



751-6212-00L

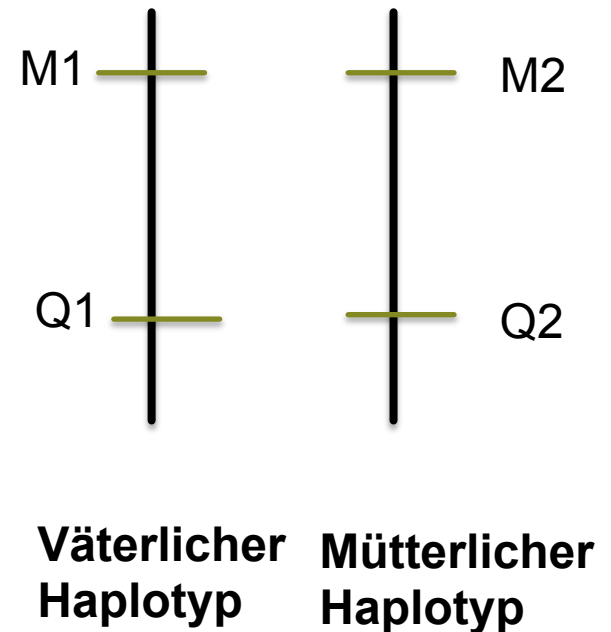
Angewandte Zuchtwertschätzung für Nutztiere

Birgit Gredler-Grandl

Frage zum Linkage Disequilibrium

Kopplung

- Annahme: Marker und QTL sind in räumlicher Nähe und werden gemeinsam vererbt (Kopplung)
- Beispiel:
 - Kuh mit 2 Loci M und Q
 - Genotyp M1M2 und Q1Q2
 - Wird Allel M1 gehäuft mit Allel Q1 vererbt, sprechen wir von Kopplung



Kopplungsgleichgewicht und Kopplungsungleichgewicht

- Kopplungsgleichgewicht (***Linkage equilibrium***)
 - Zufällige Weitergabe von Allelen an 2 Loci
 - Zufällige Beziehung zwischen 2 Loci

- Kopplungsungleichgewicht (***Linkage disequilibrium***)
 - Nicht zufällige Beziehung/Weitergabe von Allelen an 2 Loci
 - Wichtige Voraussetzung für QTL-Mapping und Genomische Selektion

Kopplungsgleichgewicht

		Marker A		
		A1	A2	Häufigkeit
Marker B	B1			0.5
	B2			0.5
	Häufigkeit	0.5	0.5	

Kopplungsgleichgewicht

		Marker A		
		A1	A2	Häufigkeit
Marker B	B1	0.25	0.25	0.5
	B2	0.25	0.25	0.5
	Häufigkeit	0.5	0.5	

Kopplungsungleichgewicht

		Marker A		
		A1	A2	Häufigkeit
Marker B	B1	0.4	0.1	0.5
	B2	0.1	0.4	0.5
	Häufigkeit	0.5	0.5	

Abweichung von 0.25 bedeutet Kopplungsungleichgewicht!

Kopplungsungleichgewicht

		Marker A		
		A1	A2	Häufigkeit
Marker B	B1	0.4	0.1	0.5
	B2	0.1	0.4	0.5
	Häufigkeit	0.5	0.5	

Masszahlen:

- D (Hill, 1981)

$$D = \text{freq}(A_1 _ B_1) * \text{freq}(A_2 _ B_2) - \text{freq}(A_1 _ B_2) * \text{freq}(A_2 _ B_1)$$

- r^2 (Hill and Roberston, 1968)

$$r^2 = \frac{D^2}{\text{freq}(A_1) * \text{freq}(A_2) * \text{freq}(B_1) * \text{freq}(B_2)}$$

Werte zwischen 0 und 1

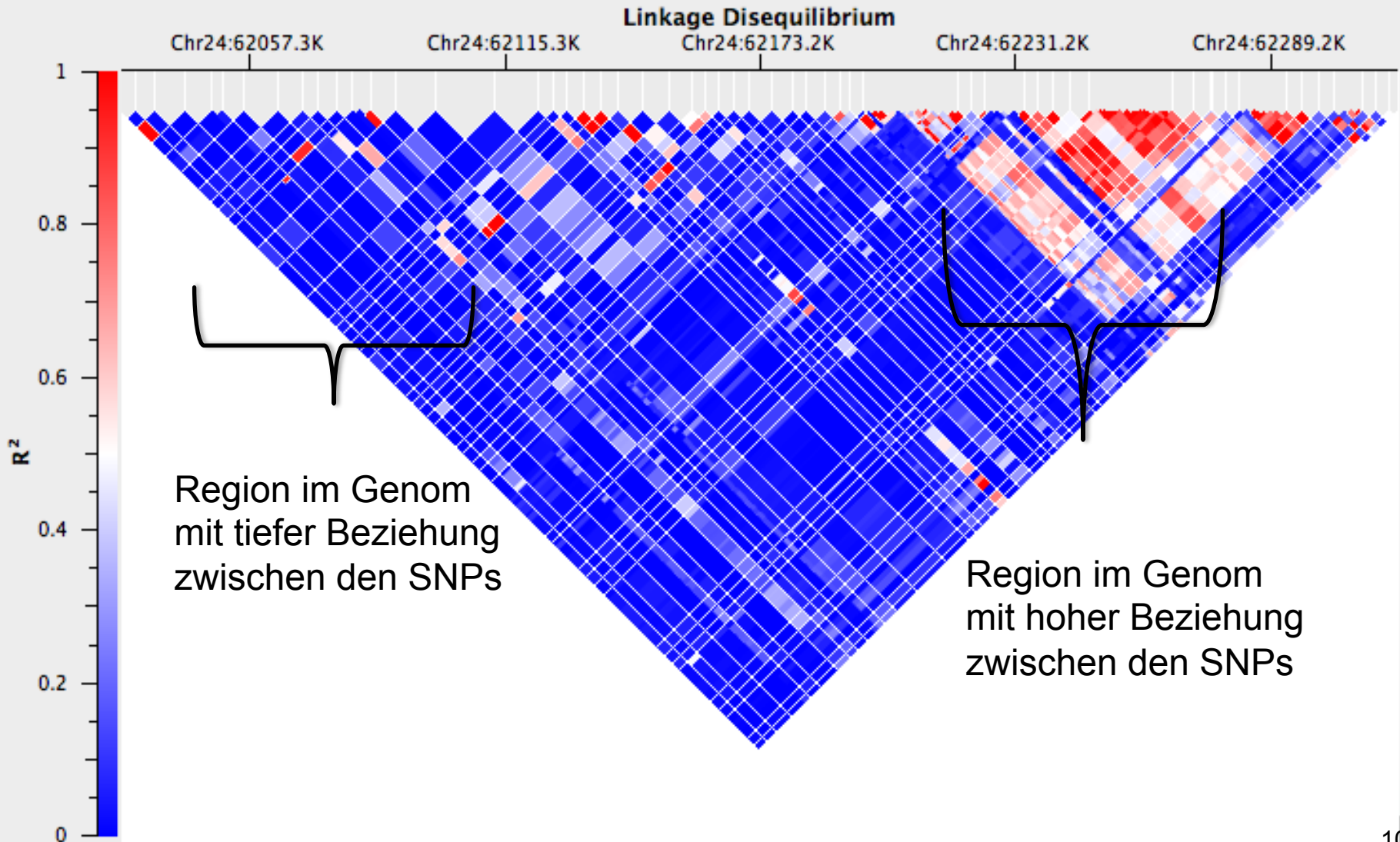
Kopplungsungleichgewicht eine Geschichte

- Im Dorf gibt es die junge Schönheit Michaela und vier junge Männer (Urs, Beat, Franz, Peter)
- Bei Festen sieht man Michaela jeweils mit einem von den jungen Männern; keiner wird bevorzugt – Michaela und die Männer sind im Kopplungsgleichgewicht
- Sieht man Michaela öfter mit Urs als mit den anderen dreien, dann sind Michaela und Urs im Kopplungsungleichgewicht

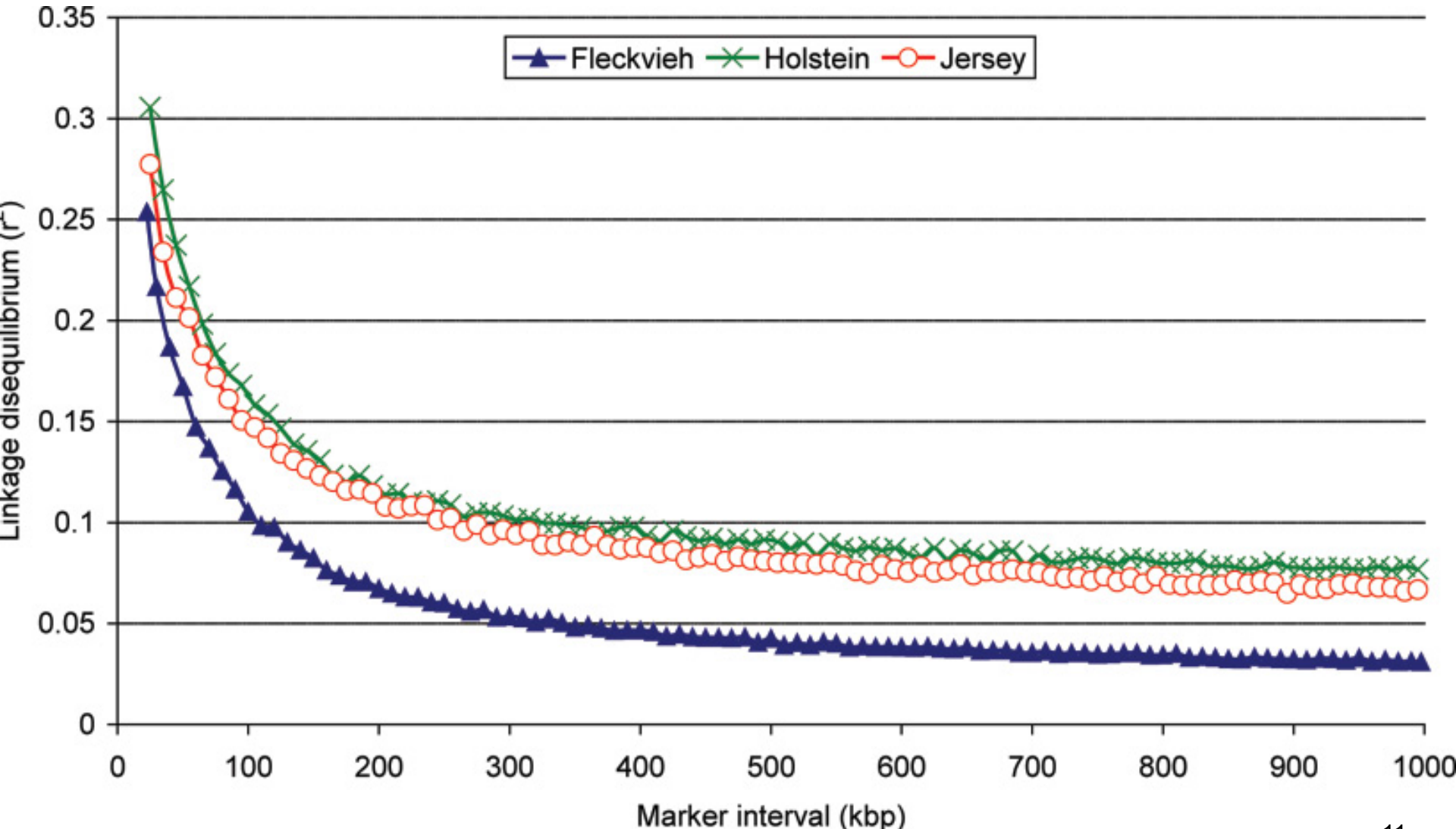
Kopplungsungleichgewicht eine Geschichte

- Gehen beide miteinander und man sieht Michaela nur noch mit Urs, dann ist das Kopplungsungleichgewicht vollständig
- Folgerung für Aussenstehende:
 - Man sieht Michaela und denkt: „bestimmt ist der Urs in der Nähe“ bzw. „die ist doch immer mit dem Urs unterwegs“
 - Man weiss gar nichts über Urs, aber Michaela blüht plötzlich sichtlich auf – man vermutet: „wahrscheinlich ist sie im Kopplungsungleichgewicht mit einem, der einen guten Einfluss auf sie hat!“ 😊

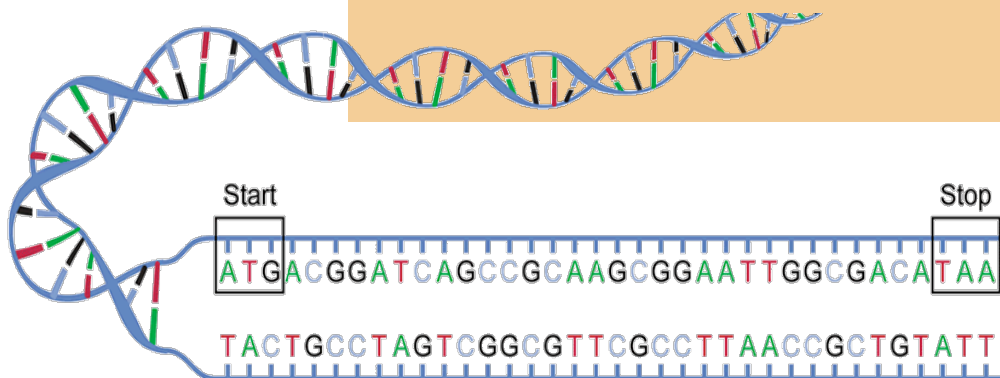
Kopplungsungleichgewicht



Kopplungsungleichgewicht beim Milchrind



Genomische Selektion und genomische Zuchtwertschätzung



Genomische Zuchtwerte – Vorteile

- Mit genomischen Zuchtwerten sind **mehr** und **genauere** Informationen über die genetische Veranlagung von Zuchttieren zu einem **früheren** Zeitpunkt im Leben dieser Tiere verfügbar
- Insbesondere haben genomische Zuchtwerte einen entscheidenden Vorteil gegenüber Abstammungszuchtwerten.

Abstammungszuchtwert

- $\frac{1}{2}$ Zuchtwert Vater + $\frac{1}{2}$ Zuchtwert Mutter
- Der Abstammungszuchtwert ist der wahrscheinlichste Zuchtwert eines Nachkommens
- In Wirklichkeit kann der wahre Zuchtwert eines Nachkommens auch bedeutend höher oder tiefer sein

Genomische Zuchtwerte – Vorteile

Vorteil von genomischen Zuchtwerten gegenüber Abstammungszuchtwerten:

- Durch Genomik lässt sich genauer abschätzen wo ein einzelnes Tier innerhalb der natürlichen bei der Fortpflanzung generierten Variabilität liegt

Beispiel: 5 Vollgeschwister

NIRVANA

x

Cinderella



Abstammungszuchtwert: **+714 kg Milch**

Colibri

Cassandra

Crissi

Christine

Conny



+235 kg



+449 kg



+346 kg



+1114 kg



+237 kg

Folie von Schuler und Seefried, 2016

Höheres Risiko beim Einsatz genomischer Jungstiere?

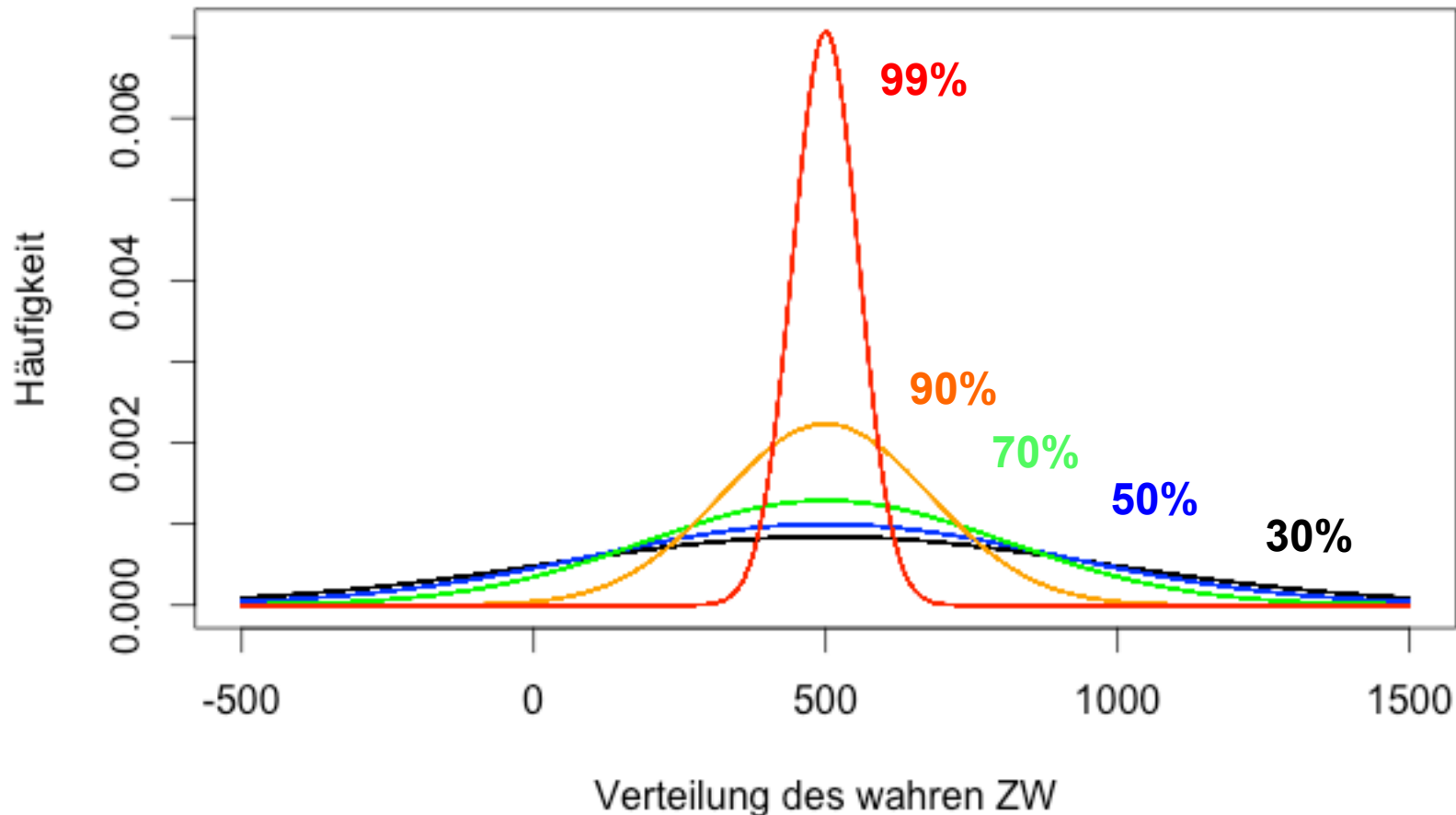
- Sicherheit GOZW von Jungstieren niedriger als von geprüften Stieren
- Risikomanagement beim Einsatz von genomischen Jungstieren
 - Höheres Zuchtwertniveau
 - Einsatz mehrerer Jungstiere am Betrieb



Verteilung wahre ZW bei einem geschätzten ZW von 500 kg Milch mit unterschiedlichen Sicherheiten

(wahre $s_a = 565$ kg Braunvieh)

$$s_{ZW|\hat{Z}W} = s_{ZW} \cdot \sqrt{1 - r_{ZW,\hat{Z}W}^2}$$

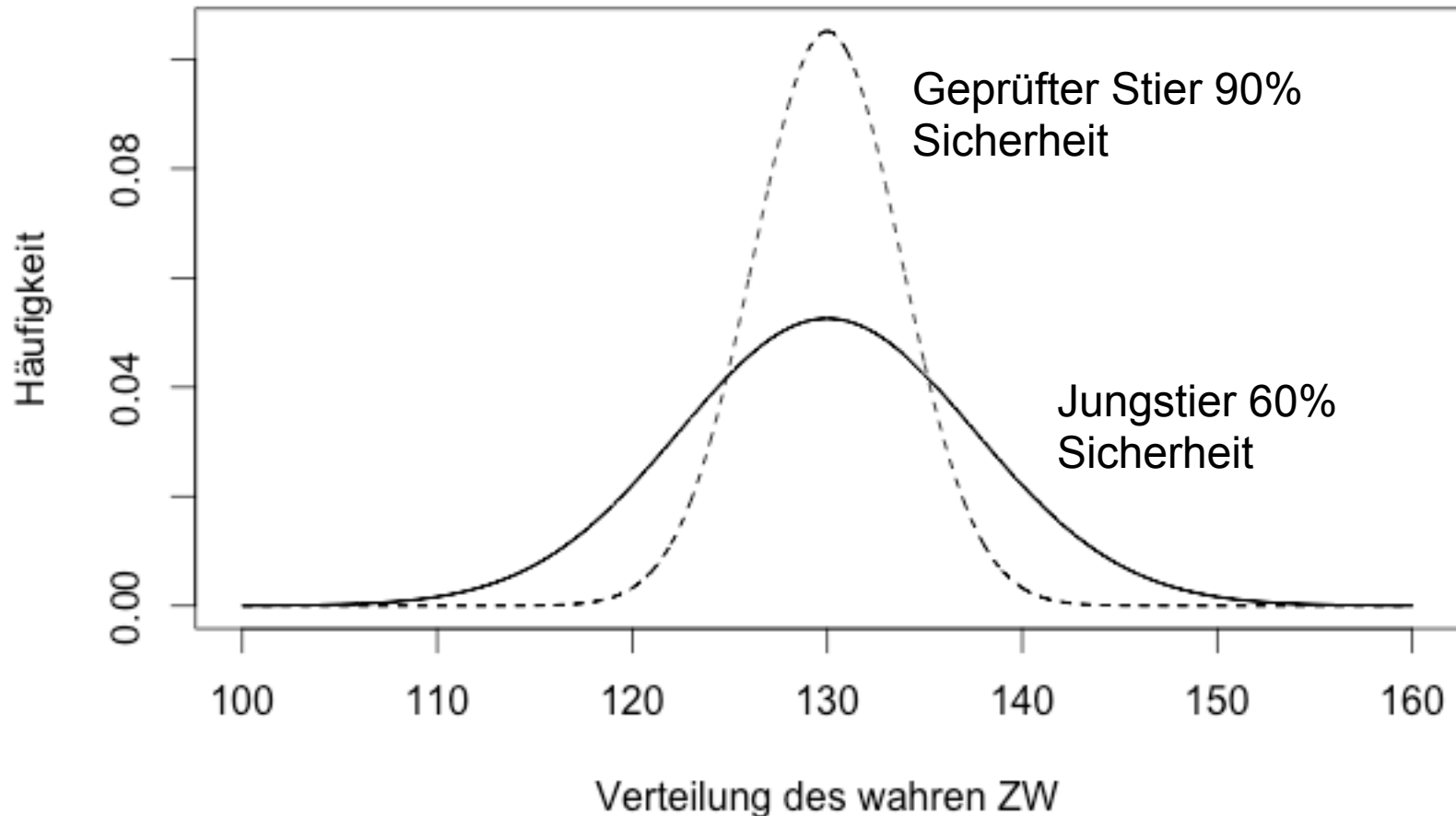


Verteilung wahre ZW bei einem geschätzten ZW von 500 kg Milch mit unterschiedlichen Sicherheiten (wahre $s_a = 565$ kg Braunvieh)

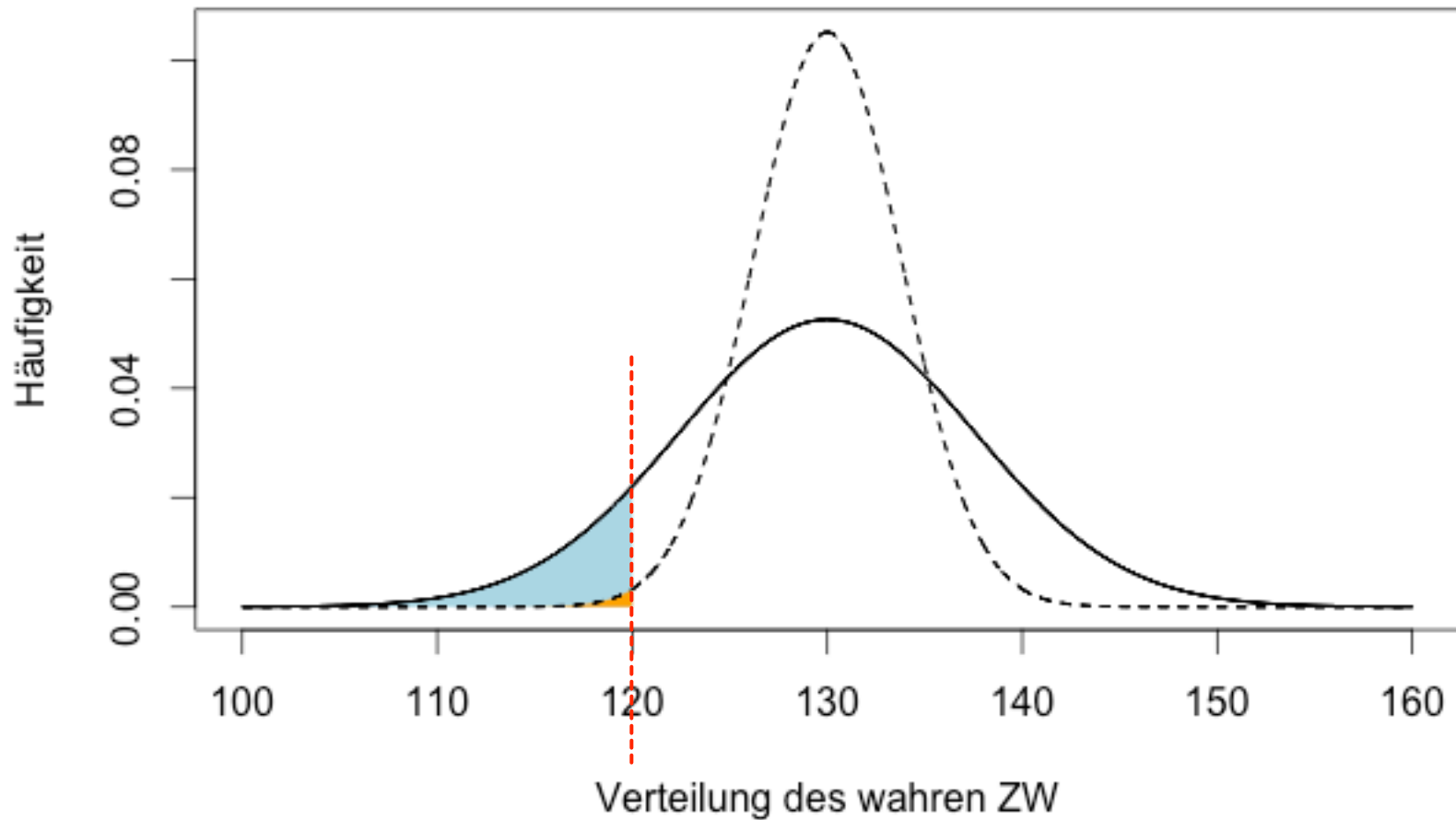
95%-Konfidenzintervall

Sicherheit	Untere Grenze	Obere Grenze
30%	-427	1427
50%	-283	1283
70%	-107	1107
90%	150	850
99%	389	611

Jungstier mit GOZW 130 und Sicherheit 60%
Geprüfter Stier mit ZW 130 und Sicherheit 90%



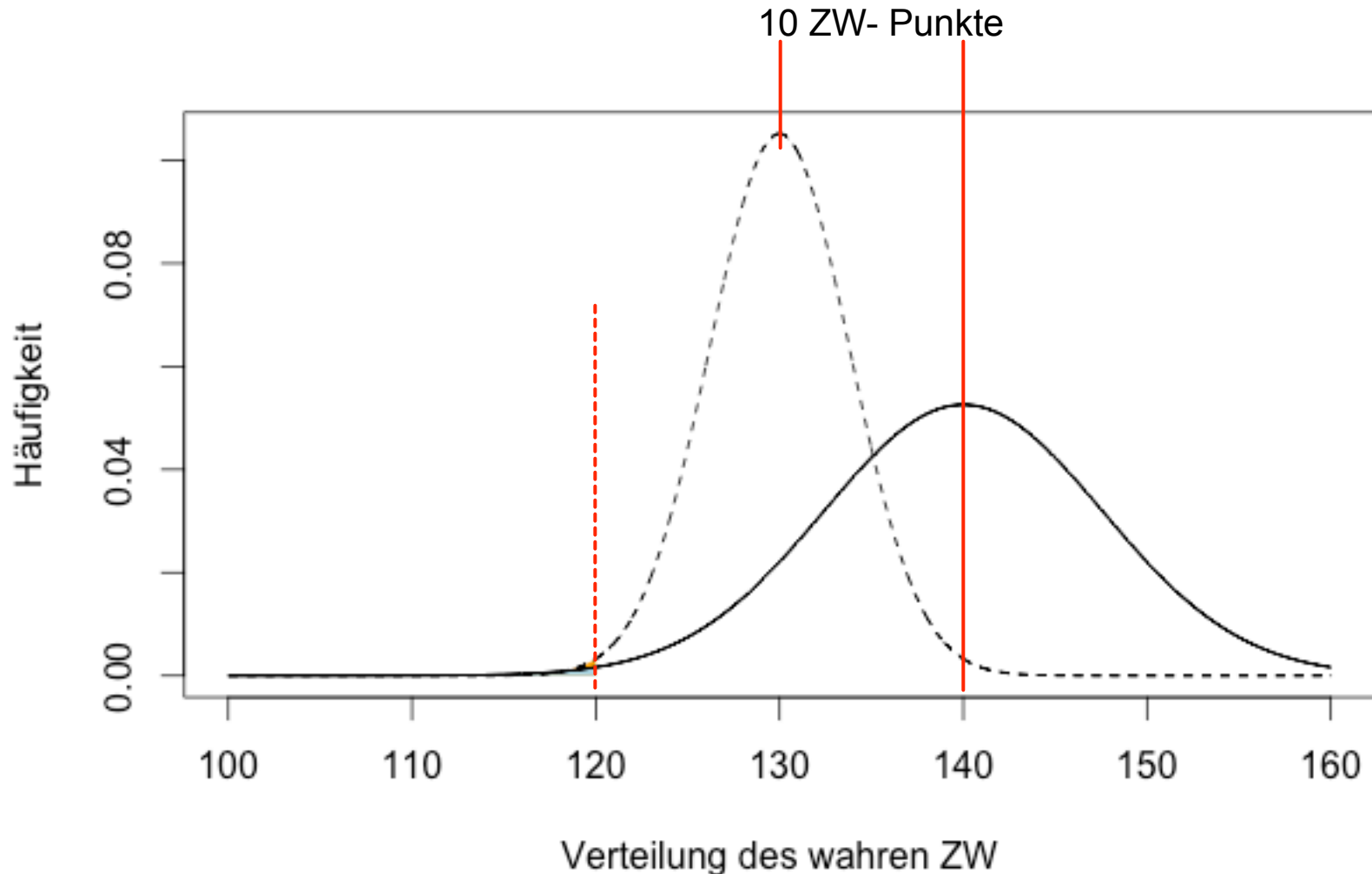
Wahrscheinlichkeit, dass wahre ZW ≤ 120 sind beim Jungstier 9% und 0.5% beim geprüften Stier



Höheres Zuchtwertniveau

Jungstier mit GOZW 140 und Sicherheit 60%

Wahrscheinlichkeit, dass wahre ZW ≤ 120 ist nun bei beiden Stieren 0.5%



Genomische Selektion im Zuchtprogramm

ORIGINAL ARTICLE

Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle

L.R. Schaeffer

Department of Anima

Canada

Summary

Animals can be genotyped for thousands of single nucleotide polymorphisms (SNPs) at one time, where the SNPs are located at roughly 1-cM intervals throughout the genome. For each contiguous pair of SNPs there are four possible haplotypes that could be inherited from the sire. The effects of each interval on a trait can be estimated for all intervals simultaneously in a model where interval effects are random factors. Given the estimated effects of each haplotype for every interval in the genome, and given an animal's genotype, a 'genomic' estimated breeding value is obtained by summing the estimated effects for that genotype. The accuracy of that estimator of breeding values is around 80%. Because the genomic estimated breeding values can be calculated at birth, and because it has a high accuracy, a strategy that utilizes these advantages was compared with a traditional progeny testing strategy under a typical Canadian-like dairy cattle situation. Costs of proving bulls were reduced by 92% and genetic change was increased by a factor of 2. Genome-wide selection may become a popular tool for genetic improvement in livestock.

Genomische Selektion im Zuchtprogramm

- **Zuchtfortschritt (ZF):**

$$ZF / \text{Jahr} = \frac{\sigma_a * i * r_{\hat{A}A}}{G}$$

- σ_a = additive genetische Standardabweichung
- i = Selektionsintensität
- $r_{\hat{A}A}$ = Sicherheit Zuchtwert (Korrelation zw. geschätztem und wahren Zuchtwert)
- G = Generationsintervall

Konventionelles Zuchtprogramm

↓
6 Jahre

Zeit (Monate)	Massnahme
0	Stiermutter wird besamt
9	Stierkalb geboren
27	Prüfbesamungen der jungen Stiere werden durchgeführt
36	Töchter der Prüfstiere werden geboren
54	Töchter der Prüfstiere werden besamt
63	Töchter kalben ab und beginnen 1. Laktation
68	Erste Milchzuchtwerte aus Testtagsmodell vorhanden
73	Töchter schliessen 1. Laktation ab Stierenklassierung

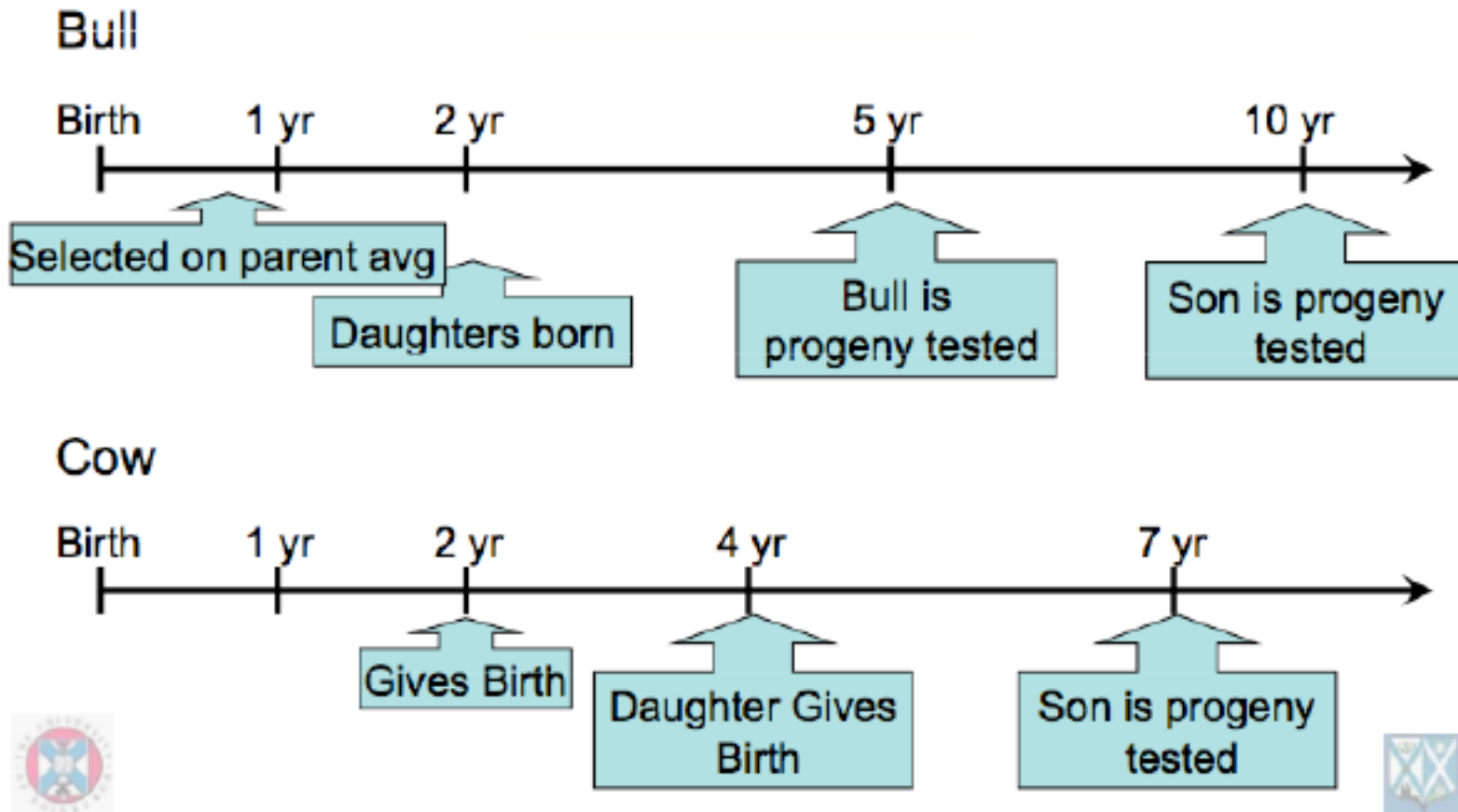
Leben



Tod



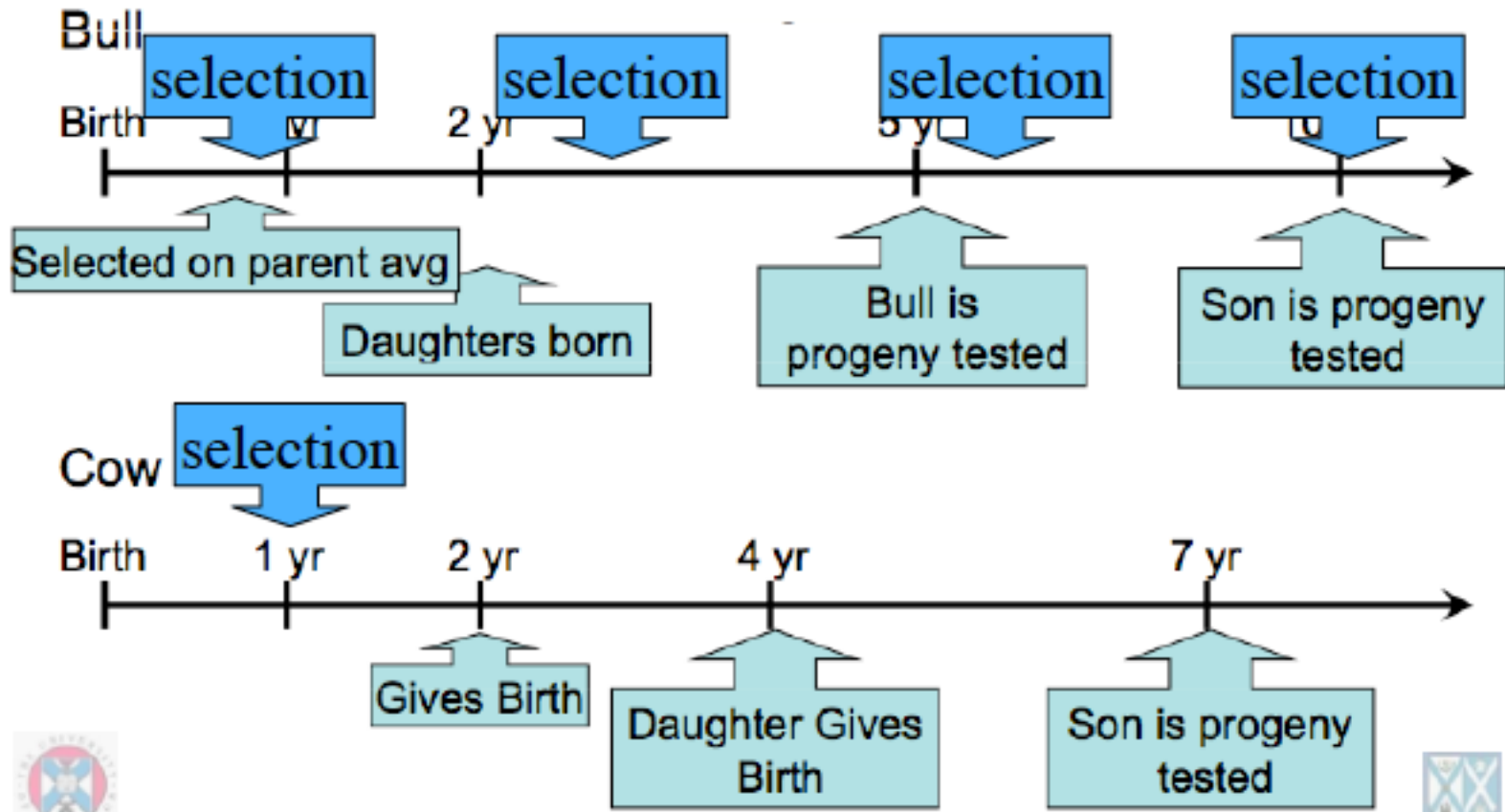
Konventionelles Zuchtprogramm



Daetwyler (2008)

Genomisches Zuchtprogramm

$$ZF / \text{Jahr} = \frac{\sigma_a * i * r_{A\hat{A}}}{G}$$



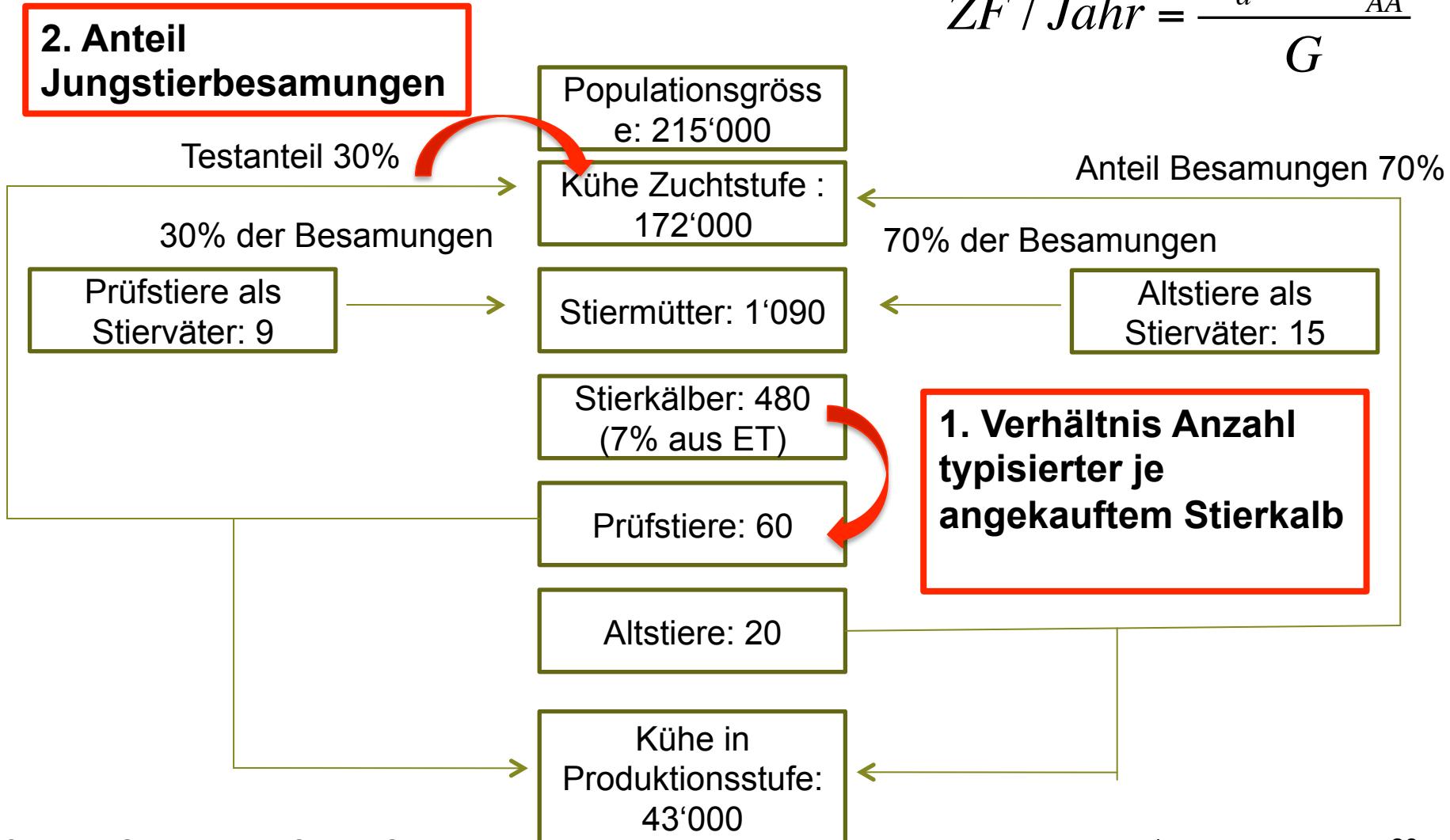
Daetwyler (2008)

Zuchtprogramm Braunvieh Schweiz

Masterarbeit Sabrina Bütler, 2014

$$ZF / Jahr = \frac{\sigma_a * i * r_{AA}}{G}$$

2. Anteil Jungstierbesamungen

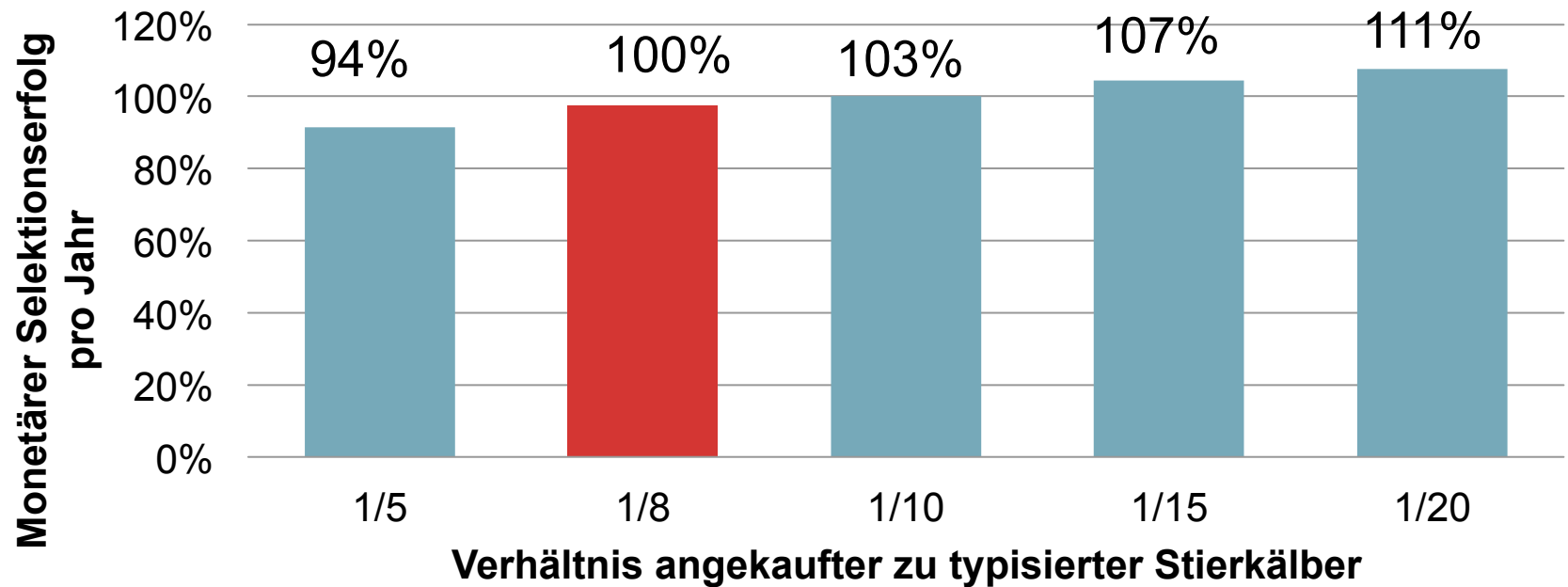


1. Verhältnis Anzahl typisierter je angekauftem Stierkalb

Zuchtprogramm Braunvieh Schweiz

Masterarbeit Sabrina Bütler, 2014

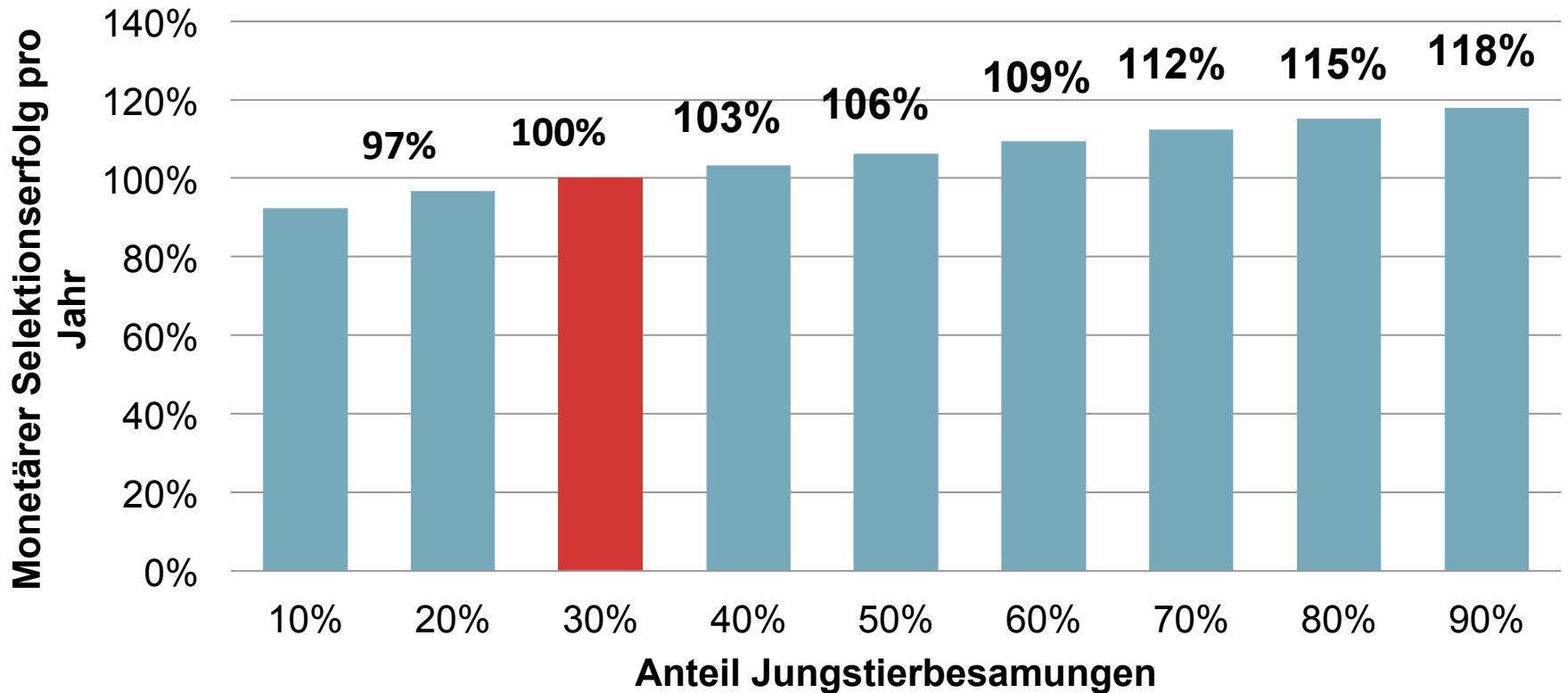
$$ZF / \text{Jahr} = \frac{\sigma_a * i * r_{AA}}{G}$$



Zuchtprogramm Braunvieh Schweiz

Masterarbeit Sabrina Bütler, 2014

$$ZF / \text{Jahr} = \frac{\sigma_a * i * r_{AA}}{G}$$



Zuchtprogramm Braunvieh Schweiz

Masterarbeit Sabrina Bütler, 2014

$$ZF / \text{Jahr} = \frac{\sigma_a * i * r_{AA}}{G}$$

