



Fotos: M. Rindlisbacher

Genetische Analyse des Freiburger-Pferdes mit genomweiten SNP-Daten

H. Hasler¹, C. Flury¹, B. Haase², D. Burger³, C.Stricker⁴, H. Simianer⁵, T. Leeb², S. Rieder¹

¹Berner Fachhochschule, Schweizerische Hochschule für Landwirtschaft, Zollikofen

²Institut für Genetik, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern

³Haras National Suisse, Avenches

⁴agn Genetics GmbH, Davos

⁵Abteilung Tierzucht und Haustiergenetik, Georg-August-Universität, Göttingen, Deutschland

SVT-Tagung, 29. März 2011

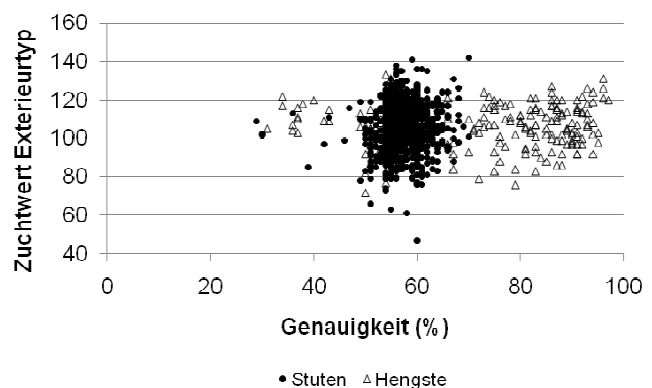


Material und Auswahl der Pferde

- Auswahl von ~1'100 Pferden:
 - Anzahl Nachkommen
 - Zuchtwert
 - Genauigkeit Zuchtwert

| Eltern 1998 - 2008 | |
|--------------------|--------|
| Hengste | Stuten |
| 328 | 8'980 |

→ 214 Hengste & 886 Stuten





Material und Auswahl der Pferde

- Blutproben von ~ 1'149 Freiberger (FM) Pferden und Genotypisierung mit dem Illumina Equine SNP50k Bead Chip
- 54'602 Genotypen je Tier

- Daten zu rund 70 Phänotypen:
 - 43 Merkmale aus dem Zuchtprogramm
 - ~ 30 Merkmale (z.B. Gesundheitsmerkmale, Fellfarbe)



| | |
|----------------------------|----|
| Exterieur | 28 |
| Leistung (Reiten & Fahren) | 12 |
| Weisse Abzeichen | 3 |



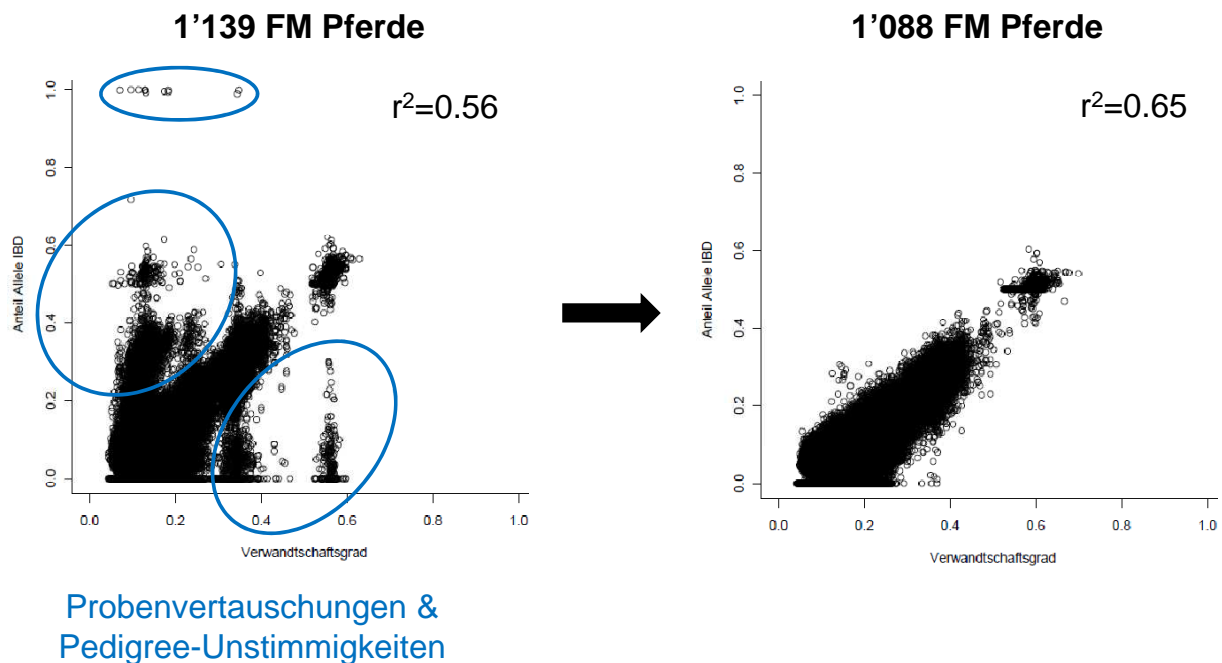
Filterprozess unter Verwendung der Software PLINK (v1.07)

- MAF: --maf 0.05
- Call rate (je Marker & je Tier): --geno 0.1 & --mind 0.1

→40'205 Marker & 1'139 Tiere verbleiben

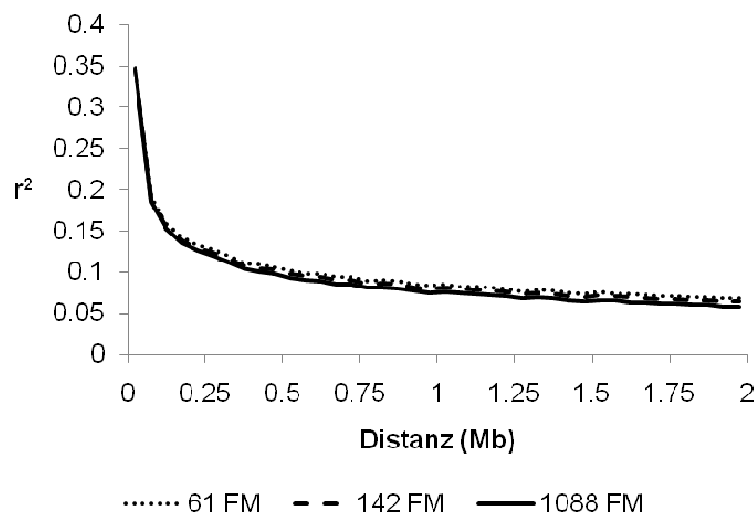
- --genome: Verwandtschaft basierend auf dem Anteil Allele IBD

Vergleich pedigree-basierter und genomischer Information



Kopplungsphasenungleichgewicht (linkage disequilibrium, LD)

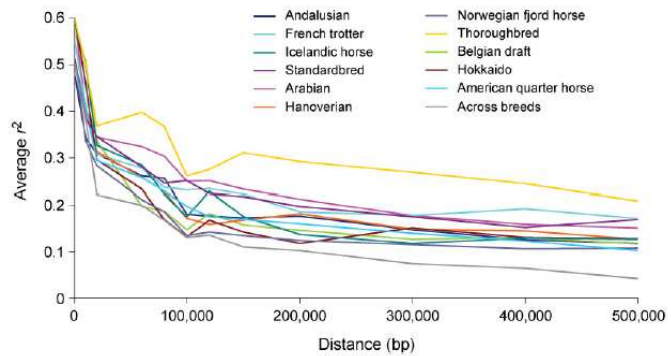
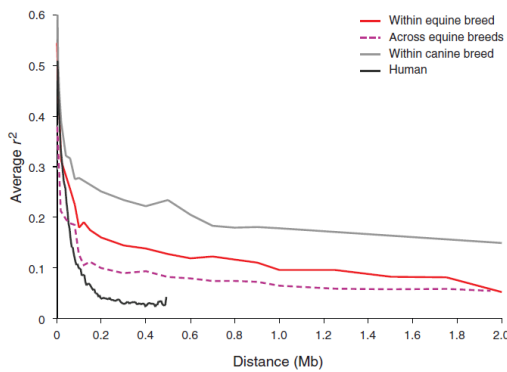
- LD fällt mit zunehmender Distanz ab
- Der stärkste Abfall konnte beim Freiburger in den ersten 0.1Mb beobachtet werden: $r^2=0.35$ (0-0.05Mb), $r^2=0.19$ (0.05-0.1Mb).





Kopplungsphasenungleichgewicht (LD)

- Das LD für kurze Distanzen war beim FM höher als das LD beim Menschen, aber tiefer als beim Hund oder dem Vollblut.



Wade et al. (2009)



Effektive Populationsgrösse N_e

- Schätzung der N_e basierend auf LD

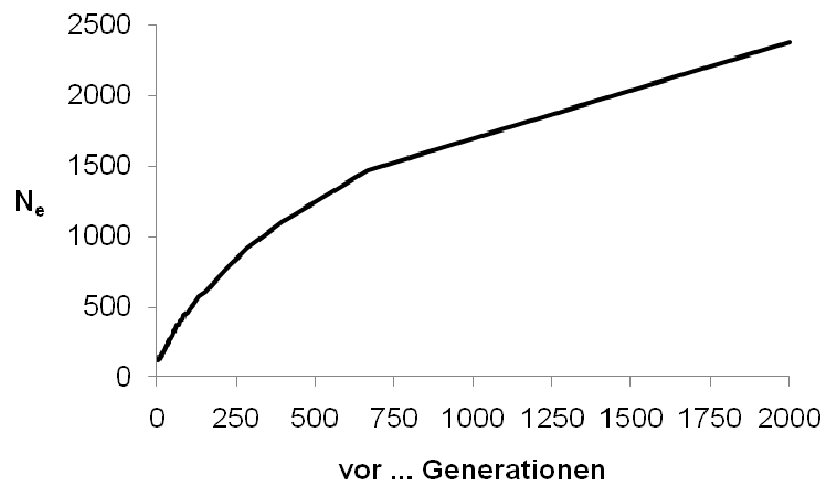
- Nach Weir & Hill (1980):

$$E(r^2) = \frac{1}{(1 + 4N_e c)} + \frac{1}{n}$$



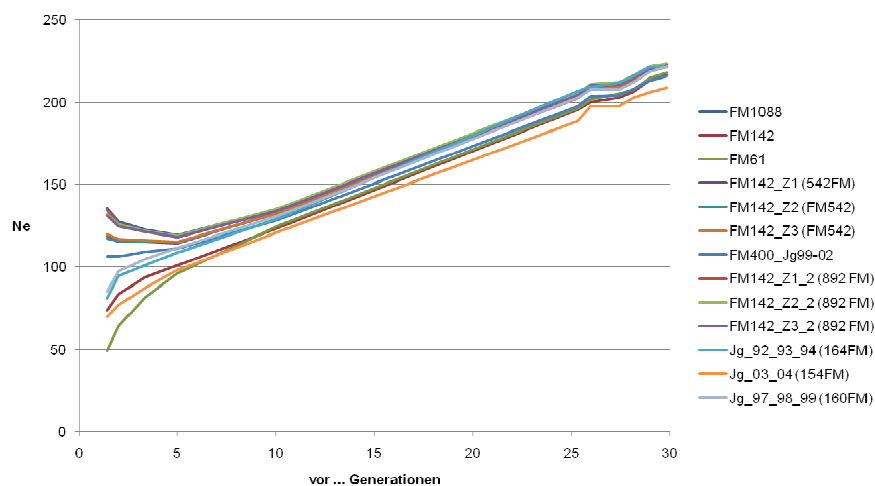
Effektive Populationsgrösse N_e

- Über die letzten 2'000 Generationen zeigte die N_e basierend auf SNP-Daten einen abnehmenden Trend.



Effektive Populationsgrösse N_e

- Gegenwärtige N_e basierend auf SNP-Daten: 50 - 135, in Abhängigkeit der Stichprobengrösse

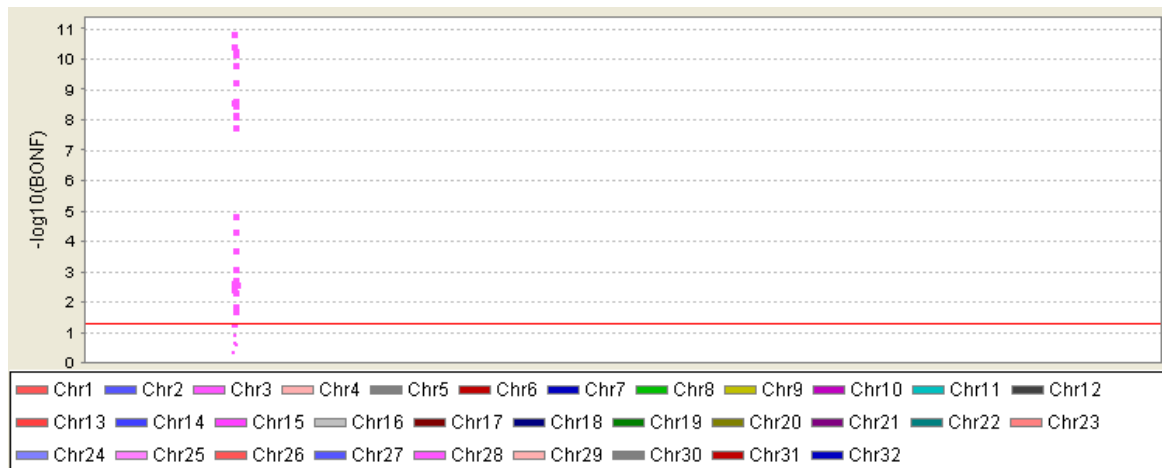


- Gegenwärtige N_e basierend auf Pedigree-Daten: 80 - 100



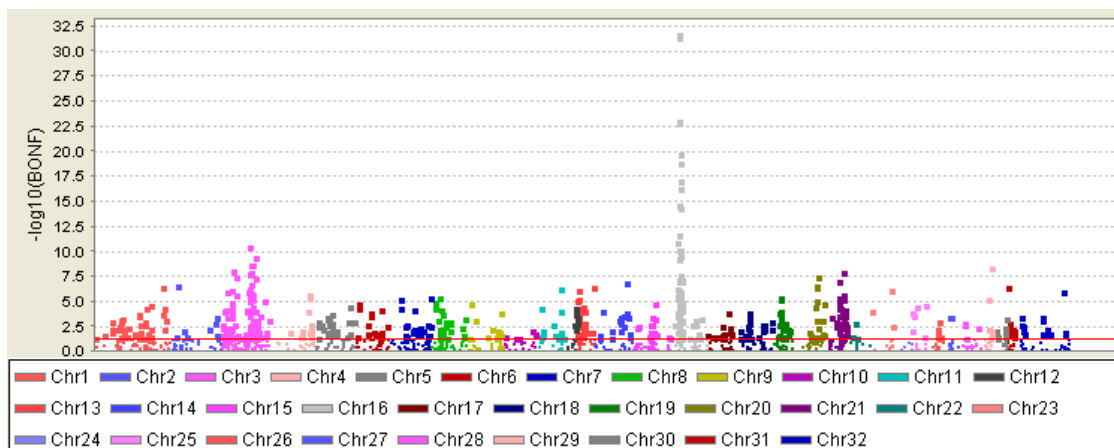
Kartierung verschiedener Merkmale (1)

- 549 FM: 216 Füchse & 333 Braune
- Fall-Kontroll-Studie (case-control-design)
- Unter Berücksichtigung von Stratifikation / Verzerrung



Kartierung verschiedener Merkmale (2)

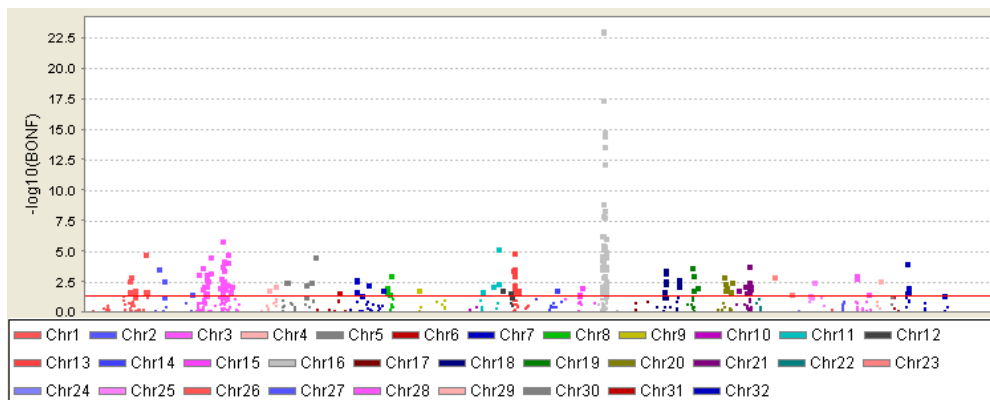
- Kartierung der Weissen Abzeichen Kopf
- Deregessierte Zuchtwerte (Garrick et al. 2009) für Weisse Abzeichen Kopf:
 - 1'067 FM
 - Quantitative Assoziationsanalyse





Kartierung verschiedener Merkmale (3)

- Kartierung der Weissen Abzeichen Kopf
- Deregressierte Zuchtwerte (Garrick et al. 2009) für Weisse Abzeichen Kopf:
 - Fall-Kontroll-Studie:
 - die 20% Pferde mit den wenigsten (213) vs. die 20% Pferde mit den meisten (213) Weissen Abzeichen Kopf



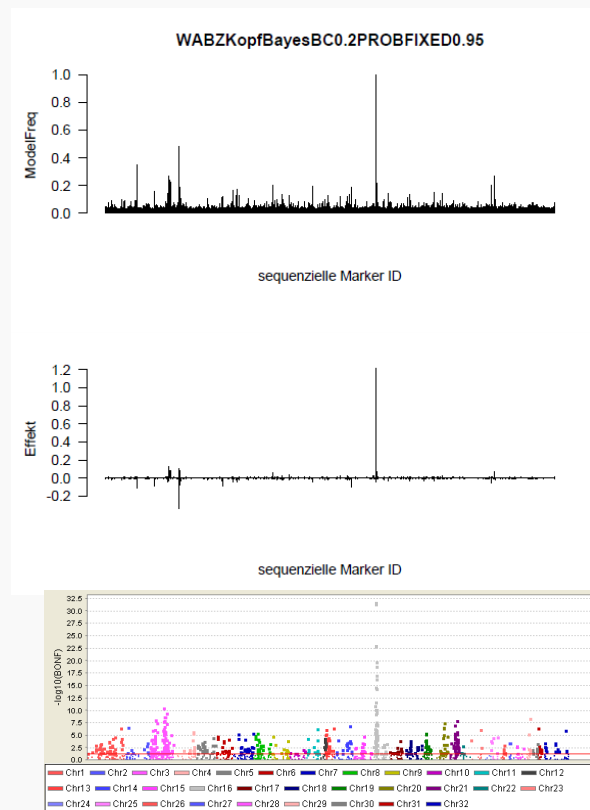
Laufende Arbeiten (1)

- Genomische Zuchtwertschätzung für ausgewählte Merkmale (Stockmass, Exterieurtyp und Weisse Abzeichen Kopf) mit GenSel:
 - Schätzen von Alleleffekten basierend auf deregressierten Zuchtwerten (Garrick et al. 2009) unter Verwendung verschiedener Bayes-Ansätze sind in Arbeit
 - Trainingsdaten-Set bestehend aus den 90% ältesten Pferden
 - Validierungsdaten-Set bestehend aus den 10% jüngsten Pferden



Laufende Arbeiten (2)

- Beispiel: Vergleich Kartierungsergebnis mit Allel-Effekt-Schätzung für das Merkmal Weisse Abzeichen Kopf



Laufende Arbeiten (3)

- Auswahl erster Ergebnisse zur genomischen Zuchtwertschätzung:

| | Stockmass ($h^2=0.72$) | | Exterieurtyp ($h^2=0.27$) | | WABZKopf ($h^2=0.69$) | |
|-----------|--------------------------|-----------------|-----------------------------|-----------------|-------------------------|-----------------|
| | BayesBC0.2 | BayesBC0.2 | BayesBC0.2 | BayesBC0.2 | BayesBC0.2 | BayesBC0.2 |
| PROBFIXED | corr(ghat,y_dereg) | corr(ghat,y_ZP) | corr(ghat,y_dereg) | corr(ghat,y_ZP) | corr(ghat,y_dereg) | corr(ghat,y_ZP) |
| 0.5 | 0.5357 | 0.5992 | 0.1497 | 0.5048 | 0.5705 | 0.7415 |
| 0.95 | 0.5478 | 0.5976 | 0.1185 | 0.4555 | 0.5704 | 0.7405 |
| 0.99 | 0.5486 | 0.5886 | 0.1012 | 0.4243 | 0.5687 | 0.7349 |

- Bestimmtheitsmasse für die aktuell besten Beziehungen nach Korrektur (Hayes et al. 2009):

Stockmass: 0.45

Exterieurtyp: 0.47

Weisse Abzeichen Kopf: 0.88

Ausblick

- Auswertung weiterer Merkmale
- Vergleich der Ergebnisse über die verschiedenen Methoden hinweg
- Auffinden neuer QTL's beim Pferd
- Genetische Diversität und genomische Selektion
→ Auswirkungen auf eine kleine lokale Population



Herzlichen Dank für die Zusammenarbeit ...

- **Institut für Genetik, Universität Bern**
- **Gruppe Tiergenetik und Pferdewissenschaften, SHL, Zollikofen**
- **Abteilung Tierzucht und Haustiergenetik, Georg-August-Universität, Göttingen**
- **Schweizerisches Nationalgestüt, Avenches**
- **Schweizerischer Freibergerzuchtverband, Avenches**
- **Arbeitsgemeinschaft Schweizer Rinderzüchter, Zollikofen**
- **agn Genetics GmbH, Davos**
- **... und die Finanzierung:**





**Herzlichen Dank
für die Aufmerksamkeit!**