



QUALITAS<sup>®</sup>

## Aktuelle Arbeiten zur genomischen Selektion bei Qualitas

Birgit Gredler, Beat Bapst, Franz Seefried  
Qualitas AG

SABRE – TP Workshop  
4. Juni 2013, Zug

### Übersicht

QUALITAS<sup>®</sup>

- Genomische Selektion in der Routine-ZWS
- Aktuelle Projekte zur genomischen Selektion

## Genomische Selektion in der Routine-ZWS

QUALITAS<sup>®</sup>

- Qualitas führt genomische ZWS in der Routine durch

SWISS  
herdbook

BRAUNVIEH

HOLSTEIN

- Direkt genomische Zuchtwerte (DGZW) werden für alle genotypisierten Tiere berechnet
- Kombination der DGZW mit traditionellen Zuchtwerten zum Genomisch optimierten Zuchtwert (GOZW)
- SNP-Effektschätzung findet 3x jährlich gemeinsam mit traditioneller ZWS statt

## Effektschätzung

QUALITAS<sup>®</sup>

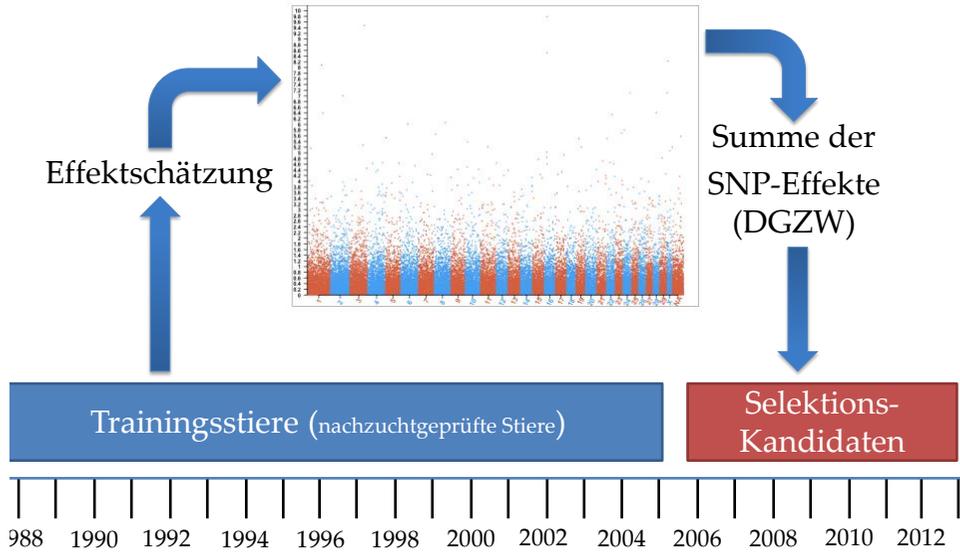
- Datengrundlage für die SNP-Effektschätzung bilden die **SNP-Typisierungen** und die **konventionellen Zuchtwerte** von **Stieren mit einem Nachzuchtprüfungsergebnis**
- Anzahl Trainingsstiere:

	Eiweiss kg	NRR
Braunvieh Schweiz	5'348	2'453
swissherdbook	4'194	2'861
Schweiz. Holsteinzuchtverband	3'598	1'797

## Effektschätzung

QUALITAS®

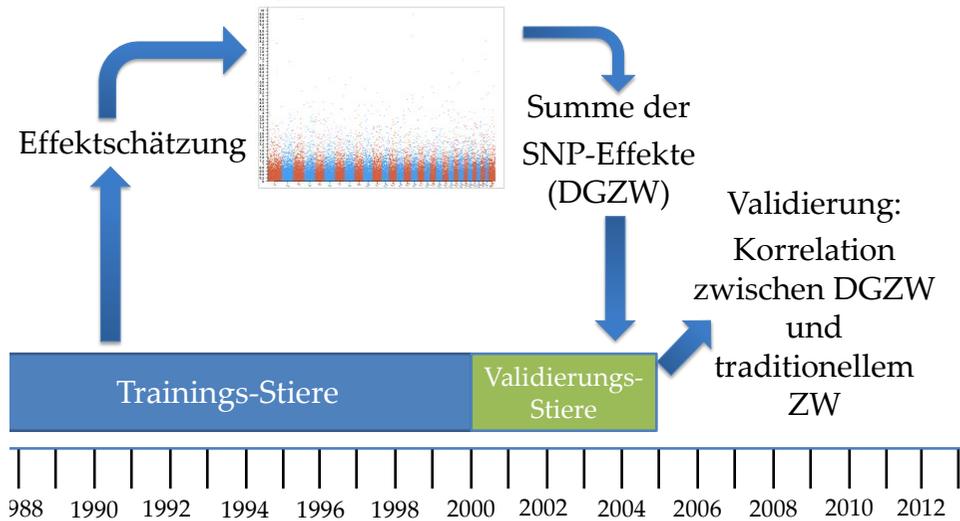
Die Schätzung von SNP-Effekten



## Sicherheit genomischer ZW

QUALITAS®

➤ Validierung:



## Sicherheit (B%) der DGZW **QUALITAS**<sup>®</sup>

Merkmal	BVCH
Produktion	55 %
Zellzahl	55 %
LBE	Ø 56 % (32 - 75)
Fruchtbarkeit	55 - 58 %
Nutzungsdauer	38 %

## SNP - Chips

**QUALITAS**<sup>®</sup>

- Illumina Bovine54k Chip (54'000 SNPs)
- Illumina BovineLD Chip (7'000 SNPs)
- GeneSeek Genomic Profiler LD (20'000 SNPs, inkl. spez. SNP)
- GeneSeek Genomic Profiler HD (80'000 SNP's)
- Illumina BovineHD-Chip (777'000 SNPs)



### Überschneidung

SNPName	GGPLD v2 (9K)	GGPLDv3 (20K)	50Kv2 (54K)	GGPHD (80K)	HD (777K)
GGPLDv2 (9K)	8.762	8.140	8.094	8.069	8.395
GGPLDv3 (20K)		19.725	8.280	9.148	19.493
50Kv2 (54K)			54.609	28.292	49.435
GGPHD (80K)				76.999	74.523
HD (777K)					777.962



## Braunvieh: % korrekt und falsch imputierter Genotypen

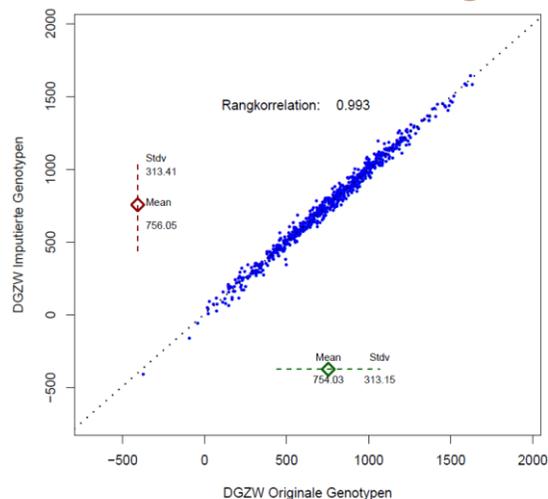
QUALITAS<sup>®</sup>

Gruppe*	n	% korrekt imputiert			% falsch imputiert		
		Mittel	Min	Max	Mittel	Min	Max
Vater 50K + Mutter 50K	27	<b>98.62</b>	87.30	99.67	<b>1.37</b>	0.33	12.39
Vater 50K + MV 50K	573	<b>98.14</b>	81.06	99.47	<b>1.86</b>	0.53	18.95
Vater 50K	55	<b>97.59</b>	79.79	98.69	<b>2.41</b>	1.31	20.21
Vater und MV nicht typisiert	68	<b>97.25</b>	81.06	98.51	<b>2.75</b>	1.49	18.83

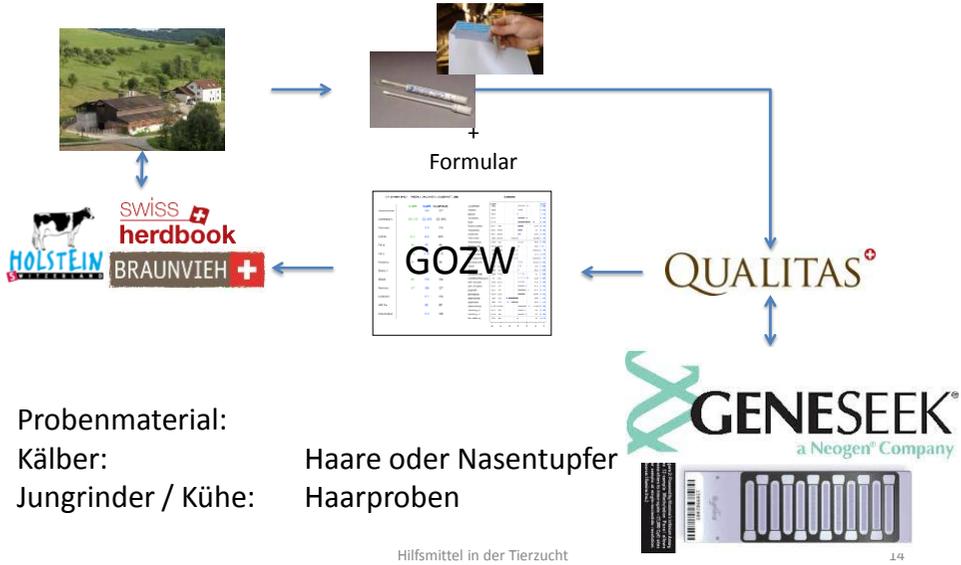
\* Sire + dam = Vater und Mutter, Sire + MGS = Vater und mütterl. Grossvater, Sire = Vater, Other relatives = andere Verwandte sind 54k genotypisiert im Referenzdatensatz enthalten

## Vergleich DGZW basierend auf imputierten und originalen Genotypen (Braunvieh, Milch-kg)

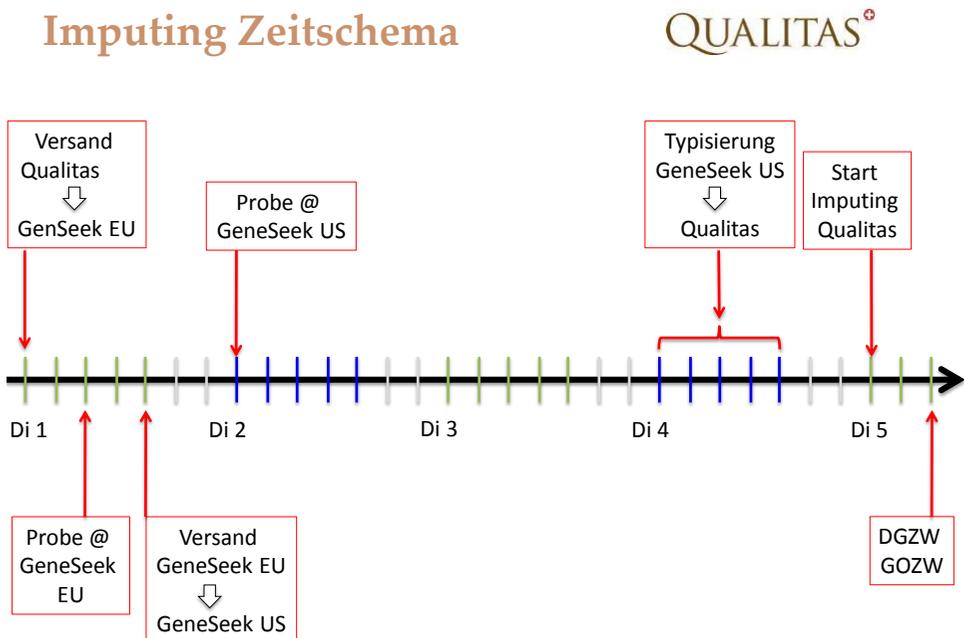
QUALITAS<sup>®</sup>



## Logistik Imputing



## Imputing Zeitschema



## Aktuelle Projekte

QUALITAS<sup>®</sup>

- Nutzen von Sequenzdaten in der genomischen Zuchtwertschätzung (65 Stiere sequenziert, Teilnahme am 1000 Bull Genomes Project)
- Imputing von 50k auf HD
- SNP-Effektschätzung über Rassen hinweg (Original BV, Simmental)
- SNP-Effektschätzung mit Kühen
- Neue Phänotypen: Fruchtbarkeit, Saugverhalten, Infrarotspektren CombiFoss, Gesundheitsdaten, ...
- Internationale Projekte: LowInputBreeds, Gene2Farm, Intergenomics
- Optimierung Milchviehzuchtprogramme mit genomischer Selektion

## Aktuelle Projekte

QUALITAS<sup>®</sup>

- Nutzen von Sequenzdaten in der genomischen Zuchtwertschätzung (65 Stiere sequenziert, Teilnahme am 1000 Bull Genomes Project)
- **Imputing von 50k auf HD**
- SNP-Effektschätzung über Rassen hinweg (Original BV, Simmental)
- **SNP-Effektschätzung mit Kühen**
- Neue Phänotypen: Fruchtbarkeit, Saugverhalten, Infrarotspektren CombiFoss, Gesundheitsdaten, ...
- Internationale Projekte: LowInputBreeds, Gene2Farm, Intergenomics
- Optimierung Milchviehzuchtprogramme mit genomischer Selektion

## Imputation von 50k auf HD QUALITAS<sup>®</sup>

- Verbesserung der Sicherheit der genomischen ZWS mit HD – Daten (?)
- Nutzung von HD – Daten in der genomischen ZWS setzt Imputation voraus
- Test der Genauigkeit der Imputation von 50k auf HD:
  - Braunvieh und Original Braunvieh
  - 6,106 50k- und 880 HD- genotypisierte Kühe und Stiere
  - Imputation von 39,004 SNP auf 627,306 SNP
  - HD-genotypisierte Jahrgänge 2004 bis 2008 (n=365) wurden auf 50k maskiert
  - Vergleich der imputierten mit originalen HD-Genotypen
  - Imputation mit FImpute (Sargolzaei et al., 2012)

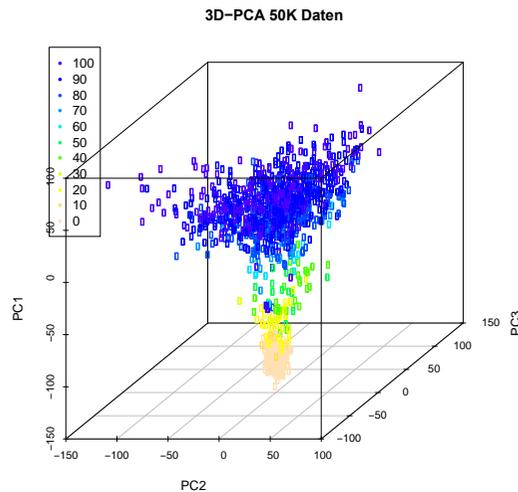
## Genauigkeit der Imputation von 50k auf HD QUALITAS<sup>®</sup>

Group	n	R <sup>2</sup>	% Correct	% Incorrect
Sire + dam HD	57	<b>0.98</b>	99.58	0.4
Sire + MGS HD	79	<b>0.98</b>	99.25	0.74
Dam + PGS HD	4	<b>0.98</b>	99.42	0.58
Sire HD	75	<b>0.97</b>	98.95	1.02
Dam HD	6	<b>0.94</b>	97.85	2.05
Other relatives	43	<b>0.94</b>	97.97	1.97

## Aktueller HD - Datensatz

QUALITAS<sup>®</sup>

- 1170 HD genotypisierte Kühe und Stiere der Rassen Braunvieh und Original Braunvieh
- 170 Original Braunvieh, 1000 Braunvieh bzw. Brown Swiss
- Projekt zur Entwicklung einer genomischen ZWS für Original Braunvieh basierend auf (imputierten) HD-Daten gestartet



## Kühe in der Effektschätzung

QUALITAS<sup>®</sup>

- Erweiterung des Trainingsdatensatzes → Erhöhung der Sicherheit der genomischen Zuchtwerte
- Pryce et al. (2012): Erhöhung der Sicherheit zwischen 4 – 8%
- Für Merkmale, die nur an spezifischen Subpopulationen (Testherden) erhoben werden
- Selektionsinstrument für den Züchter?



## Kühe in der Effektschätzung QUALITAS<sup>®</sup>

- Braunvieh Schweiz besitzt 1366 genotypisierte weibliche Tiere:

n weibliche Tiere	Herkunft	Chip-Typ
385	Programm „Elitekühe“ Versch. Herkünfte	50kV2
981	EU- Projekt „LowInputBreeds“ *	HD und 50kV2
1366	Total	50kV2 , HD

\* Das Projekt wird als Verbundprojekt von der Europäischen Kommission im siebten Rahmenprogramm für Forschung und Entwicklung ko-finanziert (Vertrag Nr. 222623)

- Der Trainingsdatensatz für Produktionsmerkmale enthält aktuell ~5300 Stiere (eig. Typ. und Austausch)

→Ziel: Integration der Kühe

## Verschiedene Strategien QUALITAS<sup>®</sup>

- Kühe im Trainingsdatensatz mit B% Produktion > 60% (alle - ca. 1000; nur LIB-Kühe - ca. 750) für Produktionsmerkmale und Zellzahl
- Kreuzvalidierungsstrategie mit zufälligen Stierengruppen der jüngsten Jahrgänge (n = 250)
- Erste Ergebnisse: geringe Sicherheitszunahmen mit beiden Strategien
- Weiteres Vorgehen:
  - Vorkorrekturen der Phänotypen  
Mittelwert- und Varianzkorrekturen der deregressierten ZW
  - Entwicklung von Strategien zur effektivsten Kuhauswahl (Verwandtschaft zwischen der Kuhgruppe und bestehender Stiergruppe) – Kühe mit wenig Halbbrüder im Training



QUALITAS®

**Vielen Dank!**

**Team Qualitas: Chris Baes  
Beat Bapst  
Madeleine Berweger  
Andreas Bigler  
Jürg Moll  
Urs Schnyder  
Urs Schuler  
Franz Seefried**