



SNP-Daten für die genetische Charakterisierung von Rinderrassen



C. Flury, M. Tapio, B. Bapst,
C. Drögemüller, T. Leeb, H. Simianer
und S. Rieder

SVT-Frühjahrstagung
29. März 2011



Ziele

Vergleich von zwei lokalen, afrikanischen Rassen und zwei lokalen Rassen der Schweiz...

- Entwicklung des Linkage Disequilibriums
- Aktuelle und historische effektive Populationsgrösse
- Genomische Verwandtschaft

... unter Verwendung der autosomalen SNPs auf dem 50k-Illumina-Beadchip bzw. auf dem 3k-Illumina-Beadchip.



Rassen & SNPs

Rasse	Samples	Jahr	Land	Pedigree?
Sheko (SHK)	51	1995 2000	Äthiopien	-
N'Dama (NDA)	37	2005	Guinea	-
Eringer (ERI)	128	1998-2003	Schweiz	Ja
Original Braunvieh (OB)	113	1972-2002 2006	Schweiz	Ja



Rassen & SNPs

Nach dem Filtern...

50k	SNP %	spacing (kb)	r ²	obs het
SHK	52	90	0.17	0.38
NDA	45	106	0.27	0.39
ERI	63	75	0.24	0.40
OB	66	76	0.23	0.40



Rassen & SNPs

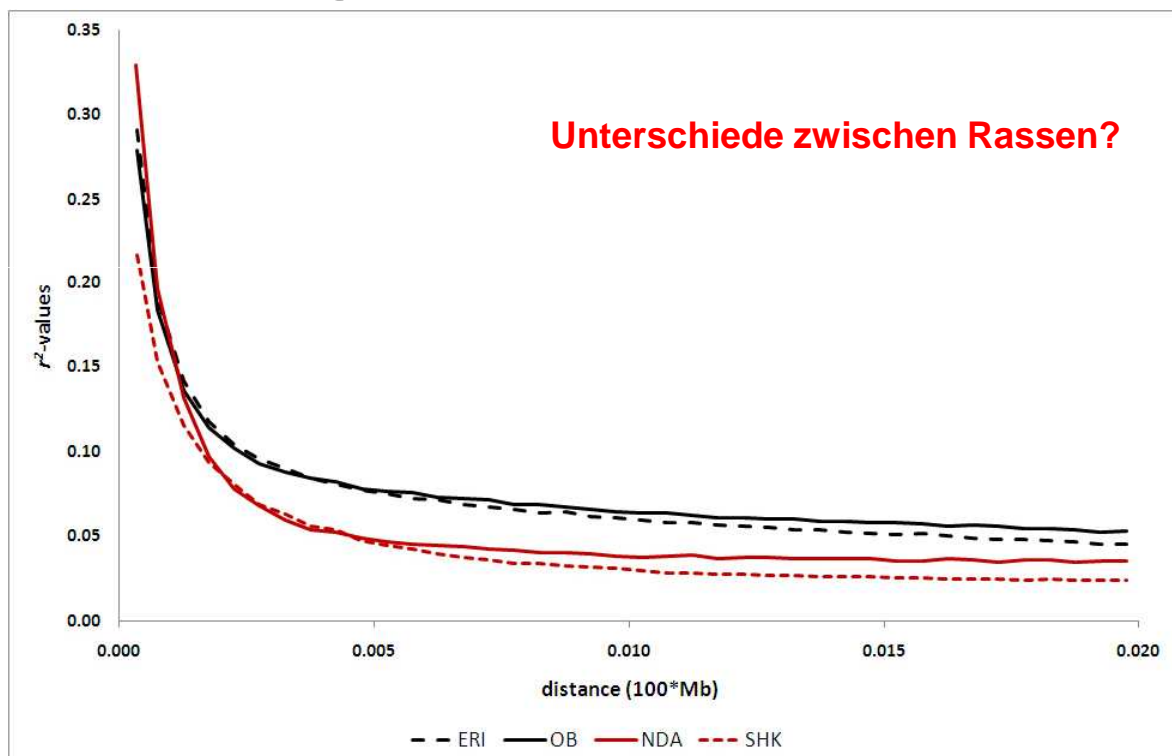
Nach dem Filtern...

50k	SNP %	spacing (kb)	r ²	obs het	3k	SNP %	spacing (kb)	r ²	obs het
SHK	52	90	0.17	0.38	SHK	88	1'049	0.03	0.41
NDA	45	106	0.27	0.39	NDA	79	1'165	0.04	0.40
ERI	63	75	0.24	0.40	ERI	92	1'006	0.06	0.43
OB	66	76	0.23	0.40	OB	93	1'009	0.06	0.44

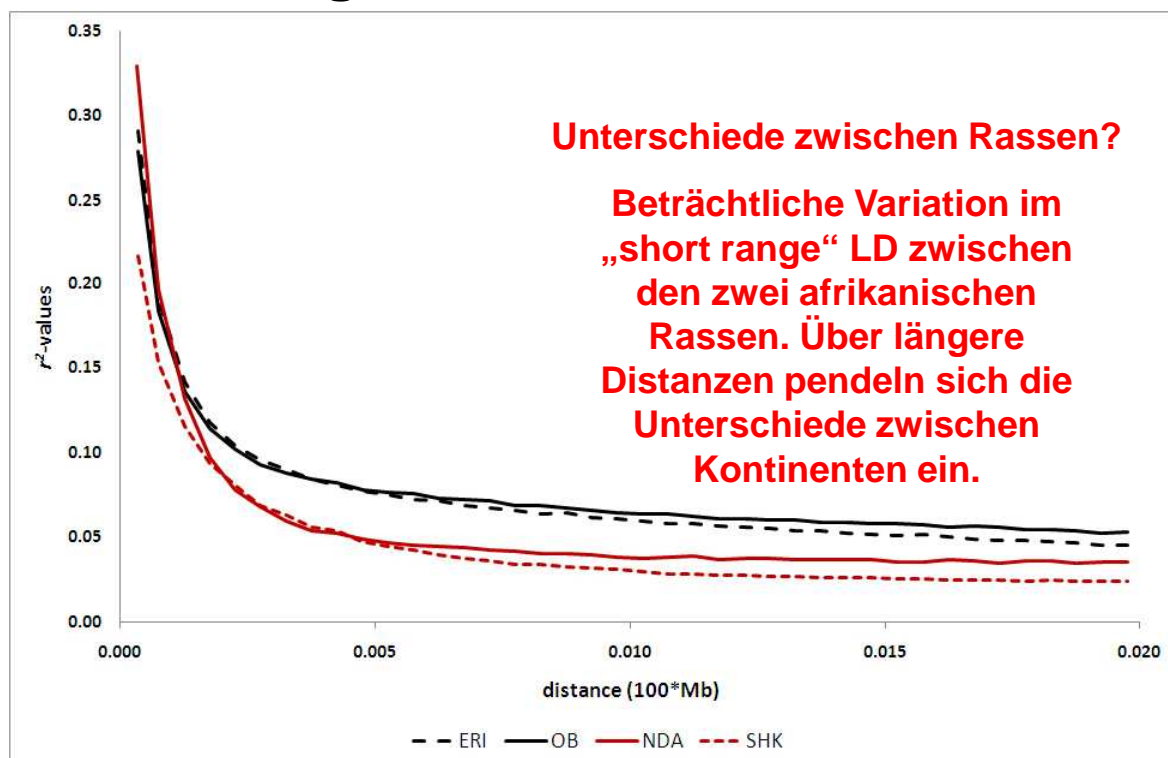


50k

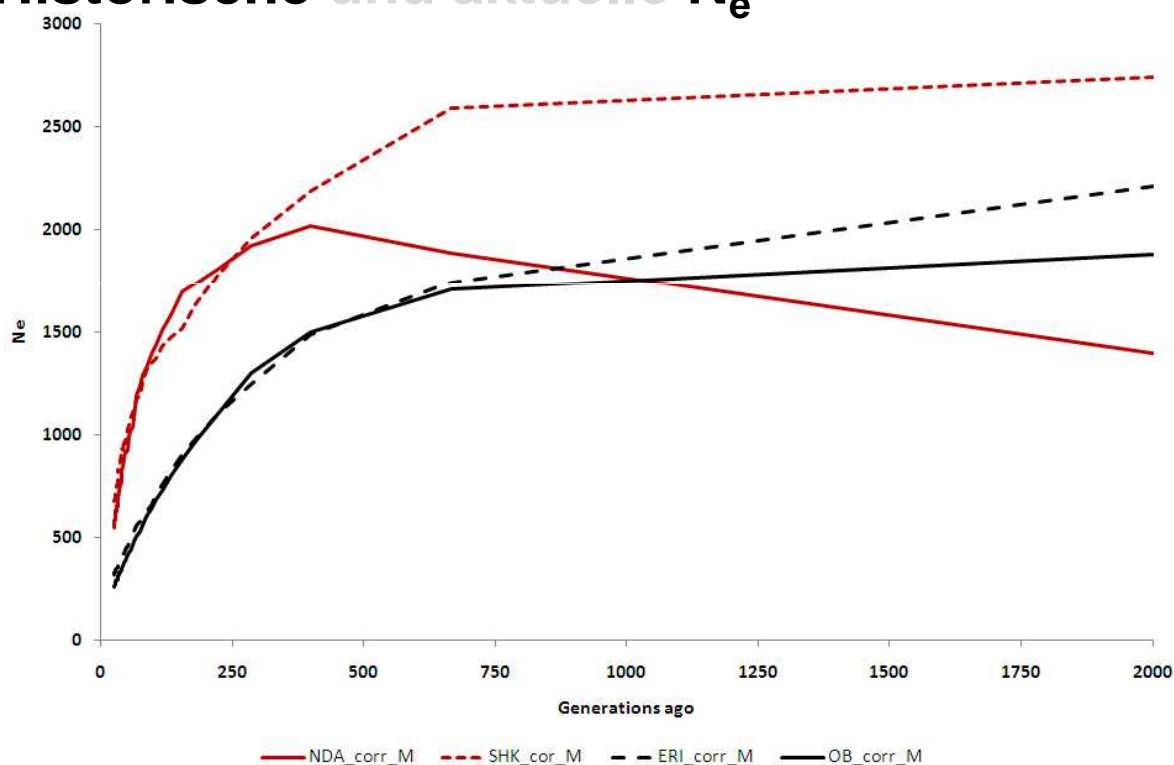
Entwicklung LD



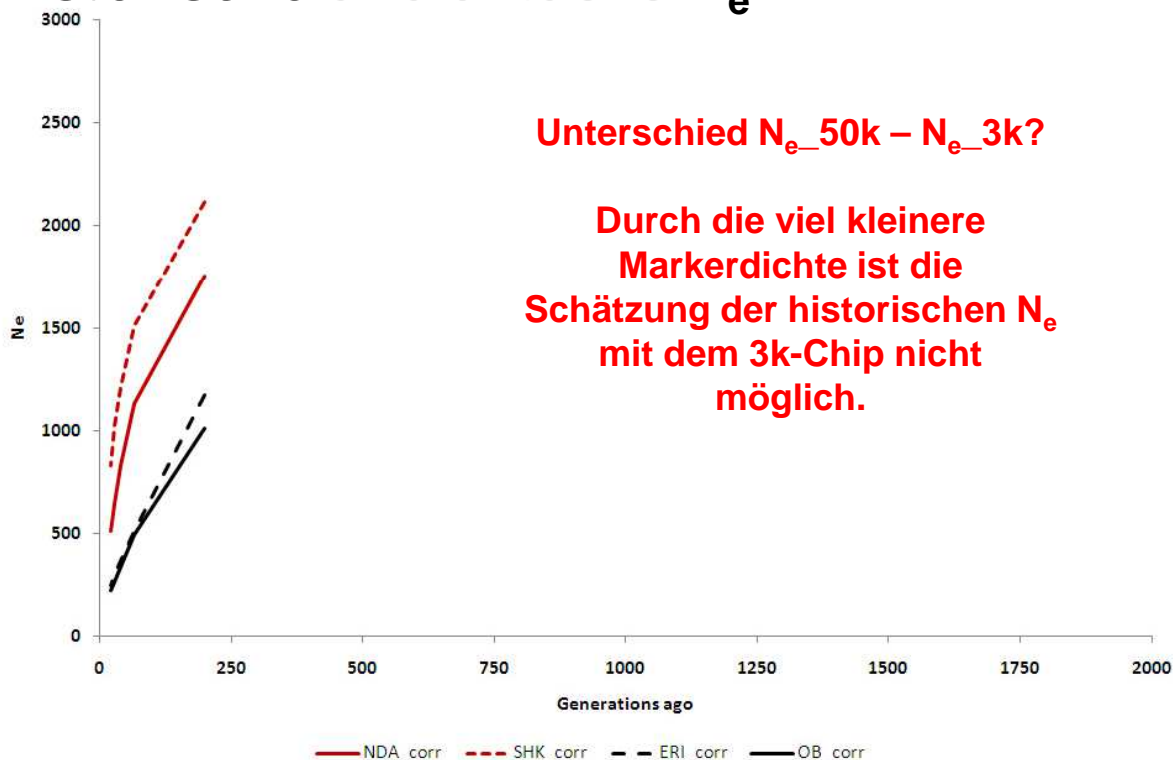
Entwicklung LD



Historische und aktuelle N_e



Historische und aktuelle N_e



Historische und aktuelle N_e

Vergleich mit $N_{e_pedigree}$?

		recent N_e (generations ago)			
Breed	Method	1.00	2.00	3.34	5.01
NDA	approx_corr	29	59	97	137
	Morgan_corr	27	57	90	132
	approx_no_corr	16	32	53	77
	Morgan_no_corr	16	32	52	76
SHK	approx_corr	41	82	134	202
	Morgan_corr	41	82	137	204
	approx_no_corr	22	45	74	111
	Morgan_no_corr	22	45	75	112
ERI	approx_corr	92	134	157	171
	Morgan_corr	92	147	169	187
	approx_no_corr	53	88	114	134
	Morgan_no_corr	53	93	120	144
OB	approx_corr	50	72	89	104
	Morgan_corr	54	78	90	105
	approx_no_corr	34	54	71	87
	Morgan_no_corr	36	55	71	86

N_{e_pedi}
110 - 321

N_{e_pedi}
94 - 310



3k 50k

Historische und aktuelle N_e

Unterschied $N_{e_50k} - N_{e_3k}$?

Breed	Method	recent N_e (generations ago)			
		1.00	2.00	3.34	5.01
NDA	approx_corr				
	approx_no_corr				
SHK	approx_corr				
	approx_no_corr				
ERI	approx_corr				
	approx_no_corr				
OB	approx_corr				
	approx_no_corr				



3k 50k

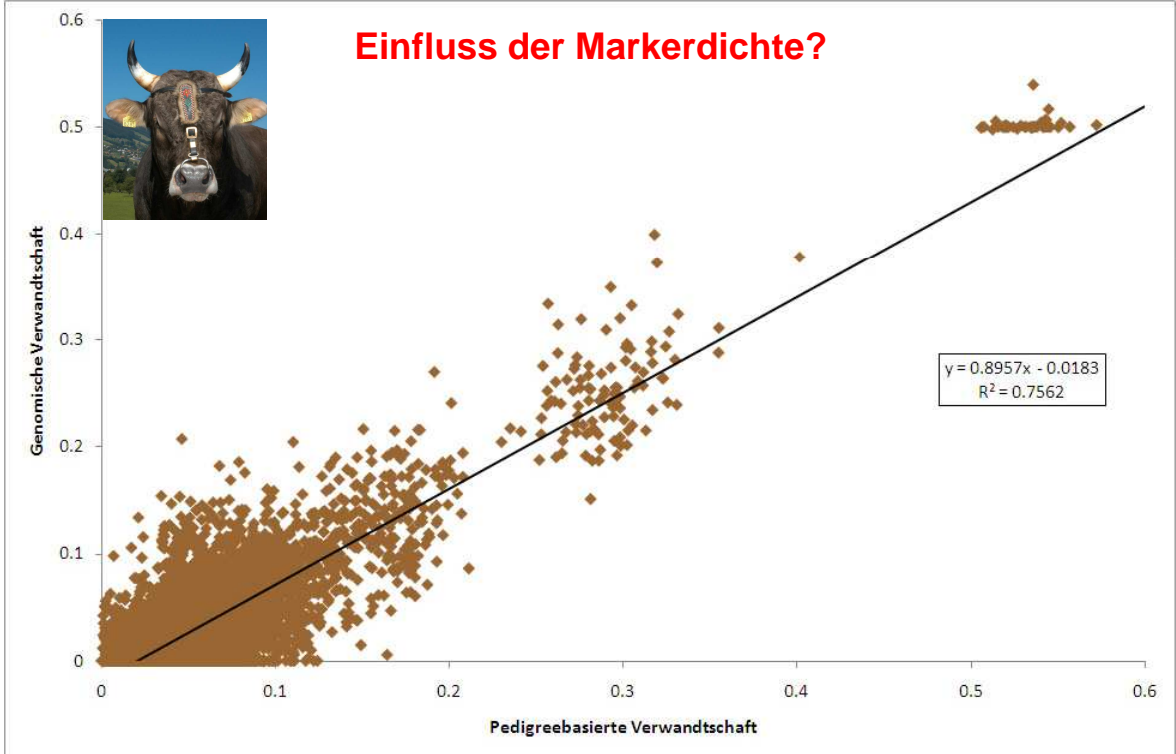
Historische und aktuelle N_e

Unterschied $N_{e_50k} - N_{e_3k}$?

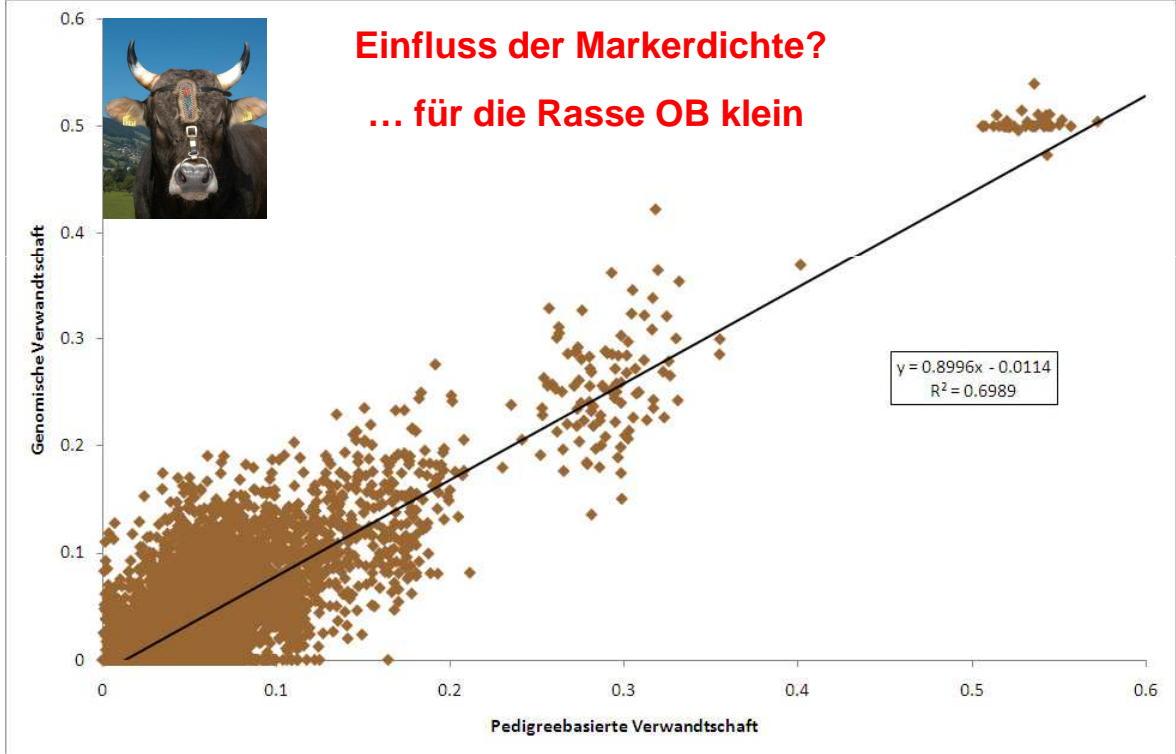
... klein; 0 -12 für die aktuelle N_e

	Method	recent N_e (generations ago)			
		1.00	2.00	3.34	5.01
SHK	approx_corr	-3	0	-3	-6
	approx_no_corr	-1	0	-1	-2
ERI	approx_corr	7	-7	-3	-12
	approx_no_corr	2	-2	-1	-7
OB	approx_corr	5	-2	-1	-2
	approx_no_corr	2	-1	-1	-2

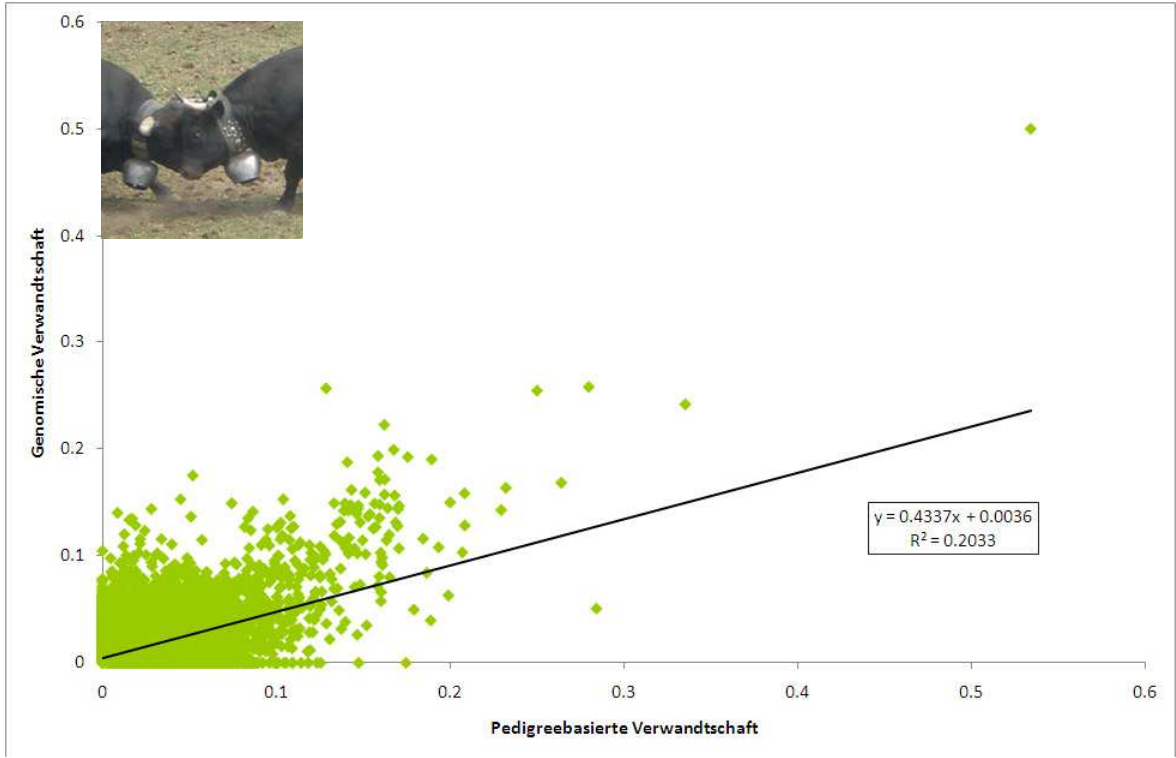
Genomische Verwandtschaft



Genomische Verwandtschaft



Genomische Verwandtschaft



Genomische Verwandtschaft

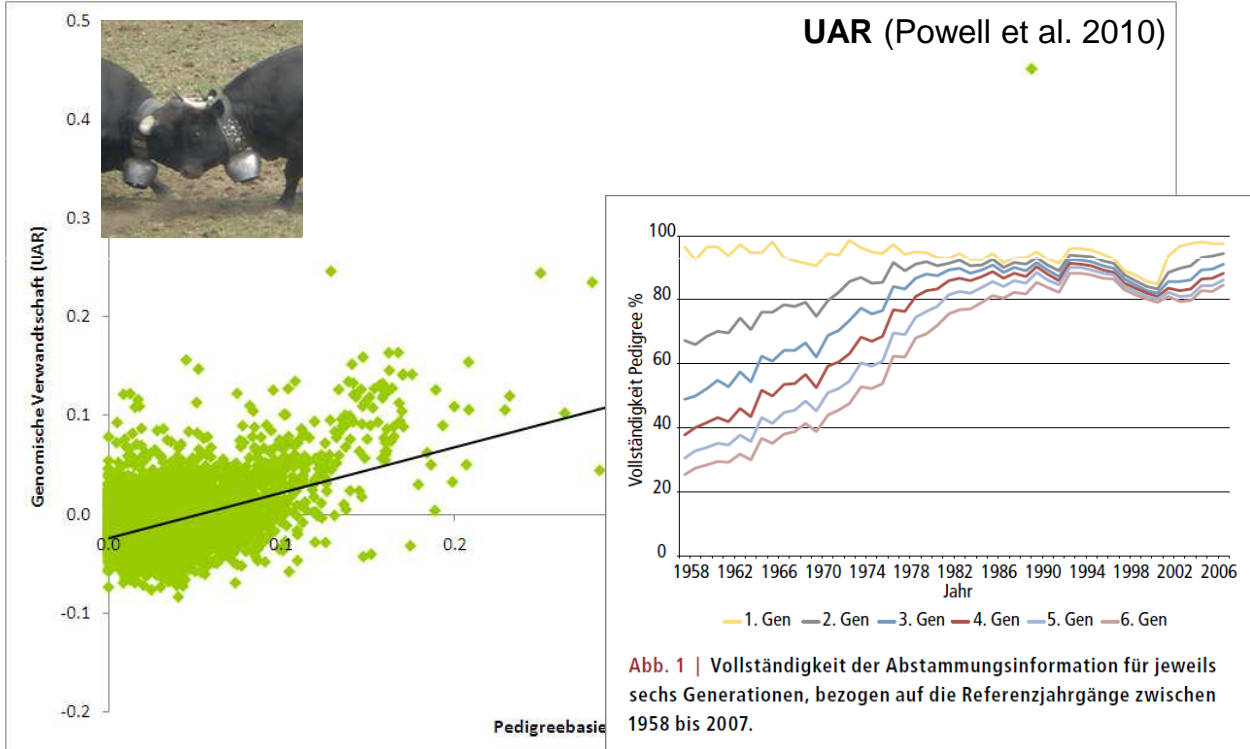
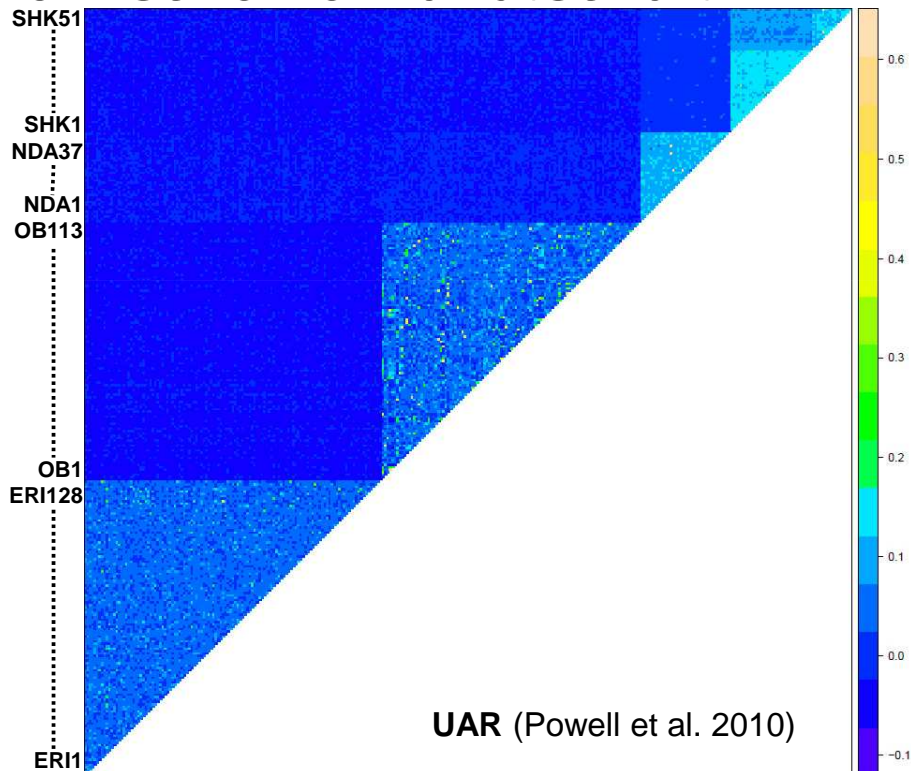


Abb. 1 | Vollständigkeit der Abstammungsinformation für jeweils sechs Generationen, bezogen auf die Referenzjahrgänge zwischen 1958 bis 2007.

Genomische Verwandtschaft



Schlussfolgerungen

Entwicklung des LDs? Über kurze Distanzen
Unterschiede zwischen Rassen. Diese pendeln sich
mit zunehmender Distanz ein.

Aktuelle N_e ? Für CH-Rassen stimmt das Ergebnis
ungefähr mit den Erwartungen überein. Jedoch
nicht für die Afrikanischen Rassen: Validierung
dieser Ergebnisse?

Unterschiede N_{e_50k} and N_{e_3k} ? Die Herleitung der
historischen N_e setzt gewisse Markerdichte voraus.
Für Schätzung der aktuellen N_e erscheint die Dichte
des 3k-chip ausreichend.

Schlussfolgerungen

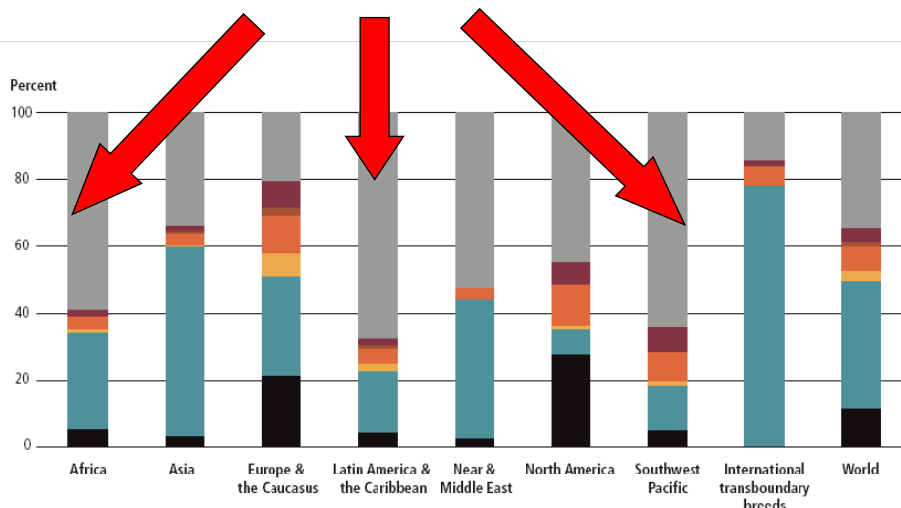
Genomische Verwandtschaft? Regression abhängig von der Belegung der verschiedenen Verwandtschaftsstufen und der Pedigreequalität.

UAR oder plink_ibd? Für „normal verwandte“ Populationen funktioniert Schätzung der Verwandtschaft mit plink gut; für extensive / grosse Populationen Schätzung der Verwandtschaft eher mit UAR.

Genomische Verwandtschaftsmatrix? Für Konservierungsaktivitäten in Ländern und bei Rassen ohne jegliche Information sicher hilfreich.

Schlussfolgerungen

Für Länder in welchen die Herleitung des Gefährdungsstatus schwierig ist, erscheint genomische Information viel versprechend...



FAO, 2007

Aber: wie wird die Stichprobe gezogen und wer bezahlt die Typisierungskosten?



Danke!

