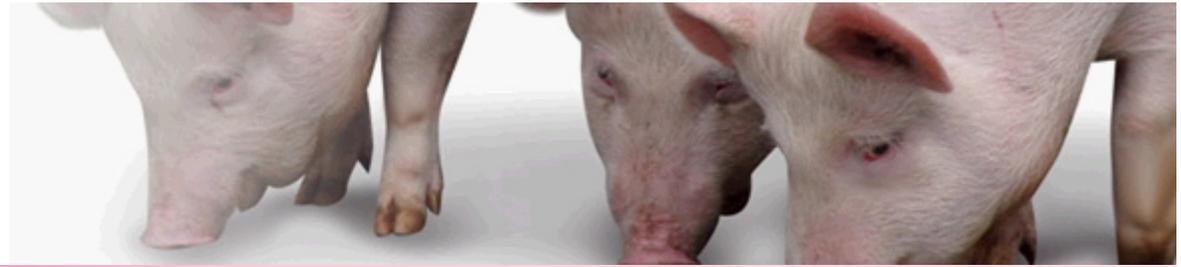




DIE BESTE WAHL



Laufende Projekte bei SUISAG und verfügbare Daten für Forschungskooperationen

Res Hofer, SUISAG
aho@suisag.ch

SABRRE-TP, 09.06.16



Themen



- ▶ **Laufende Projekte**
 - goZWS Produktion
 - Neue Fleischqualitätsmerkmale
- ▶ **Daten für Forschungsoperationen**
 - Leistungen und Pedigree
 - Genetische Marker
- ▶ **Unsere Fragestellungen**
- ▶ **Ihre Fragestellungen?**



goZWS Produktion folgt nach goZWS Reproduktion

- ▶ goZWS Reproduktion mit ssGBLUP läuft offiziell seit 1.1.2016 beim Edelschwein
 - Fimpute für Imputierung, HGinv für inverse genomische Verwandtschaft, Mix99 für Lösung MME, Apax99 für aprox. Genauigkeiten
 - 2375 typ. ES- und ESV-Tiere als Referenz (davon 460 Eber)
- ▶ Eberferkel in der zentralen Aufzucht werden als Kandidaten typisiert und nach goRZW selektiert
- ▶ Bsp. 3 Vollbrüder

Rasse	Nummer	Zeichen	ZW LGF	ZW AUF	ZW FAR	ZW IAB	RZW	B% RZW
1	8449	HS2	-0.21	-1.38	1.46	-1.05	121	26
1	8451	HS2	-0.03	-1.82	2.38	-1.81	141	26
1	8452	HS2	-0.69	-1.21	0.57	-1.27	100	26



goZWS Produktion



- ▶ Gleiche Software-Pipeline wie für goZWS Repro
 - ▶ Neue Varianzcomp. (ohne SNP) geschätzt inkl. neue Selektionsmerkmale MUFA und PUFA
 - ▶ Validierung mit Forward Prediction von
 - Phänotypen: Leider bei Validierungstieren für meiste Merkmale nicht verfügbar (Stationsprüfung)
 - ZW: nur bei hoher Genauigkeit (viele NK) aussagekräftig
- Allgemein: $u_i = w_1 \cdot PA + w_2 \cdot YD + w_3 \cdot PC + w_4 \cdot DGV + w_5 \cdot PP$
PA=parent average, YD=yield deviation, PC=progeny contribution, DGV=genomic prediction, PP=pedigree prediction based on subset of genotyped animals ($G^{-1} \cdot A_{22}^{-1}$)
- Prediction: $u_i = w_1 \cdot PA + 0 \cdot YD + 0 \cdot PC + w_4 \cdot DGV + w_5 \cdot PP$
vs. $u_i = PA$
 - Validation: $u_i = w_1 \cdot PA + \mathbf{w}_2 \cdot YD + \mathbf{w}_3 \cdot PC \left[+ w_4 \cdot DGV + w_5 \cdot PP \right]$



goZWS Produktion



- ▶ Rassen: nur eigenständig gezüchtete Edelschwein und Edelschwein Vaterlinie (PREMO®)
- ▶ Genauigkeitsgewinn v.a. für Futtermittelverwertung und Fleischqualität (nur an Geschwistern, Nachkommen in der Prüfstation erhoben).
- ▶ Konzept für Typisierung bei PREMO®: Wann, wer? Bei welchen Selektionsentscheidungen goZW nutzen?
- ▶ Einführungsentscheid FAK Zucht Okt. 2016
- ▶ Einführung 1.1.2017?



Neue Merkmale Fleischqualität an MLP

► Fettqualität

- Messung mit NIR-FOP
- MUFA und PUFA im Rückenspeck
- Messungen: Start 2013, Routine ab 2015
- Zuchtwerte mit Einführung ssGBLUP

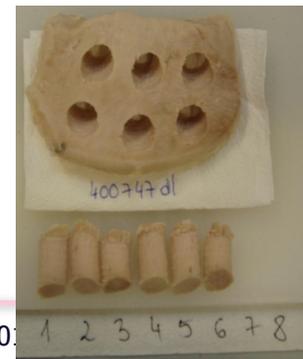
► Kochverlust

- Standardisiertes Kochen in Wasserbad
- Messungen ab 2015

► Zartheit (Textur)

- Messungen ab 2016

→ Varianz.komp. für letzte 2





Forschungskooperationen



- ▶ SUISAG verfügt über umfangreiche Pedigree- und Leistungsdaten sowie SNP-Markertypisierungen
- ▶ SUISAG ist interessiert an Forschungskooperationen
 - Stellt Daten zur Verfügung
 - Resultate frei zum Publizieren (ausser geschäftsschädigend)
 - Kaum Mittel für finanzielle Unterstützung der Arbeiten



Pedigree- und Leistungsdaten



- ▶ **Rassen:** vor allem Edelschwein Mutterlinie und Edelschwein Vaterline
- ▶ **Pedigree** bis zurück in 80er Jahr (>10 Generationen)
- ▶ **Leistungsdaten**
 - MLP: Mast-, Schlachtleistung, Fleischqualität, LB Exterieur (ca. 3500/Jahr)
 - Feld Zuchtkandidaten: Zunahmen, RSD, Muskeldicke, LB Exterieur (ca. 20'000/J)
 - Feld Endprodukte: Zunahmen, Fleischigkeit (ca. 5000/J)



SNP-Markerdaten



Rasse	Illumina 60Kv1	Illumina 60Kv2	GeneSe ek 70K	FBF60K+ custom	Total
Edelschwein Mutterlinie	36	2405	543	147	3131
Edelschwein Vaterlinie (PREMO®)	140	88	32	14	274
Landrasse	0	74	0	0	74
Duroc	0	0	18	0	18
PREMO®-Endprodukte	327	0	0	0	327
Total	503	2567	593	161	3824



Fragestellungen



Für SUISAG von Interesse?

- ▶ Genomische Verwandtschaft IBD anstatt IBS in goZWS
- ▶ Konzept Typisierung Vaterrasse PREMOMO® für goZWS
- ▶ Kochverlust, Zartheit: Varianzkompl., GWAS?

In Ihrem Interesse?

- ▶ Wir liefern rasch und unkompliziert Daten dazu.