördergeber: BMLFUW und Zuchtorganisationen von Braunvieh, Pinzgauer und Tiroler Grauvieh
 - Genotypisierung von ~ 500 Braunviehtieren
 - Entwicklung in Zusammenarbeit von BOKU und ZuchtData

Enge Zusammenarbeit von Österreich und Deutschland

- Schaffung eines Genotypenpools, der beiden Projekten zur Verfügung steht
- Entwicklung erfolgt arbeitsteilig:
 - Bayern: Milch- und Exterieurmerkmale
 - Baden-Württemberg: Fleischmerkmale
 - Österreich: Fitnessmerkmale
- Nutzung aller Ressourcen (Genotypen, Know-How)
- Erste Arbeiten:
 - Stierauswahl und Probensammlung
- Sobald Genotypen aus nationalen Projekten verfügbar sind, werden diese auch bei InterGenomics eingebracht

Aktueller Stand Fleckvieh



„Entwicklung einer genomischen Zuchtwertschätzung für Fleckvieh“

- **Projektträger:** ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH
- **Forschungspartner:** BOKU
- **AGÖF**
- Das Projekt wird von der Österreichischen Forschungsförderungsgesellschaft mbH zu 60% gefördert
- Projektstart: März 2008
- Genotypisierung von ~ 2.000 Fleckvieh Stieren

Enge Zusammenarbeit mit Deutschland

- Projekt GenoTrack in Deutschland
- Unterstützung des Projektes durch Institut für Tierzucht (LfL) zur Entwicklung von GS Fleckvieh
- Schaffung eines **Genotypenpools**, der Projekten in Österreich und Deutschland für die Entwicklung zur Verfügung steht
 - Direkter Zusammenhang zwischen Anzahl an Stieren und Qualität der genomischen Zuchtwertschätzung
 - Fleckvieh-Population möglichst vollständig abdecken
- **Ziel: gemeinsame genomische Zuchtwertschätzung in Österreich und Deutschland!**

Enge Zusammenarbeit mit Deutschland

- Genotypen aus verschiedenen Projekten in Deutschland und Österreich
- Datenbereitsteller:
 - Institut für Tierzucht (LfL)
 - ZuchtData EDV-Dienstleistungen GmbH
 - Institut für Tierzucht und Tierhaltung (Christian-Albrechts Universität zu Kiel)
 - Förderverein Biotechnologieforschung e.V.
 - Arbeitsgemeinschaft Süddeutscher Rinderzucht- und Besamungsorganisationen e.V.
 - AGÖF
- **Aktueller Pool-Datenbestand: 4.440 Stiere**

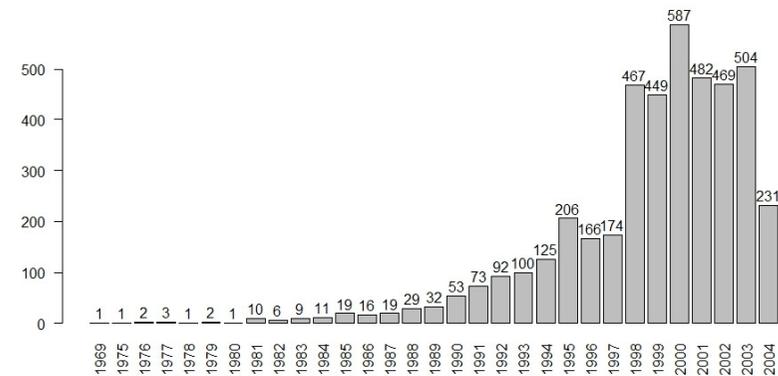
Genomische Zuchtwertschätzung

- Überprüfung Datenqualität
 - Ausschluss zweifelhafter SNP-Marker
 - Ausschluss nicht informativer SNPs
 - Ausschluss von Stieren mit schlechter Genotypenqualität
- Überprüfung der Abstammung
 - Laborfehler, tatsächlich falsche Abstammungsangaben
 - Ausschluss von Stieren mit inkonsistentem Pedigree
 - 49 Stiere ausgeschlossen
- Enddatensatz: **44.724 SNPs**
4.340 Stiere

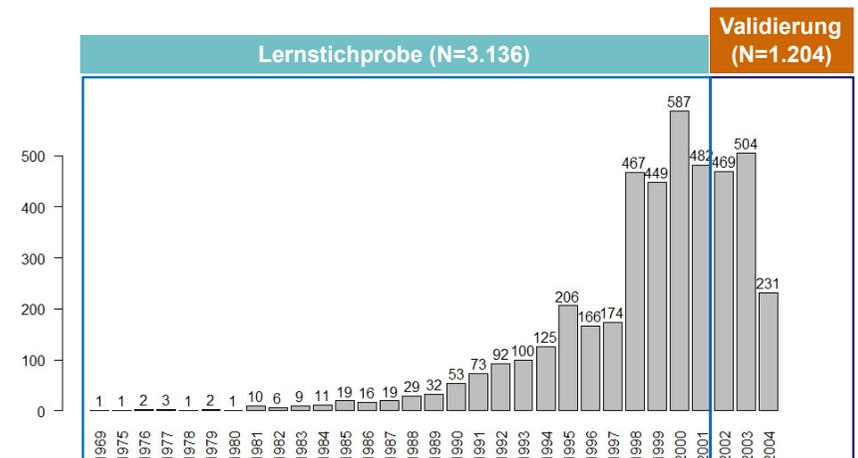
Wie wird ein genomischer Zuchtwert geschätzt?

- Teilung der Population in Lernstichprobe und Validierungsstichprobe

Verteilung der Stiere nach Geburtsjahr



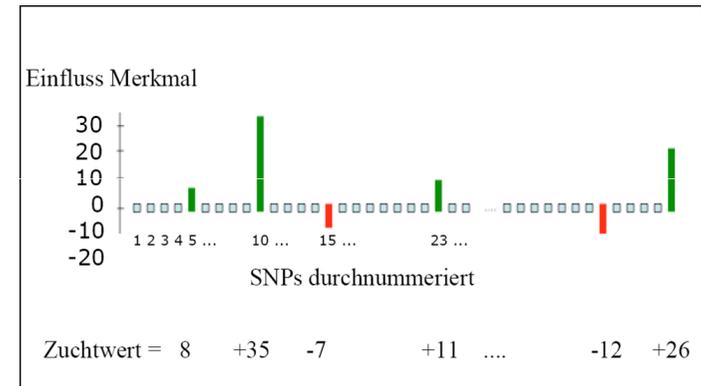
Lernstichprobe und Validierungsstichprobe



Wie wird ein genomischer Zuchtwert geschätzt?

- Verschiedene methodische Ansätze
- **Schätzen von SNP-Effekten**
 - BayesB (Meuwissen, 2009)
 - Annahme: viele SNPs haben kleinen Effekt, nur wenige zeigen großen Effekt
 - Direkt genomischer Zuchtwert = Summe der geschätzten SNP-Effekte

Direkt genomischer Zuchtwert - BayesB



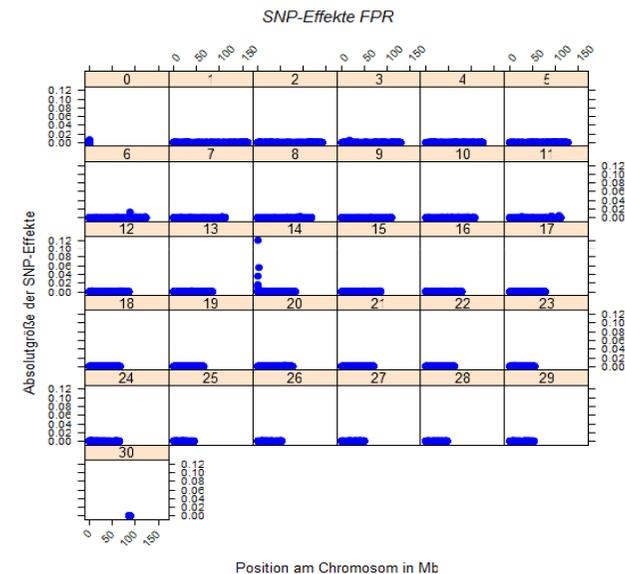
(Thaller, 2008)

Der direkt genomische Zuchtwert ist die Summe aller geschätzten SNP-Effekte

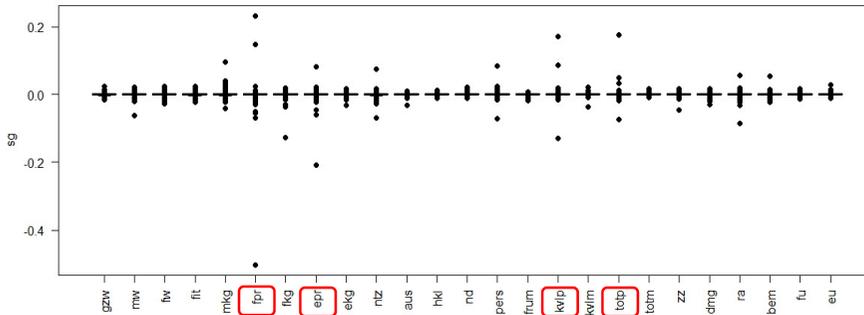
Wie wird ein genomischer Zuchtwert geschätzt?

- **Schätzen von SNP-Effekten**
 - **Ziel:** finden der SNPs mit großem Effekt auf ein Merkmal
 - Methode funktioniert gut, wenn tatsächlich wenige SNPs mit großem Effekt ein Merkmal beeinflussen
 - Hauptgen - Modell (QTL-Modell)

Schätzen von SNP-Effekten - Fett %



Wo sind die Hauptgene?



Wie wird ein genomischer Zuchtwert geschätzt?

- Verschiedene methodische Ansätze
- **Schätzen der exakten genetischen Verwandtschaft**
 - Verwandtschaft zwischen Stieren kann mit Hilfe von SNPs abgebildet werden
 - Verwandte Tiere sind sich ähnlicher als Unverwandte – Verwandte haben ähnlichere Leistungen
 - Verwandte tragen je nach Verwandtschaftsgrad mehr oder weniger herkunftsgleiche Gene
 - Im Durchschnitt erwarten wir:
 - Vater – Sohn: 50% aller Gene herkunftsgleich
 - Halbgeschwister: 25% aller Gene herkunftsgleich

Wie wird ein genomischer Zuchtwert geschätzt?

- **Schätzen der exakten genetischen Verwandtschaft**
 - Tatsächlich kann der Anteil herkunftsgleicher Gene allerdings abweichen
 - z.B. Halbgeschwister: 28% (anstatt 25%)
 - Tatsächliche Verwandtschaft kann mit Hilfe von SNP-Markern geschätzt werden – exakte, genauere Information

Wie wird ein genomischer Zuchtwert geschätzt?

- **Schätzen der exakten genetischen Verwandtschaft**
 - Ersetzen der traditionellen Verwandtschaftsinformation durch tatsächliche Verwandtschaft
 - Genomische-BLUP Zuchtwertschätzung (**G-BLUP**)
 - dgW = BLUP Zuchtwert aus G-BLUP
 - G-BLUP funktioniert gut, wenn alle SNPs eine gleiche Verteilung der Effekte aufweisen
 - Infinitesimales Modell

Wie wird die Sicherheit der dgW berechnet?

- Vergleich der dgW mit den konventionellen Zuchtwerten der Stiere in der Validierungsstichprobe
- Sicherheit = quadrierte Korrelation zwischen dgW und konventionellem Zuchtwert

Wie wird die Sicherheit der dgW berechnet?

- Vergleich der Sicherheit von dgW und Ahnenindex
- Ahnenindex = $(\text{ZW-Vater} + \text{ZW-Mutter}) / 2$
- Realisierte Sicherheit Ahnenindex = quadrierte Korrelation zw. Ahnenindex und konv. ZW der Validierungsstiere

Genomische Zuchtwertschätzung Fleckvieh

- BayesB und G-BLUP verglichen
- GZW-Merkmale und Exterieur
- Nur Stiere mit Sicherheit von mind. 60% für konventionellen Zuchtwert

Ergebnisse - Sicherheiten der dgW Produktionsmerkmale

Merkmal	Sicherheit BayesB	Sicherheit G-BLUP	Sicherheit Ahnenindex	Gewinn
GZW	27	29	16	+ 13
MW	28	29	17	+ 12
FW	37	37	18	+ 19
FIT	31	34	27	+ 7
MKG	30	31	15	+ 16
FKG	35	34	20	+ 15
EKG	29	29	15	+ 14
NTZ	36	37	17	+ 20

Ergebnisse - Sicherheiten der dgW Fitnessmerkmale

Merkmal	Sicherheit BayesB	Sicherheit G-BLUP	Sicherheit Ahnenindex	Gewinn
ND	20	19	16	+ 4
FRUM	38	39	26	+ 13
KVLP	38	35	28	+ 7
KVLM	50	50	46	+ 4
ZZ	33	35	30	+ 5

Ausblick

- Methodenweiterentwicklung
- Kombination aller verfügbaren Informationsquellen
 - kombinieren von dgW und Ahnenindex zum genomischen ZW bringt Informationsgewinn ->Genauigkeitsgewinn
- Aufbau der Logistik für eine genomische Zuchtwertschätzung in der Routine
 - Probensammlung
 - DNA-Extraktion
 - Genotypisierungs-Labor
- **ZIEL: Gemeinsame genomische Zuchtwertschätzung in Österreich und Deutschland bis Ende des Jahres!**



Danke für Ihre
Aufmerksamkeit!