



Die Genetische Diversität Schweizer Ziegenrassen



M. Neuditschko^{1,2}, A. Burren^{2,3}, H. Signer-Hasler^{2,3}, I. Reber^{2,4}, C. Drögemüller^{2,4} und C. Flury^{2,3}

¹Agroscope, Schweizer Nationalgestüt, Avenches ²Kompetenzzentrum für Tierzucht der Universität Bern, Berner Fachhochschule HAFL & Agroscope, ³Berner Fachhochschule, HAFL, Zollikofen, ⁴Institut für Genetik, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern, Bern



Rückblick

- 2008 erste Ergebnisse zur Diversität Schweizer Ziegenrassen.



Available online at www.sciencedirect.com

ScienceDirect

Small Ruminant Research 74 (2008) 202–211

Small Ruminant
Research

www.elsevier.com/locate/smallrumres

Genetic diversity measures of Swiss goat breeds as decision-making support for conservation policy

Marie-Louise Glowatzki-Mullis^{a,*}, Jeannette Muntwyler^b,
Etienne Bäumle^c, Claude Gaillard^c

^a Clinical Research, Department of Clinical Veterinary Medicine, VETSUISSE Faculty,
University of Berne, CH-3001 Berne, Switzerland

^b BGK Caprovio, CH-3360 Herzogenbuchsee, Switzerland

^c Institute of Genetics, VETSUISSE Faculty, University of Berne, CH-3001 Berne, Switzerland

Received 16 April 2007; received in revised form 29 June 2007; accepted 3 July 2007

Available online 17 August 2007

Dedicated to the Memory of Karin Wohlfender.

Abstract

Preservation of biological diversity determines not only survival, but also adaptation to changing environments, including changes in consumer preferences. During the last century, the number of goats shrank dramatically in Switzerland but remained more or less stable in the last decade. Such a great reduction may have had serious consequences for genetic variation in the goat population. Thus, it is of interest to evaluate the current diversity in 11 Swiss goat breeds, and moreover, to offer a contribution towards conservation priorities for the different breeds. Microsatellites are among the most useful markers in assessing genetic diversity of populations; 43 were included in this study. Three clustering methods were employed to divide individuals into groups. The loss of diversity when one breed is removed from the sample was estimated by two approaches. The expected heterozygosities varied from 0.54 to 0.66. The Valais Blackneck displayed a heterozygosity deficiency and the St. Gallen Booted a heterozygosity excess. Allelic richness ranged from 4.4 to 6.2. Only the Valais Blackneck revealed a possible recent bottleneck situation. Eight of the 11 breeds were clearly unified in their own cluster (Appenzell, Boer, Chamois Colored, Grisons Striped, Saanen, St. Gallen Booted, Toggenburg, Valais Blackneck). None of these breeds is critically endangered. The breeds Nera Verzasca, Peacock and Tessin Grey assembled in one cluster only. From these three breeds, which have their origin in the south of Switzerland, the Tessin Grey is endangered due to the small population size. Most of the individuals could be assigned to their breed of origin, however, large cross-breed assignments were observed. The Weitzman, and the Caballero and Toro approaches gave differing information for genetic conservation decisions, as the Weitzman method does not account for within-breed variability. Breed conservation decisions cannot be limited to genetic diversity alone but should also consider phenotypic performances and non-profit values for the society in their cultural aspects. © 2007 Elsevier B.V. All rights reserved.

Keywords: Goat; Microsatellites; Genetic diversity; Clustering; Breed conservation

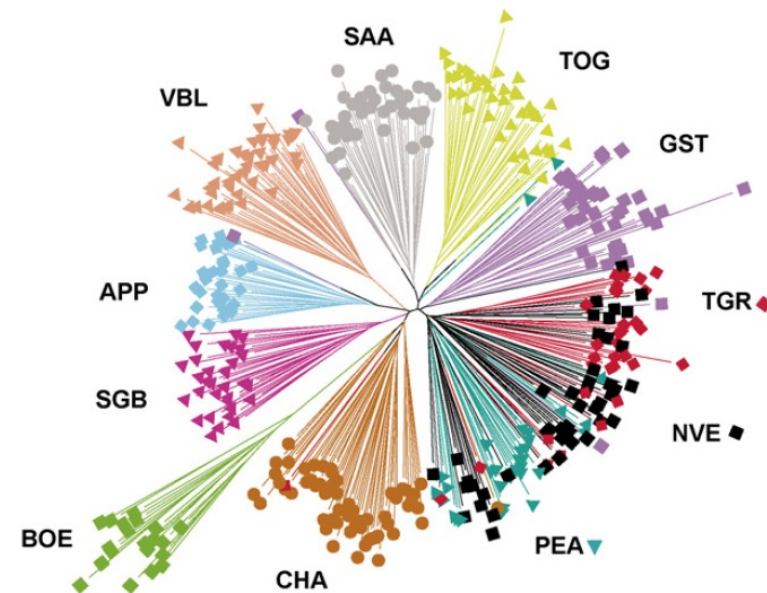


Fig. 1. Neighbor-joining tree based on the proportion of shared alleles of 11 goat breeds with 43 microsatellites. Breed code: CHA, Chamois Colored; APP, Appenzell; BOE, Boer; TGR, Tessin Grey goat; GST, Grisons Striped; NVE, Nera Verzasca; PEA, Peacock goat; SAA, Saanen; SGB, St. Gallen Booted goat; TOG, Toggenburg; VBL, Valais Blackneck.

Markus Neuditschko
Diversität Schweizer Ziegenrassen



Berner Fachhochschule
Hochschule für Agrar-, Forst- und
Lebensmittelwissenschaften HAFU



UNIVERSITÄT
BERN

Stichprobenumfang

- Basierend auf 46 Mikrosatelliten wurde die genetische Diversität innerhalb und zwischen 11 Ziegenrassen berechnet.

Stichprobenumfang Glowatzki-Mullis et al., 2008

Rasse	Rassen-Code	N
Appenzellerziege	APP	31
Burenziege	BOE	20
Gämsfarbige Gebirgsziege	CHA	57
Bündner Strahlenziege	GST	41
Nera Verzasca	NVE	45
Pfauenziege	PEA	33
Saanenziege	SAA	40
Stiefelgeiss	SGB	32
Capra Grigia	TGR	33
Toggenburgerziege	TOG	41
Walliser Schwarzhalsziege	VLB	42
TOTAL		415



Ergebnis der Diversitätsanalyse

- Innerhalb der Rassen zeigten die Appenzeller- und Walliser Schwarzhalsziegen die geringste genetische Diversität.

Genetic variability of 11 Swiss goat breeds genotyped with 43 microsatellite loci, effective population size and occurrence of bottlenecks

Breed ^a	Sample size	Average number of alleles	Average heterozygosity		Average F_{IS}	Effective population size, N_e ^b	Significance of recent bottleneck ^c
			Expected	Observed			
CHA	57	6.7	0.63	0.63	-0.001	1445	ns
APP	31	4.4	0.54	0.54	-0.003	213	ns
BOE	20	4.6	0.57	0.55	0.038	^d	ns
TGR	33	6.1	0.64	0.61	0.044	47	ns
GST	41	6.4	0.66	0.64	0.030	298	ns
NVE	45	5.8	0.63	0.62	0.017	264	ns
PEA	33	5.6	0.61	0.61	0.008	211	ns
SAA	40	5.1	0.59	0.60	-0.005	1313	ns
SGB	32	5.4	0.58	0.59	-0.028 ^e	155	ns
TOG	41	5.1	0.59	0.59	-0.003	688	ns
VBL	42	4.5	0.58	0.55	0.063 ^e	261	0.013

^a CHA, Chamois Colored; APP, Appenzell; BOE, Boer; TGR, Tessin Grey goat; GST, Grisons Striped; NVE, Nera Verzasca; PEA, Peacock goat; SAA, Saanen; SGB, St. Gallen Booted goat; TOG, Toggenburg; VBL, Valais Blackneck.

^b N_e (mass selection) according to EFABIS (<http://efabis.tzv.fal.de/>).

^c Wilcoxon's test, ns = not significant, $p > 0.100$.

^d The BOE is not a native Swiss goat breed. No data available in the breed data sheets of Switzerland in EFABIS database.

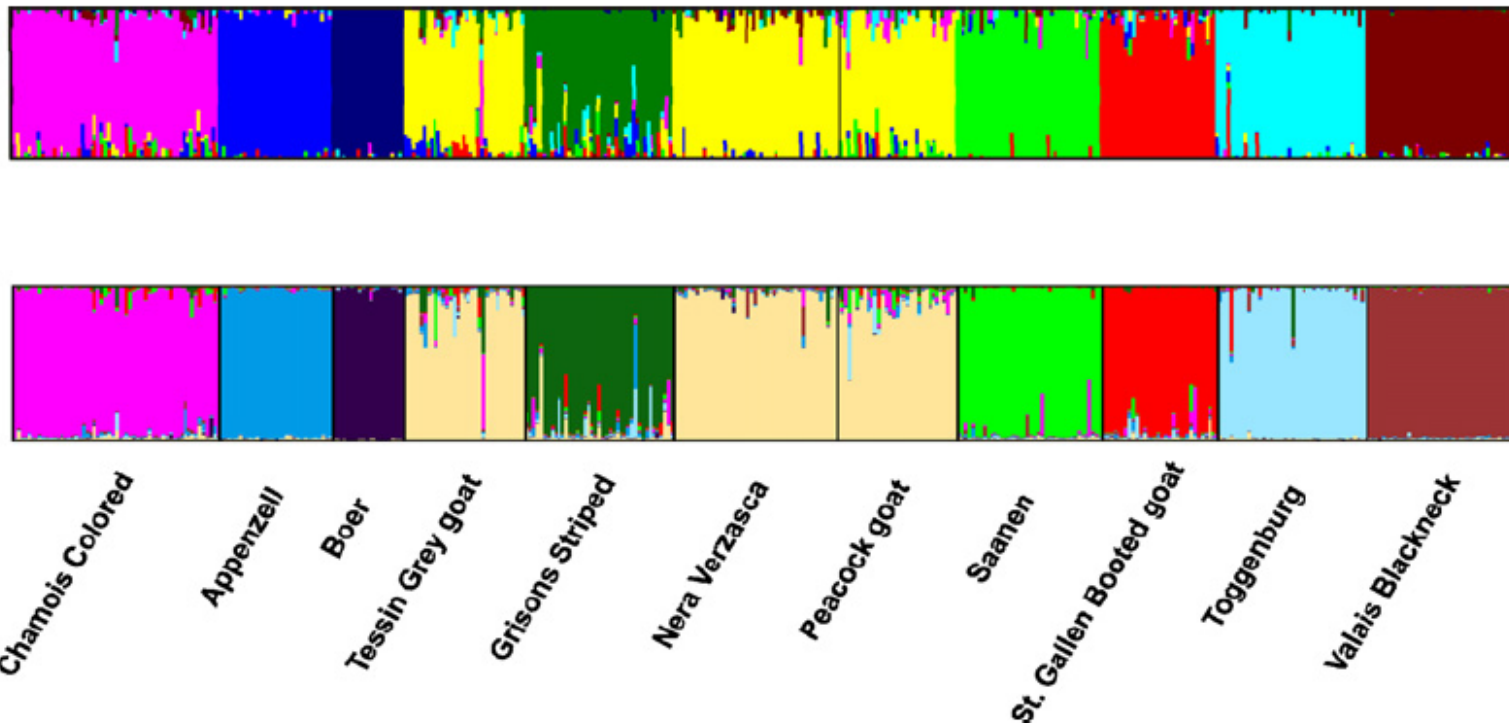
^e The 95% confidence interval does not include 0.

Glowatzki-Mullis et al., 2008



Ergebnis der Populationsstrukturanalyse

- Mit einer Baysen Clustering Analyse (STRUCTURE) konnten Capra Grigia, Nera Verzasca und Pfauenziege nicht voneinander differenziert werden (gelber Cluster).



Glowatzki-Mullis et al., 2008



Ziel unserer Studie

- Erfassung der genetischen Diversität zwischen und innerhalb Schweizer Ziegenrassen basierend auf genomweiten SNP-Genotypen (Illumina Goat SNP50 Genotyping Bead Chip®).

Rasse	Code	N (2015)	N (2008)
Appenzellerziege	APZ	24	31
Bündnerstrahlenziege	BST	24	41
Capra Grigia	CAG	23	33
Gämsfarbige Gebirgsziege	GFG	66	57
Walliser Schwarz/Kupferhalsziege	WSZ	31	42
Nera Verzasca	NEV	20	45
Pfauenziege	PFA	23	33
Saanenziege	SAN	42	40
Stiefelgeiss	STG	21	32
Toggenburgerziege	TOG	26	41
TOTAL		300	395



Berechnung genetischer Populations Parameter

- **SNP Qualitätskontrolle von 53'347 SNPs mit PLINK**

--maf 0.01	(Minor Allele Frequency)
--mind 0.1	(Missing Rate per Animal)
--geno 0.1	(Missing Rate per SNP)
--hwe 0.0001	(Hardy Weinberg Equilibrium)
= 48'7882 SNPs	

- **Anteil von polymorphen SNPs (P_N)**
- **Erwartete (H_E), beobachtete Heterozygotie (H_O) und Inzuchtkoeffizient (F) mit POWERMARKER**
- **Durchschnittliche genetische Distanz (D) zwischen Tieren mit PLINK**
- **Allelic Richness (A_R) und private Allelic Richness (pA_R) mit**

ADZE Software

Markus Neuditschko

Diversität Schweizer Ziegenrassen



Berner Fachhochschule
Hochschule für Agrar-, Forst- und
Lebensmittelwissenschaften HAFL



UNIVERSITÄT
BERN



Populationsstrukturanalysen

- **Principal Component Analysis (PCA)**
 - Berechnung der Anzahl von signifikanten Komponenten (Horns Test in R Package *paran*)
 - Berechnung der optimalen Anzahl von Clustern (Calinski Criterion)
- **High Definition Network Visualization (NETVIEW)**
- **Model based Clustering (ADMIXTURE)**
 - Berechnung der optimalen Anzahl von Clustern (Cross-Validation Error)
- **Neighbour Joining Tree (NJ)**
 - Basierend auf paarweisen F_{ST} -Distanzen



Ergebnis der Diversitätsanalyse

Rasse	Code	N	P _N	H _O	H _E	F	D (SD)	A _R	pA _R
Appenzellerziege	APZ	24	0.9291	0.3294	0.2706	-0.1898	0.2745 (0.0113)	1.7918	0.0029
Bündnerstrahlenziege	BST	24	0.9631	0.3290	0.2697	-0.1889	0.3118 (0.0195)	1.8806	0.0041
Capra Grigia	CAG	23	0.9751	0.3280	0.2717	-0.1860	0.3100 (0.0218)	1.8761	0.0028
Gämsfarbige Gebirgsziege	GFG	66	0.9834	0.3283	0.2742	-0.1840	0.3116 (0.0160)	1.8846	0.0038
Walliser Schwarz/ Kupferhalsziege	WSZ	31	0.9134	0.3281	0.2669	-0.1903	0.2835 (0.0181)	1.8111	0.0023
Nera Verzasca	NEV	20	0.9620	0.3287	0.2709	-0.1885	0.3070 (0.0175)	1.8689	0.0027
Pfauenziege	PFA	23	0.9625	0.3292	0.2697	-0.1896	0.2984 (0.0177)	1.6820	0.0028
Saanenziege	SAN	42	0.9701	0.3286	0.2749	-0.1837	0.2957 (0.0122)	1.8459	0.0036
Stiefelgeiss	STG	21	0.9491	0.3289	0.2714	-0.1883	0.2865 (0.0120)	1.8302	0.0028
Toggenburgerziege	TOG	26	0.9184	0.3285	0.2703	-0.1877	0.2725 (0.0163)	1.7930	0.0028

N Anzahl Tiere

P_N Anteil polymorpher SNPs

H_O Beobachtete Heterozygotie

H_E Erwartete Heterozygotie

F Inzuchtkoeffizient

D Durchschnittliche genetische Distanz zwischen den Tieren (SD) Standardabweichung

A_R Allelic Richness

pA_R private Allelic Richness

Markus Neuditschko
Diversität Schweizer Ziegenrassen



Berner Fachhochschule
Hochschule für Agrar-, Forst- und
Lebensmittelwissenschaften HAFL

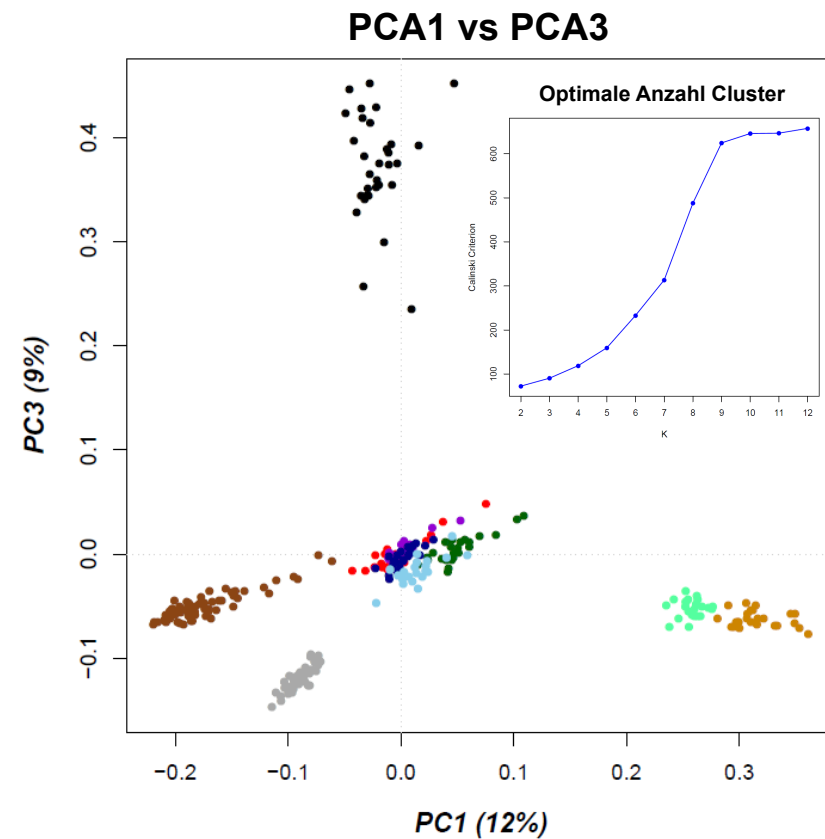
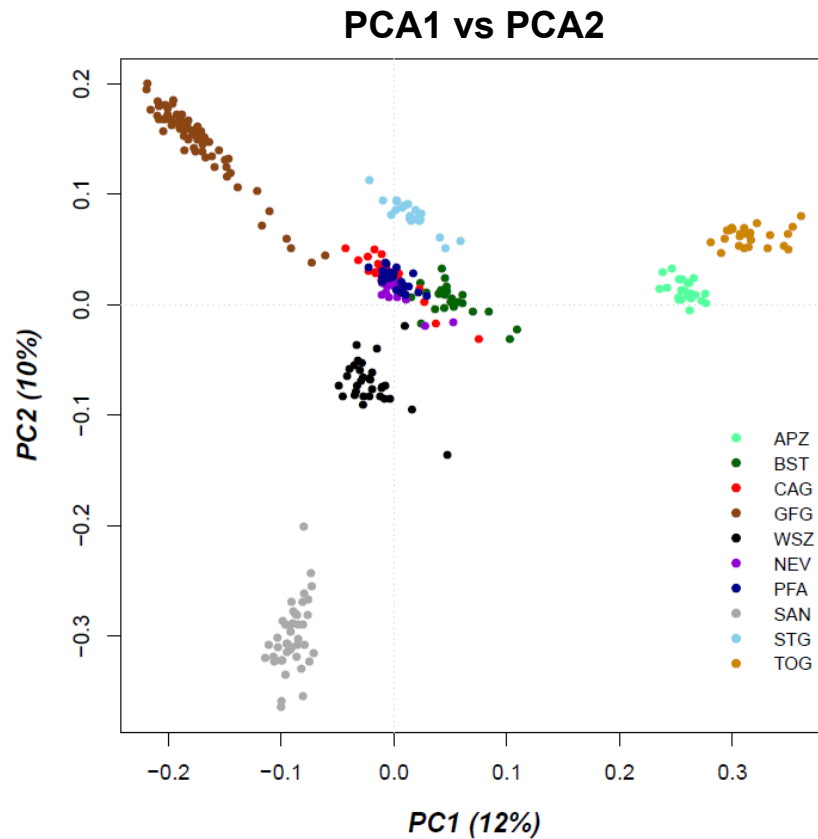


UNIVERSITÄT
BERN



Ergebnis PCA

- Anzahl signifikanter Komponenten = 9 (d.h. man müsste die Daten in einem 9 dimensionalen Raum visualisieren).



Markus Neuditschko
Diversität Schweizer Ziegenrassen



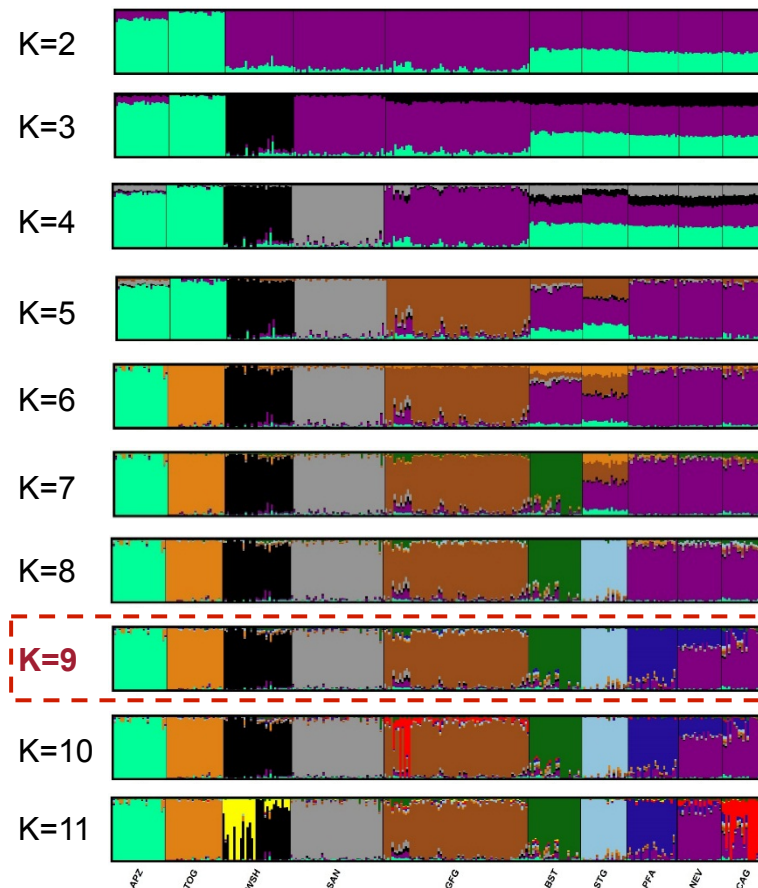
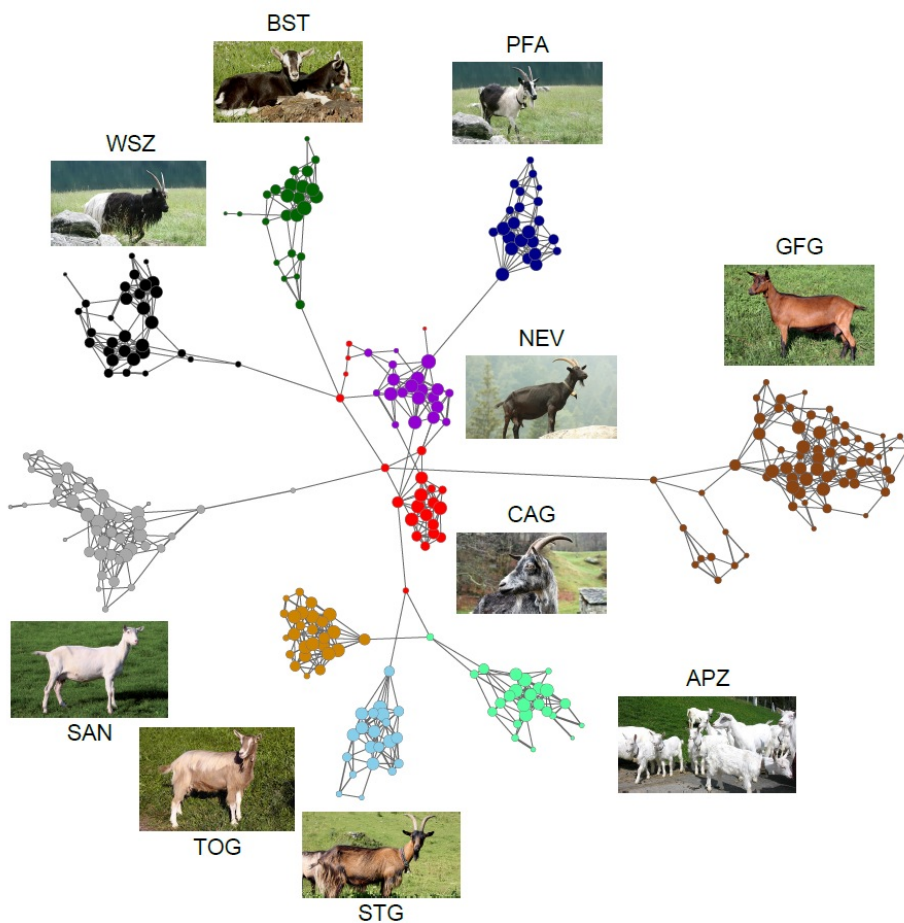
Berner Fachhochschule
Hochschule für Agrar-, Forst- und
Lebensmittelwissenschaften HAFL



UNIVERSITÄT
BERN

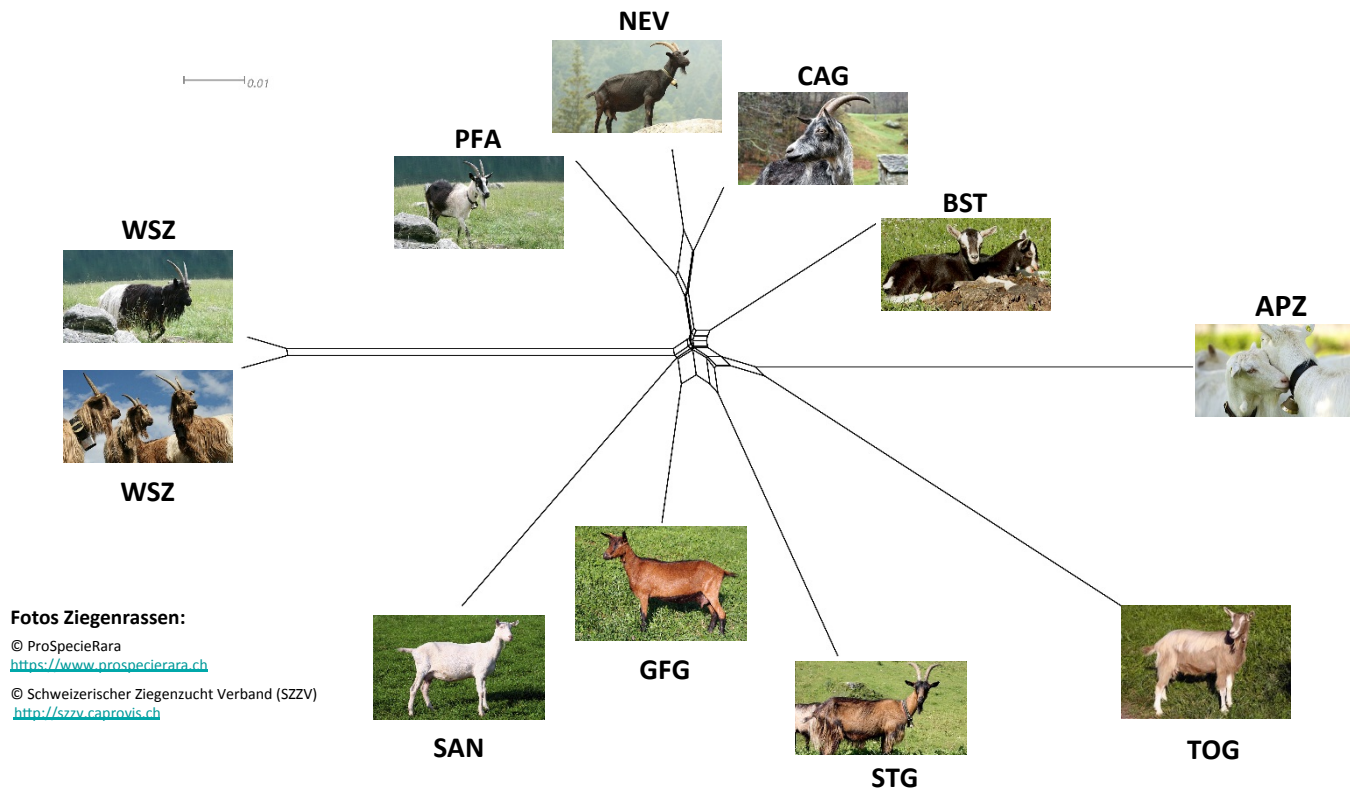


Ergebnis NETVIEW und ADMIXTURE





Ergebnis NEIGHBOUR JOINING TREE





Schlussfolgerungen

- Im Vergleich zu den Berechnungen mit Mikrosatelliten zeigen die Schweizer Ziegenrassen eine wesentlich reduzierte Diversität.

H_E Mikrosatelliten: 0.54 (APZ) – 0.66 (BST)
 H_E SNPs: 0.27 (WSZ) – 0.28 (SAN)

- Ursachen für dieses Ergebnis können eine geringere Variabilität von SNP Genotypen und ein möglicher Ascertainment Bias des aktuellen SNP Chips sein.
- Auf Basis von genomweiten SNP Genotypen war es möglich, die Pfauenziegen klar von Nera Verzasca und Carpa Grigia zu unterscheiden.
- Eine klare Differenzierung von Nera Verzasca und Carpa Grigia war auch mit SNP Genotypen nicht möglich.

Markus Neuditschko
Diversität Schweizer Ziegenrassen



Berner Fachhochschule
Hochschule für Agrar-, Forst- und
Lebensmittelwissenschaften HAFL



UNIVERSITÄT
BERN

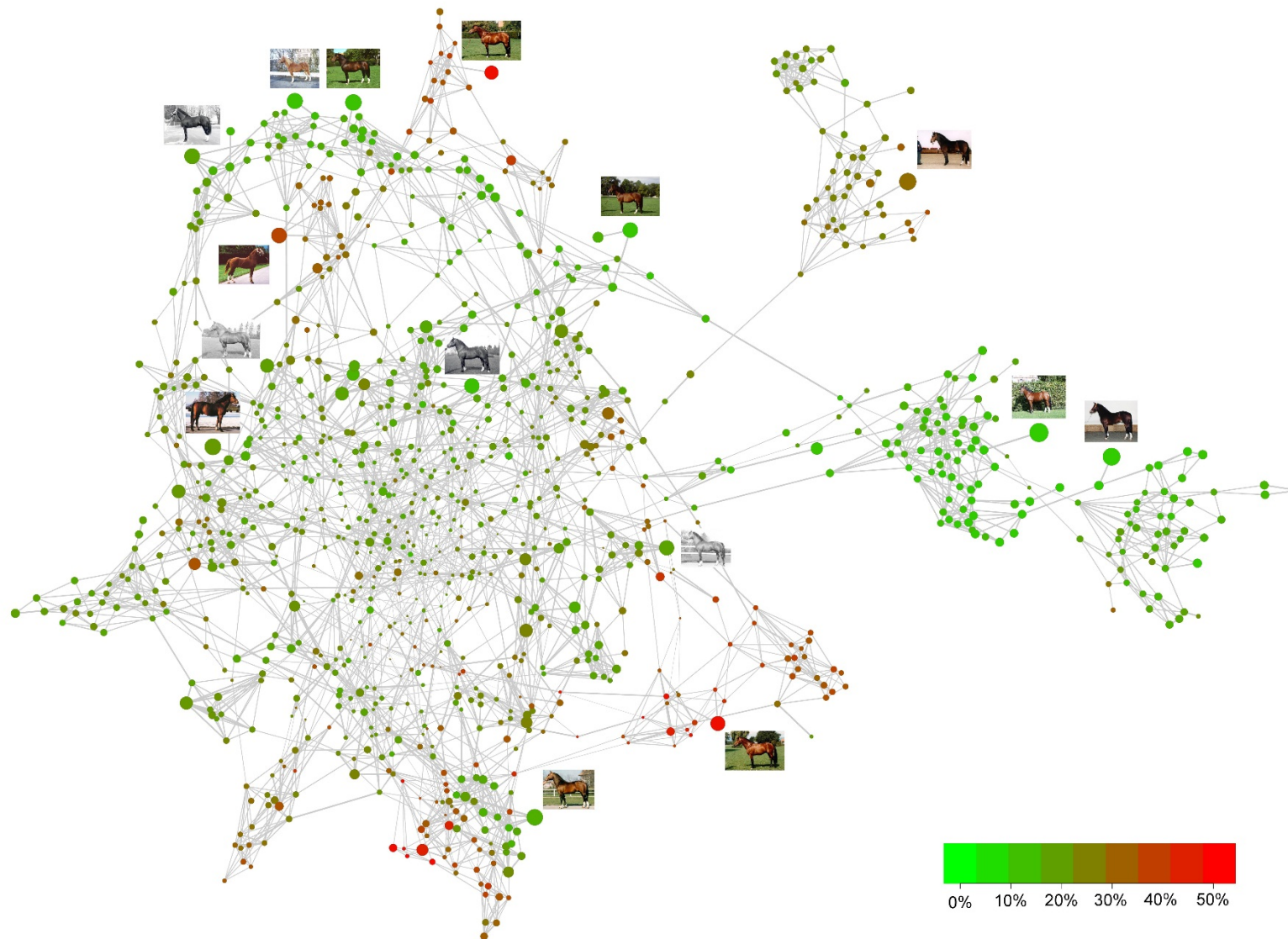


Ausblick (Things to do)

- Vergleich von pedigree- und marker Verwandtschaftsrechnungen (Rückschlüsse auf Ascertainment Bias).
- Berechnung von Runs of Homozygosity (ROH) für eine korrekte Ermittlung des Inzuchtkoeffizienten in den Rassen.
- Berechnung der effektiven Populationsgrösse (N_E) der einzelnen Rassen.
- Auffinden von Selektionssignaturen zwischen Rassen.

High resolution population structure analyses

PCA + Admixture + NetView = High Resolution Population Structure





Danke für Eure
Aufmerksamkeit!

Markus Neuditschko
Diversität Schweizer Ziegenrassen