Genomische Zuchtwertschätzung: Wer macht was?

C. Stricker

stricker@genetics-network.ch
agn Genetics GmbH, Davos

Ablauf

- Einleitung, Was ist genomische ZWS, Christian Stricker, agn Genetics GmbH
- Modellierung von Haplotypen, Christian Stricker, agn Genetics GmbH
- Aktuelle Arbeiten zur genomischen Selektion bei Qualitas. Birgit Gredler, Qualitas AG, Zug
- Projektstand genomische ZWS beim Schwein. Andreas Hofer, SUISAG, Sempach
- Genomweite Assoziationsstudien in verschiedenen Rassen/Spezies. Christine Flury, HAFL, Zollikofen

Ablauf

- Einleitung, Was ist genomische ZWS, Christian Stricker, agn Genetics GmbH
- Modellierung von Haplotypen, Christian Stricker, agn Genetics GmbH
- Aktuelle Arbeiten zur genomischen Selektion bei Qualitas. Birgit Gredler, Qualitas AG, Zug
- Projektstand genomische ZWS beim Schwein. Andreas Hofer, SUISAG, Sempach
- Genomweite Assoziationsstudien in verschiedenen Rassen/Spezies. Christine Flury, HAFL, Zollikofen

Ablauf

- Einleitung, Was ist genomische ZWS, Christian Stricker, agn Genetics GmbH
- Modellierung von Haplotypen, Christian Stricker, agn Genetics GmbH
- Aktuelle Arbeiten zur genomischen Selektion bei Qualitas. Birgit Gredler, Qualitas AG, Zug
- Projektstand genomische ZWS beim Schwein. Andreas Hofer, SUISAG, Sempach
- Genomweite Assoziationsstudien in verschiedenen Rassen/Spezies. Christine Flury, HAFL, Zollikofen

Ablauf

- Einleitung, Was ist genomische ZWS, Christian Stricker, agn Genetics GmbH
- Modellierung von Haplotypen, Christian Stricker, agn Genetics GmbH
- Aktuelle Arbeiten zur genomischen Selektion bei Qualitas. Birgit Gredler, Qualitas AG, Zug
- Projektstand genomische ZWS beim Schwein. Andreas Hofer, SUISAG, Sempach
- Genomweite Assoziationsstudien in verschiedenen Rassen/Spezies. Christine Flury, HAFL, Zollikofen

Ablauf

- Einleitung, Was ist genomische ZWS, Christian Stricker, agn Genetics GmbH
- Modellierung von Haplotypen, Christian Stricker, agn Genetics GmbH
- Aktuelle Arbeiten zur genomischen Selektion bei Qualitas. Birgit Gredler, Qualitas AG, Zug
- Projektstand genomische ZWS beim Schwein. Andreas Hofer, SUISAG, Sempach
- Genomweite Assoziationsstudien in verschiedenen Rassen/Spezies. Christine Flury, HAFL, Zollikofen

Quick Reminder of Genomic Prediction

- 1k,... >>100k SNP typisiert
- 1k, <100k Tiere
- Meuwissen et al. (2001): Marker Effects Model

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\beta + \mathbf{Z}\alpha + \mathbf{e} \tag{1}$$

  - $\mathbf{y}$ vector of trait phenotypes
  - $\mathbf{X}$ incidence matrix relating non-genetic, fixed effects β to $\mathbf{y}$
  - $\mathbf{Z}$ matrix of SNP genotype covariates,
  - α vector of random, partial-regression coefficients for SNPs
  - $\mathbf{e}$ is vector of residuals
- Bayesian alphabet is based on this model
- can show that BayesCπ=0 is GBLUP (see below)

Quick Reminder of Genomic Prediction

- 1k,... >>100k SNP typisiert
- 1k, <100k Tiere
- Meuwissen et al. (2001): Marker Effects Model

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\beta + \mathbf{Z}\alpha + \mathbf{e} \tag{1}$$

  - $\mathbf{y}$ vector of trait phenotypes
  - $\mathbf{X}$ incidence matrix relating non-genetic, fixed effects β to $\mathbf{y}$
  - $\mathbf{Z}$ matrix of SNP genotype covariates,
  - α vector of random, partial-regression coefficients for SNPs
  - $\mathbf{e}$ is vector of residuals
- Bayesian alphabet is based on this model
- can show that BayesCπ=0 is GBLUP (see below)

Quick Reminder of Genomic Prediction

- 1k,... >>100k SNP typisiert
- 1k, <100k Tiere
- Meuwissen et al. (2001): Marker Effects Model

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\alpha + \mathbf{e} \tag{1}$$

  - $\mathbf{y}$ vector of trait phenotypes
  - $\mathbf{X}$ incidence matrix relating non-genetic, fixed effects β to $\mathbf{y}$
  - $\mathbf{Z}$ matrix of SNP genotype covariates,
  - α vector of random, partial-regression coefficients for SNPs
  - $\mathbf{e}$ is vector of residuals
- Bayesian alphabet is based on this model
- can show that BayesCπ=0 is GBLUP (see below)

Quick Reminder of Genomic Prediction

- 1k,... >>100k SNP typisiert
- 1k, <100k Tiere
- Meuwissen et al. (2001): Marker Effects Model

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\alpha + \mathbf{e} \tag{1}$$

  - $\mathbf{y}$ vector of trait phenotypes
  - $\mathbf{X}$ incidence matrix relating non-genetic, fixed effects β to $\mathbf{y}$
  - $\mathbf{Z}$ matrix of SNP genotype covariates,
  - α vector of random, partial-regression coefficients for SNPs
  - $\mathbf{e}$ is vector of residuals
- Bayesian alphabet is based on this model
- can show that BayesCπ=0 is GBLUP (see below)

Quick Reminder of Genomic Prediction

- 1k,... >>100k SNP typisiert
- 1k, <100k Tiere
- Meuwissen et al. (2001): Marker Effects Model

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\alpha + \mathbf{e} \tag{1}$$

  - $\mathbf{y}$ vector of trait phenotypes
  - $\mathbf{X}$ incidence matrix relating non-genetic, fixed effects $\boldsymbol{\beta}$ to $\mathbf{y}$
  - $\mathbf{Z}$ matrix of SNP genotype covariates,
  - α vector of random, partial-regression coefficients for SNPs
  - $\mathbf{e}$ is vector of residuals
- Bayesian alphabet is based on this model
- can show that BayesCπ=0 is GBLUP (see below)

Quick Reminder of Genomic Prediction

- 1k,... >>100k SNP typisiert
- 1k, <100k Tiere
- Meuwissen et al. (2001): Marker Effects Model

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\alpha + \mathbf{e} \tag{1}$$

  - $\mathbf{y}$ vector of trait phenotypes
  - $\mathbf{X}$ incidence matrix relating non-genetic, fixed effects $\boldsymbol{\beta}$ to $\mathbf{y}$
  - $\mathbf{Z}$ matrix of SNP genotype covariates,
  - α vector of random, partial-regression coefficients for SNPs
  - $\mathbf{e}$ is vector of residuals
- Bayesian alphabet is based on this model
- can show that BayesCπ=0 is GBLUP (see below)

Quick Reminder of Genomic Prediction

- 1k,... >>100k SNP typisiert
- 1k, <100k Tiere
- Meuwissen et al. (2001): Marker Effects Model

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\alpha + \mathbf{e} \tag{1}$$

  - $\mathbf{y}$ vector of trait phenotypes
  - $\mathbf{X}$ incidence matrix relating non-genetic, fixed effects $\boldsymbol{\beta}$ to $\mathbf{y}$
  - $\mathbf{Z}$ matrix of SNP genotype covariates,
  - α vector of random, partial-regression coefficients for SNPs
  - $\mathbf{e}$ is vector of residuals
- Bayesian alphabet is based on this model
- can show that BayesCπ=0 is GBLUP (see below)

Quick Reminder of Genomic Prediction

- 1k,... >>100k SNP typisiert
- 1k, <100k Tiere
- Meuwissen et al. (2001): Marker Effects Model

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\alpha + \mathbf{e} \tag{1}$$

  - $\mathbf{y}$ vector of trait phenotypes
  - $\mathbf{X}$ incidence matrix relating non-genetic, fixed effects $\boldsymbol{\beta}$ to $\mathbf{y}$
  - $\mathbf{Z}$ matrix of SNP genotype covariates,
  - α vector of random, partial-regression coefficients for SNPs
  - $\mathbf{e}$ is vector of residuals
- Bayesian alphabet is based on this model
- can show that BayesCπ=0 is GBLUP (see below)

Quick Reminder of Genomic Prediction

- 1k,... $>>$100k SNP typisiert
- 1k, $<$100k Tiere
- Meuwissen et al. (2001): Marker Effects Model

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\alpha + \mathbf{e} \tag{1}$$

  - $\mathbf{y}$ vector of trait phenotypes
  - $\mathbf{X}$ incidence matrix relating non-genetic, fixed effects $\boldsymbol{\beta}$ to $\mathbf{y}$
  - $\mathbf{Z}$ matrix of SNP genotype covariates,
  - α vector of random, partial-regression coefficients for SNPs
  - $\mathbf{e}$ is vector of residuals
- Bayesian alphabet is based on this model
- can show that BayesCπ=0 is GBLUP (see below)

Quick Reminder of Genomic Prediction

- 1k,... >>100k SNP typisiert
- 1k, <100k Tiere
- Meuwissen et al. (2001): Marker Effects Model

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\alpha + \mathbf{e} \tag{1}$$

  - $\mathbf{y}$ vector of trait phenotypes
  - $\mathbf{X}$ incidence matrix relating non-genetic, fixed effects $\boldsymbol{\beta}$ to $\mathbf{y}$
  - $\mathbf{Z}$ matrix of SNP genotype covariates,
  - α vector of random, partial-regression coefficients for SNPs
  - $\mathbf{e}$ is vector of residuals
- Bayesian alphabet is based on this model
- can show that BayesCπ=0 is GBLUP (see below)

Quick Reminder of Genomic Prediction, cont.

- Nejati-Javaremi et al. (1997): Animal Effect Model

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{e} \tag{2}$$

  - $\mathbf{y}$, $\mathbf{X}\beta$, $\mathbf{e}$ as above in model (1)
  - $\mathbf{Z}$ incidence matrix relating animal effects to $\mathbf{y}$,
  - $\mathbf{u}$ vector of random animal effects
- Solutions usually by MMEs
- use $\mathbf{G} = \mathbf{ZZ}'/2\sum pq$ instead of $\mathbf{A}$
- requires $\mathbf{G}^{-1}$ (instead of $\mathbf{A}^{-1}$)
- $\mathbf{G}$ is dense, cannot be inverted, when >50k animals genotyped....
- Legarra et al. (2009), Christensen & Lund (2010) combined $\mathbf{A}$ for ungenotyped animals with $\mathbf{G}$ for genotyped animals
- requires $\mathbf{G}^{-1}$ and $\mathbf{A}_{22}^{-1}$, dense and not easy!
- need alternatives when $>$ 50k animals genotyped

Quick Reminder of Genomic Prediction, cont.

- Nejati-Javaremi et al. (1997): Animal Effect Model

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{e} \tag{2}$$

  - $\mathbf{y}$, $\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$, $\mathbf{e}$ as above in model (1)
  - $\mathbf{Z}$ incidence matrix relating animal effects to $\mathbf{y}$,
  - $\mathbf{u}$ vector of random animal effects
- Solutions usually by MMEs
- use $\mathbf{G} = \mathbf{Z}\mathbf{Z}'/2\sum pq$ instead of $\mathbf{A}$
- requires $\mathbf{G}^{-1}$ (instead of $\mathbf{A}^{-1}$)
- $\mathbf{G}$ is dense, cannot be inverted, when >50k animals genotyped....
- Legarra et al. (2009), Christensen & Lund (2010) combined $\mathbf{A}$ for ungenotyped animals with $\mathbf{G}$ for genotyped animals
- requires $\mathbf{G}^{-1}$ and $\mathbf{A}_{22}^{-1}$, dense and not easy!
- need alternatives when $>$ 50k animals genotyped

Quick Reminder of Genomic Prediction, cont.

- Nejati-Javaremi et al. (1997): Animal Effect Model

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{e} \tag{2}$$

  - $\mathbf{y}$, $\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$, $\mathbf{e}$ as above in model (1)
  - $\mathbf{Z}$ incidence matrix relating animal effects to $\mathbf{y}$,
  - $\mathbf{u}$ vector of random animal effects
- Solutions usually by MMEs
- use $\mathbf{G} = \mathbf{Z}\mathbf{Z}'/2\sum pq$ instead of $\mathbf{A}$
- requires $\mathbf{G}^{-1}$ (instead of $\mathbf{A}^{-1}$)
- $\mathbf{G}$ is dense, cannot be inverted, when >50k animals genotyped....
- Legarra et al. (2009), Christensen & Lund (2010) combined $\mathbf{A}$ for ungenotyped animals with $\mathbf{G}$ for genotyped animals
- requires $\mathbf{G}^{-1}$ and $\mathbf{A}_{22}^{-1}$, dense and not easy!
- need alternatives when $>$ 50k animals genotyped

Quick Reminder of Genomic Prediction, cont.

- Nejati-Javaremi et al. (1997): Animal Effect Model

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\beta + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{e} \tag{2}$$

  - $\mathbf{y}$, $\mathbf{X}\beta$, $\mathbf{e}$ as above in model (1)
  - $\mathbf{Z}$ incidence matrix relating animal effects to $\mathbf{y}$,
  - $\mathbf{u}$ vector of random animal effects
- Solutions usually by MMEs
- use $\mathbf{G} = \mathbf{Z}\mathbf{Z}'/2\sum pq$ instead of $\mathbf{A}$
- requires $\mathbf{G}^{-1}$ (instead of $\mathbf{A}^{-1}$)
- $\mathbf{G}$ is dense, cannot be inverted, when >50k animals genotyped....
- Legarra et al. (2009), Christensen & Lund (2010) combined $\mathbf{A}$ for ungenotyped animals with $\mathbf{G}$ for genotyped animals
- requires $\mathbf{G}^{-1}$ and $\mathbf{A}_{22}^{-1}$, dense and not easy!
- need alternatives when > 50k animals genotyped

Quick Reminder of Genomic Prediction, cont.

- Nejati-Javaremi et al. (1997): Animal Effect Model

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{e} \tag{2}$$

  - $\mathbf{y}$, $\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$, $\mathbf{e}$ as above in model (1)
  - $\mathbf{Z}$ incidence matrix relating animal effects to $\mathbf{y}$,
  - $\mathbf{u}$ vector of random animal effects
- Solutions usually by MMEs
- use $\mathbf{G} = \mathbf{Z}\mathbf{Z}'/2\sum pq$ instead of $\mathbf{A}$
- requires $\mathbf{G}^{-1}$ (instead of $\mathbf{A}^{-1}$)
- $\mathbf{G}$ is dense, cannot be inverted, when >50k animals genotyped....
- Legarra et al. (2009), Christensen & Lund (2010) combined $\mathbf{A}$ for ungenotyped animals with $\mathbf{G}$ for genotyped animals
- requires $\mathbf{G}^{-1}$ and $\mathbf{A}_{22}^{-1}$, dense and not easy!
- need alternatives when $>$ 50k animals genotyped

Quick Reminder of Genomic Prediction, cont.

- Nejati-Javaremi et al. (1997): Animal Effect Model

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{e} \tag{2}$$

  - $\mathbf{y}$, $\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$, $\mathbf{e}$ as above in model (1)
  - $\mathbf{Z}$ incidence matrix relating animal effects to $\mathbf{y}$,
  - $\mathbf{u}$ vector of random animal effects
- Solutions usually by MMEs
- use $\mathbf{G} = \mathbf{Z}\mathbf{Z}'/2\sum pq$ instead of $\mathbf{A}$
- requires $\mathbf{G}^{-1}$ (instead of $\mathbf{A}^{-1}$)
- $\mathbf{G}$ is dense, cannot be inverted, when >50k animals genotyped....
- Legarra et al. (2009), Christensen & Lund (2010) combined $\mathbf{A}$ for ungenotyped animals with $\mathbf{G}$ for genotyped animals
- requires $\mathbf{G}^{-1}$ and $\mathbf{A}_{22}^{-1}$, dense and not easy!
- need alternatives when $>$ 50k animals genotyped

Quick Reminder of Genomic Prediction, cont.

- Nejati-Javaremi et al. (1997): Animal Effect Model

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{e} \tag{2}$$

  - $\mathbf{y}$, $\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$, $\mathbf{e}$ as above in model (1)
  - $\mathbf{Z}$ incidence matrix relating animal effects to $\mathbf{y}$,
  - $\mathbf{u}$ vector of random animal effects
- Solutions usually by MMEs
- use $\mathbf{G} = \mathbf{Z}\mathbf{Z}'/2\sum pq$ instead of $\mathbf{A}$
- requires $\mathbf{G}^{-1}$ (instead of $\mathbf{A}^{-1}$)
- $\mathbf{G}$ is dense, cannot be inverted, when >50k animals genotyped....
- Legarra et al. (2009), Christensen & Lund (2010) combined $\mathbf{A}$ for ungenotyped animals with $\mathbf{G}$ for genotyped animals
- requires $\mathbf{G}^{-1}$ and $\mathbf{A}_{22}^{-1}$, dense and not easy!
- need alternatives when $>$ 50k animals genotyped

Quick Reminder of Genomic Prediction, cont.

- Nejati-Javaremi et al. (1997): Animal Effect Model

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Zu} + \mathbf{e} \quad (2)$$

  - $\mathbf{y}$, $\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$, $\mathbf{e}$ as above in model (1)
  - $\mathbf{Z}$ incidence matrix relating animal effects to $\mathbf{y}$,
  - $\mathbf{u}$ vector of random animal effects
- Solutions usually by MMEs
- use $\mathbf{G} = \mathbf{ZZ}'/2\sum pq$ instead of $\mathbf{A}$
- requires $\mathbf{G}^{-1}$ (instead of $\mathbf{A}^{-1}$)
- $\mathbf{G}$ is dense, cannot be inverted, when >50k animals genotyped....
- Legarra et al. (2009), Christensen & Lund (2010) combined $\mathbf{A}$ for ungenotyped animals with $\mathbf{G}$ for genotyped animals
- requires $\mathbf{G}^{-1}$ and $\mathbf{A}_{22}^{-1}$, dense and not easy!
- need alternatives when $>$ 50k animals genotyped

Quick Reminder of Genomic Prediction, cont.

- Nejati-Javaremi et al. (1997): Animal Effect Model

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{e} \tag{2}$$

  - $\mathbf{y}$, $\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$, $\mathbf{e}$ as above in model (1)
  - $\mathbf{Z}$ incidence matrix relating animal effects to $\mathbf{y}$,
  - $\mathbf{u}$ vector of random animal effects
- Solutions usually by MMEs
- use $\mathbf{G} = \mathbf{Z}\mathbf{Z}'/2\sum pq$ instead of $\mathbf{A}$
- requires $\mathbf{G}^{-1}$ (instead of $\mathbf{A}^{-1}$)
- $\mathbf{G}$ is dense, cannot be inverted, when >50k animals genotyped....
- Legarra et al. (2009), Christensen & Lund (2010) combined $\mathbf{A}$ for ungenotyped animals with $\mathbf{G}$ for genotyped animals
- requires $\mathbf{G}^{-1}$ and $\mathbf{A}_{22}^{-1}$, dense and not easy!
- need alternatives when $>$ 50k animals genotyped

Quick Reminder of Genomic Prediction, cont.

- Nejati-Javaremi et al. (1997): Animal Effect Model

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{e} \tag{2}$$

  - $\mathbf{y}$, $\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$, $\mathbf{e}$ as above in model (1)
  - $\mathbf{Z}$ incidence matrix relating animal effects to $\mathbf{y}$,
  - $\mathbf{u}$ vector of random animal effects
- Solutions usually by MMEs
- use $\mathbf{G} = \mathbf{Z}\mathbf{Z}'/2\sum pq$ instead of $\mathbf{A}$
- requires $\mathbf{G}^{-1}$ (instead of $\mathbf{A}^{-1}$)
- $\mathbf{G}$ is dense, cannot be inverted, when >50k animals genotyped....
- Legarra et al. (2009), Christensen & Lund (2010) combined $\mathbf{A}$ for ungenotyped animals with $\mathbf{G}$ for genotyped animals
- requires $\mathbf{G}^{-1}$ and $\mathbf{A}_{22}^{-1}$, dense and not easy!
- need alternatives when $>$ 50k animals genotyped

Quick Reminder of Genomic Prediction, cont.

- Nejati-Javaremi et al. (1997): Animal Effect Model

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{e} \tag{2}$$

  - $\mathbf{y}$, $\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$, $\mathbf{e}$ as above in model (1)
  - $\mathbf{Z}$ incidence matrix relating animal effects to $\mathbf{y}$,
  - $\mathbf{u}$ vector of random animal effects
- Solutions usually by MMEs
- use $\mathbf{G} = \mathbf{ZZ}'/2\sum pq$ instead of $\mathbf{A}$
- requires $\mathbf{G}^{-1}$ (instead of $\mathbf{A}^{-1}$)
- $\mathbf{G}$ is dense, cannot be inverted, when >50k animals genotyped....
- Legarra et al. (2009), Christensen & Lund (2010) combined $\mathbf{A}$ for ungenotyped animals with $\mathbf{G}$ for genotyped animals
- requires $\mathbf{G}^{-1}$ and $\mathbf{A}_{22}^{-1}$, dense and not easy!
- need alternatives when $>$ 50k animals genotyped

Warum funktionieren MEM

- Fernando (1998) MEM equivalent to AEM, wenn $\mathbf{y}$ normalverteilt.
- Poster

Warum funktionieren MEM

- Fernando (1998) MEM equivalent to AEM, wenn $\mathbf{y}$ normalverteilt.
- Poster

Problems of Genomic Prediction

- Anzahl Tiere $>>$ 50'000
  - MEM anwendbar, aber MCMC CPU-intensiv!
  - AEM unmöglich, wegen $\mathbf{G}^{-1}$
  - AEM ohne $\mathbf{G}^{-1}$ $\Rightarrow$ Forschungsprojekt Fernando& Garrick (2013/14)
- Anzahl SNPs $>>$ 50'000
  - Genauigkeit aufgrund LD $\rightarrow$ ermöglicht across breed evaluation
  - SNP Arrays mit Markern in LD = redundante Info analysieren
  - Imputation = redundante Info auf nicht typisierte Tiere übertragen, damit bestehende Software genutzt werden kann
  - variable reduction methods (Bayes B) oder Konzentration der Markerinfo auf segregierende Haplotypen

Problems of Genomic Prediction

- Anzahl Tiere $>>$ 50'000
  - MEM anwendbar, aber MCMC CPU-intensiv!
  - AEM unmöglich, wegen $\mathbf{G}^{-1}$
  - AEM ohne $\mathbf{G}^{-1}$ $\Rightarrow$ Forschungsprojekt Fernando& Garrick (2013/14)
- Anzahl SNPs $>>$ 50'000
  - Genauigkeit aufgrund LD $\rightarrow$ ermöglicht across breed evaluation
  - SNP Arrays mit Markern in LD $=$ redundante Info analysieren
  - Imputation $=$ redundante Info auf nicht typisierte Tiere übertragen, damit bestehende Software genutzt werden kann
  - variable reduction methods (Bayes B) oder Konzentration der Markerinfo auf segregierende Haplotypen

Problems of Genomic Prediction

- Anzahl Tiere $>>$ 50'000
  - MEM anwendbar, aber MCMC CPU-intensiv!
  - AEM unmöglich, wegen $\mathbf{G}^{-1}$
  - AEM ohne $\mathbf{G}^{-1}$ $\Rightarrow$ Forschungsprojekt Fernando& Garrick (2013/14)
- Anzahl SNPs $>>$ 50'000
  - Genauigkeit aufgrund LD $\rightarrow$ ermöglicht across breed evaluation
  - SNP Arrays mit Markern in LD = redundante Info analysieren
  - Imputation = redundante Info auf nicht typisierte Tiere übertragen, damit bestehende Software genutzt werden kann
  - variable reduction methods (Bayes B) oder Konzentration der Markerinfo auf segregierende Haplotypen

Problems of Genomic Prediction

- Anzahl Tiere $>>$ 50'000
  - MEM anwendbar, aber MCMC CPU-intensiv!
  - AEM unmöglich, wegen $\mathbf{G}^{-1}$
  - AEM ohne $\mathbf{G}^{-1} \Rightarrow$ Forschungsprojekt Fernando& Garrick (2013/14)
- Anzahl SNPs $>>$ 50'000
  - Genauigkeit aufgrund LD $\rightarrow$ ermöglicht across breed evaluation
  - SNP Arrays mit Markern in LD = redundante Info analysieren
  - Imputation = redundante Info auf nicht typisierte Tiere übertragen, damit bestehende Software genutzt werden kann
  - variable reduction methods (Bayes B) oder Konzentration der Markerinfo auf segregierende Haplotypen

Problems of Genomic Prediction

- Anzahl Tiere $>>$ 50'000
  - MEM anwendbar, aber MCMC CPU-intensiv!
  - AEM unmöglich, wegen $\mathbf{G}^{-1}$
  - AEM ohne $\mathbf{G}^{-1}$ $\Rightarrow$ Forschungsprojekt Fernando& Garrick (2013/14)
- Anzahl SNPs $>>$ 50'000
  - Genauigkeit aufgrund LD $\rightarrow$ ermöglicht across breed evaluation
  - SNP Arrays mit Markern in LD $=$ redundante Info analysieren
  - Imputation $=$ redundante Info auf nicht typisierte Tiere übertragen, damit bestehende Software genutzt werden kann
  - variable reduction methods (Bayes B) oder Konzentration der Markerinfo auf segregierende Haplotypen

Problems of Genomic Prediction

- Anzahl Tiere $>>$ 50'000
  - MEM anwendbar, aber MCMC CPU-intensiv!
  - AEM unmöglich, wegen $\mathbf{G}^{-1}$
  - AEM ohne $\mathbf{G}^{-1}$ $\Rightarrow$ Forschungsprojekt Fernando& Garrick (2013/14)
- Anzahl SNPs $>>$ 50'000
  - Genauigkeit aufgrund LD $\rightarrow$ ermöglicht across breed evaluation
  - SNP Arrays mit Markern in LD = redundante Info analysieren
  - Imputation = redundante Info auf nicht typisierte Tiere übertragen, damit bestehende Software genutzt werden kann
  - variable reduction methods (Bayes B) oder Konzentration der Markerinfo auf segregierende Haplotypen

Problems of Genomic Prediction

- Anzahl Tiere $>>$ 50'000
  - MEM anwendbar, aber MCMC CPU-intensiv!
  - AEM unmöglich, wegen $\mathbf{G}^{-1}$
  - AEM ohne $\mathbf{G}^{-1} \Rightarrow$ Forschungsprojekt Fernando& Garrick (2013/14)
- Anzahl SNPs $>>$ 50'000
  - Genauigkeit aufgrund LD $\rightarrow$ ermöglicht across breed evaluation
  - SNP Arrays mit Markern in LD $=$ redundante Info analysieren
  - Imputation $=$ redundante Info auf nicht typisierte Tiere übertragen, damit bestehende Software genutzt werden kann
  - variable reduction methods (Bayes B) oder Konzentration der Markerinfo auf segregierende Haplotypen

Problems of Genomic Prediction

- Anzahl Tiere $>>$ 50'000
  - MEM anwendbar, aber MCMC CPU-intensiv!
  - AEM unmöglich, wegen $\mathbf{G}^{-1}$
  - AEM ohne $\mathbf{G}^{-1}$ $\Rightarrow$ Forschungsprojekt Fernando& Garrick (2013/14)
- Anzahl SNPs $>>$ 50'000
  - Genauigkeit aufgrund LD $\rightarrow$ ermöglicht across breed evaluation
  - SNP Arrays mit Markern in LD $=$ redundante Info analysieren
  - Imputation $=$ redundante Info auf nicht typisierte Tiere übertragen, damit bestehende Software genutzt werden kann
  - variable reduction methods (Bayes B) oder Konzentration der Markerinfo auf segregierende Haplotypen

Problems of Genomic Prediction

- Anzahl Tiere $>>$ 50'000
  - MEM anwendbar, aber MCMC CPU-intensiv!
  - AEM unmöglich, wegen $\mathbf{G}^{-1}$
  - AEM ohne $\mathbf{G}^{-1} \Rightarrow$ Forschungsprojekt Fernando& Garrick (2013/14)
- Anzahl SNPs $>>$ 50'000
  - Genauigkeit aufgrund LD $\rightarrow$ ermöglicht across breed evaluation
  - SNP Arrays mit Markern in LD $=$ redundante Info analysieren
  - Imputation $=$ redundante Info auf nicht typisierte Tiere übertragen, damit bestehende Software genutzt werden kann
  - variable reduction methods (Bayes B) oder Konzentration der Markerinfo auf segregierende Haplotypen

Genomic Prediction with Haplotypes

- Definition einer Segmentgrösse
- Phasing des Segments basierend auf Ansatz von Kong et al. (Surrogacy, genetic distance measure)
- Identifikation der Anzahl segregierender Haplotypen je Chromosomensegment
- Tausende von SNPs korrespondieren zu wenigen Haplotypen
- Haplotypen bei Tiere mit versch. dichten Typisierungen identifizierbar
- keine Imputation (Imputation generiert keine neue Information!)
- Genomische ZWS mit Haplotypen = Data Reduktion und Imputation in einem Schritt.
- beliebige Anzahl SNPs analysierbar
- MEM oder AEM

Genomic Prediction with Haplotypes

- Definition einer Segmentgrösse
- Phasing des Segments basierend auf Ansatz von Kong et al. (Surrogacy, genetic distance measure)
- Identifikation der Anzahl segregierender Haplotypen je Chromosomensegment
- Tausende von SNPs korrespondieren zu wenigen Haplotypen
- Haplotypen bei Tiere mit versch. dichten Typisierungen identifizierbar
- keine Imputation (Imputation generiert keine neue Information!)
- Genomische ZWS mit Haplotypen = Data Reduktion und Imputation in einem Schritt.
- beliebige Anzahl SNPs analysierbar
- MEM oder AEM

Genomic Prediction with Haplotypes

- Definition einer Segmentgrösse
- Phasing des Segments basierend auf Ansatz von Kong et al. (Surrogacy, genetic distance measure)
- Identifikation der Anzahl segregierender Haplotypen je Chromosomensegment
- Tausende von SNPs korrespondieren zu wenigen Haplotypen
- Haplotypen bei Tiere mit versch. dichten Typisierungen identifizierbar
- keine Imputation (Imputation generiert keine neue Information!)
- Genomische ZWS mit Haplotypen = Data Reduktion und Imputation in einem Schritt.
- beliebige Anzahl SNPs analysierbar
- MEM oder AEM

Genomic Prediction with Haplotypes

- Definition einer Segmentgrösse
- Phasing des Segments basierend auf Ansatz von Kong et al. (Surrogacy, genetic distance measure)
- Identifikation der Anzahl segregierender Haplotypen je Chromosomensegment
- Tausende von SNPs korrespondieren zu wenigen Haplotypen
- Haplotypen bei Tiere mit versch. dichten Typisierungen identifizierbar
- keine Imputation (Imputation generiert keine neue Information!)
- Genomische ZWS mit Haplotypen = Data Reduktion und Imputation in einem Schritt.
- beliebige Anzahl SNPs analysierbar
- MEM oder AEM

Genomic Prediction with Haplotypes

- Definition einer Segmentgrösse
- Phasing des Segments basierend auf Ansatz von Kong et al. (Surrogacy, genetic distance measure)
- Identifikation der Anzahl segregierender Haplotypen je Chromosomensegment
- Tausende von SNPs korrespondieren zu wenigen Haplotypen
- Haplotypen bei Tiere mit versch. dichten Typisierungen identifizierbar
- keine Imputation (Imputation generiert keine neue Information!)
- Genomische ZWS mit Haplotypen = Data Reduktion und Imputation in einem Schritt.
- beliebige Anzahl SNPs analysierbar
- MEM oder AEM

Genomic Prediction with Haplotypes

- Definition einer Segmentgrösse
- Phasing des Segments basierend auf Ansatz von Kong et al. (Surrogacy, genetic distance measure)
- Identifikation der Anzahl segregierender Haplotypen je Chromosomensegment
- Tausende von SNPs korrespondieren zu wenigen Haplotypen
- Haplotypen bei Tiere mit versch. dichten Typisierungen identifizierbar
- keine Imputation (Imputation generiert keine neue Information!)
- Genomische ZWS mit Haplotypen = Data Reduktion und Imputation in einem Schritt.
- beliebige Anzahl SNPs analysierbar
- MEM oder AEM

Genomic Prediction with Haplotypes

- Definition einer Segmentgrösse
- Phasing des Segments basierend auf Ansatz von Kong et al. (Surrogacy, genetic distance measure)
- Identifikation der Anzahl segregierender Haplotypen je Chromosomensegment
- Tausende von SNPs korrespondieren zu wenigen Haplotypen
- Haplotypen bei Tiere mit versch. dichten Typisierungen identifizierbar
- keine Imputation (Imputation generiert keine neue Information!)
- Genomische ZWS mit Haplotypen = Data Reduktion und Imputation in einem Schritt.
- beliebige Anzahl SNPs analysierbar
- MEM oder AEM

Genomic Prediction with Haplotypes

- Definition einer Segmentgrösse
- Phasing des Segments basierend auf Ansatz von Kong et al. (Surrogacy, genetic distance measure)
- Identifikation der Anzahl segregierender Haplotypen je Chromosomensegment
- Tausende von SNPs korrespondieren zu wenigen Haplotypen
- Haplotypen bei Tiere mit versch. dichten Typisierungen identifizierbar
- keine Imputation (Imputation generiert keine neue Information!)
- Genomische ZWS mit Haplotypen = Data Reduktion und Imputation in einem Schritt.
- beliebige Anzahl SNPs analysierbar
- MEM oder AEM

Genomic Prediction with Haplotypes

- Definition einer Segmentgrösse
- Phasing des Segments basierend auf Ansatz von Kong et al. (Surrogacy, genetic distance measure)
- Identifikation der Anzahl segregierender Haplotypen je Chromosomensegment
- Tausende von SNPs korrespondieren zu wenigen Haplotypen
- Haplotypen bei Tiere mit versch. dichten Typisierungen identifizierbar
- keine Imputation (Imputation generiert keine neue Information!)
- Genomische ZWS mit Haplotypen = Data Reduktion und Imputation in einem Schritt.
- beliebige Anzahl SNPs analysierbar
- MEM oder AEM