



Schweizerische Eidgenossenschaft
Confédération suisse
Confederazione Svizzera
Confederaziun svizra

Federal Department of Economic Affairs,
Education and Research EAER

Agroscope

Identifikation einflussreicher Zuchttiere

Markus Neuditschko



8. Juni 2017, SABRE-TP Meeting, Zug

Identifikation einflussreicher Zuchttiere

- Erfassung von detaillierten Populationsstrukturen
- Genetische Diversität
- Selektion von informativen Tieren für die Re-sequenzierung und Imputation von Genotypen
- Optimiertes Zuchtmanagement



Selektion von informativen Tieren für die Re-Sequenzierung

- Aktuelle Methoden für die Selektion von informativen Tieren für die Re-Sequenzierung beschränken sich ausschließlich auf einflussreiche Ahnen (“key ancestors”).
- Diese Selektionsstrategie kann dazu führen, dass die Genotypen Phasen der Referenzpopulation nicht genau abgeleitet werden kann.
- Um die Genotypen Phasen in der Referenzpopulation zu verbessern, haben wir eine neue Methode entwickelt, welche neben den wichtigsten Ahnen auch einflussreiche Nachkommen berücksichtigt.



© ardpic





RESEARCH ARTICLE

Identification of key contributors in complex population structures

Markus Neuditschko^{1,2*}, Herman W. Raadsma², Mehar S. Khatkar², Elisabeth Jonas^{2,3}, Eike J. Steinig⁴, Christine Flury⁵, Heidi Signer-Hasler⁵, Mirjam Frischknecht^{1,6}, Ruedi von Niederhäusern¹, Tosso Leeb⁶, Stefan Rieder¹

1 Agroscope, Swiss National Stud Farm, Avenches, Switzerland, **2** Reprogen – Animal Bioscience Group, Faculty of Veterinary Science, University of Sydney, Camden, Australia, **3** SLU, Department of Animal Breeding and Genetics, Uppsala, Sweden, **4** College of Marine and Environmental Sciences, James Cook University, Townsville, Australia, **5** School of Agricultural Forest and Food Sciences, Bern University of Applied Sciences, Zollikofen, Switzerland, **6** Institute of Genetics, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Bern, Switzerland

* markus.neuditschko@agroscope.admin.ch

<http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0177638>



RESEARCH ARTICLE

Open Access



CrossMark

A strategy to improve phasing of whole-genome sequenced individuals through integration of familial information from dense genotype panels

Pierre Faux* and Tom Druet

Gonen et al. *Genet Sel Evol* (2017) 49:47
DOI 10.1186/s12711-017-0322-5

RESEARCH ARTICLE

Open Access



CrossMark

A method for the allocation of sequencing resources in genotyped livestock populations

Serap Gonen, Roger Ros-Freixedes, Mara Battagin, Gregor Gorjanc and John M. Hickey*

Identifikation einflussreicher Zuchttiere

- Durch die Eigenvalue Dekomposition (EDV) einer Verwandtschaftsmatrix (G) erhält man n Eigenwerte λ_i und n Eigenvektoren (u_i)

$$G = U \lambda U^T \quad 1.1$$

- Basierend auf diesem mathematischen Prinzip haben wir standardisierte Eigenvektoren (si) abgeleitet und die Korrelation (rij) zwischen si und gj (Verwandtschaftsvektor) jedes Tieres berechnet, wobei die Anzahl si auf k signifikante Komponenten beschränkt wurde

$$rij = si^T gj \quad 1.2$$

Identifikation einflussreicher Zuchttiere

- Tiere können anhand des “genetic contribution score” rangiert werden, wobei Tiere welche mit den top k signifikanten Komponenten korreliert sind als “key contributors” bezeichnet werden.

$$gc_j = \sum_{i=1}^k (r_{ij})^2$$

1.3

- Die Methode zur Identifizierung einflussreicher Zuchttiere ist im Statistikprogramm R implementiert und online zugänglich.

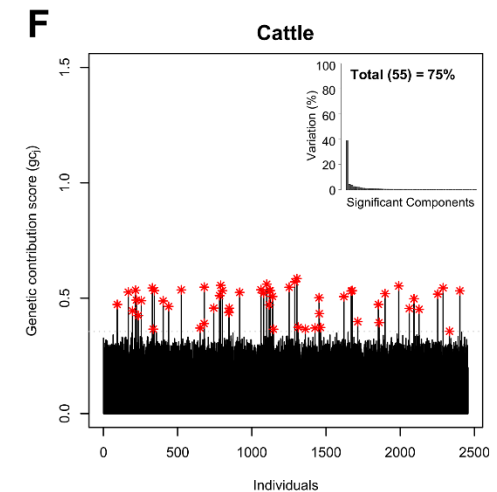
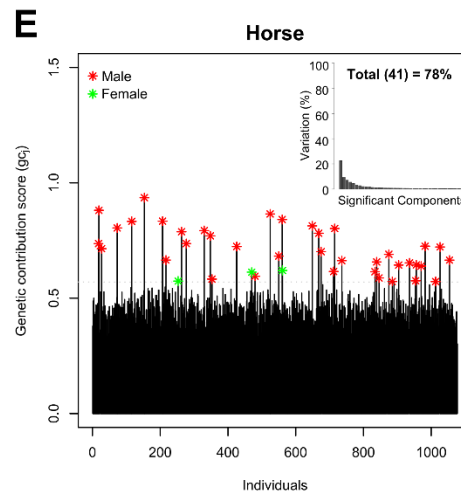
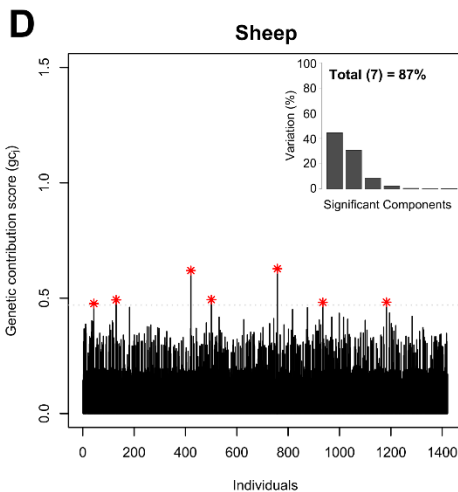
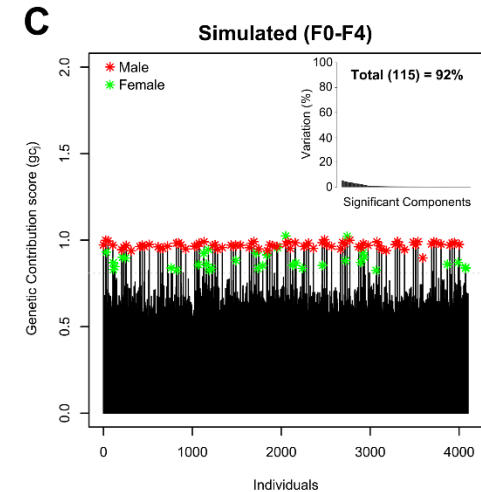
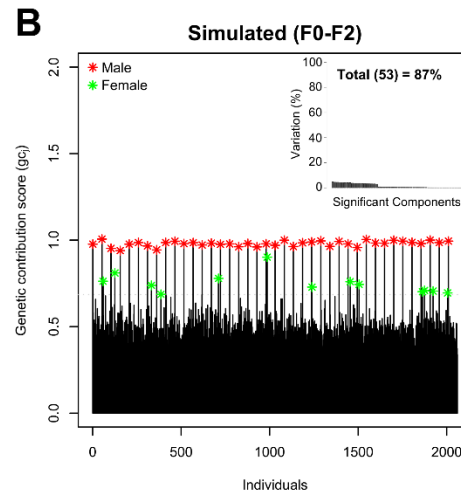
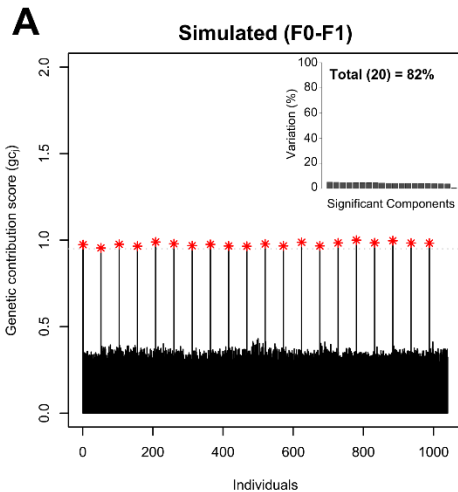
<https://github.com/esteinig/netview>.



Gentotypen Phasen

- Die Genotypen Phasen von unterschiedlich ausgewählten Referenzpopulationen verglichen.
 - (1) Berechnung marignaler Genanteile (PED)
 - (2) Maximierung der erwarteten Verwandtschaft der Referenzpopulation (REL)
- Nach der Selektion der Tiere (20 – 80) wurde die abgeleiteten Haplotyp Phasen mit der tatsächlichen Phasen verglichen.
- Die Phasen Genauigkeit wurde anhand der Switch-error-rate ermittelt.

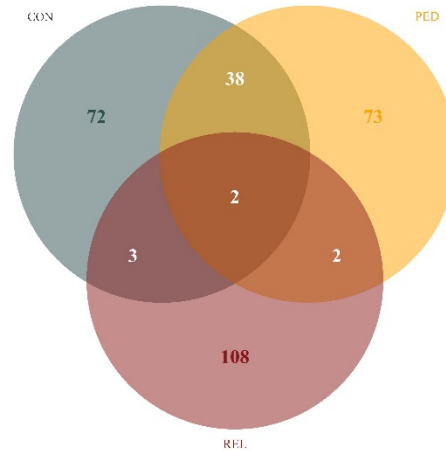
Identifikation einflussreicher Zuchttiere



Identifikation einflussreicher Zuchttiere

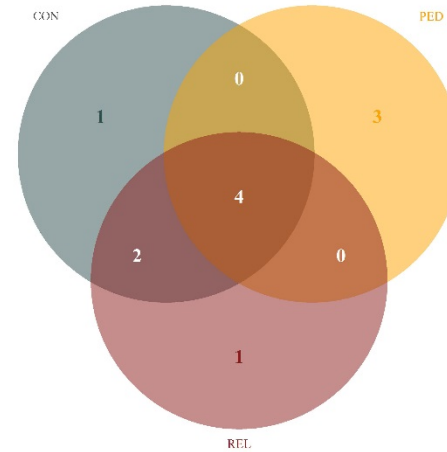
A

Simulated population (N=115)



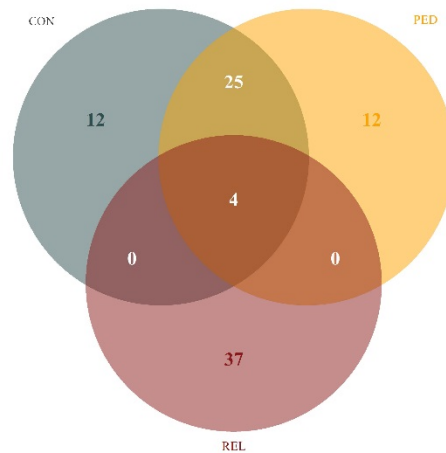
B

Sheep population (N=7)



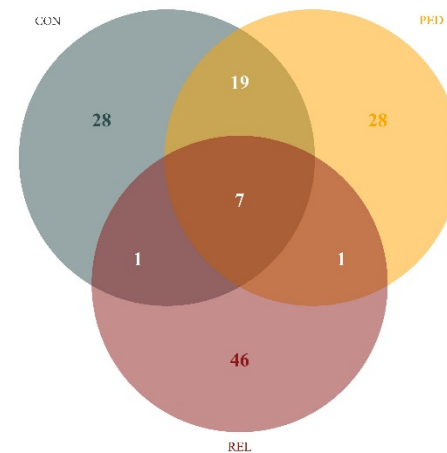
C

Horse population (N=41)



D

Cattle population (N=55)





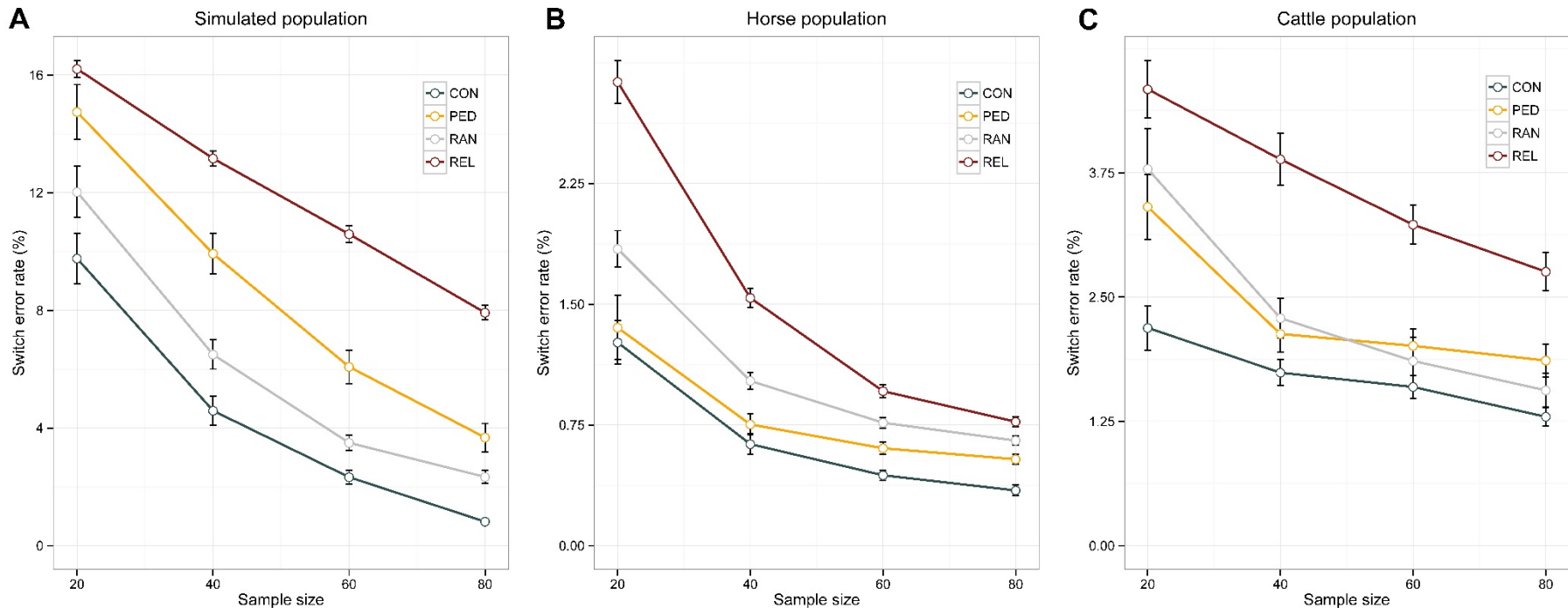
Genotypen Phasen Genauigkeit

Tabelle 1. Switch-error-rate der ausgewählten Referenzpopulationen

Strategy	Simulated Data (N=115)	Sheep Data (N=7)	Horse Data (N=41)	Cattle Data (N=55)
CON	0.35%	0.26%	0.62%	1.64%
REL	4.27%	0.31%	1.52%	3.48%
PED	0.41%	0.27%	0.74%	2.10%
RAN	1.39%	0.94%	0.97%	1.70%



Genotypen Phasen Genauigkeit



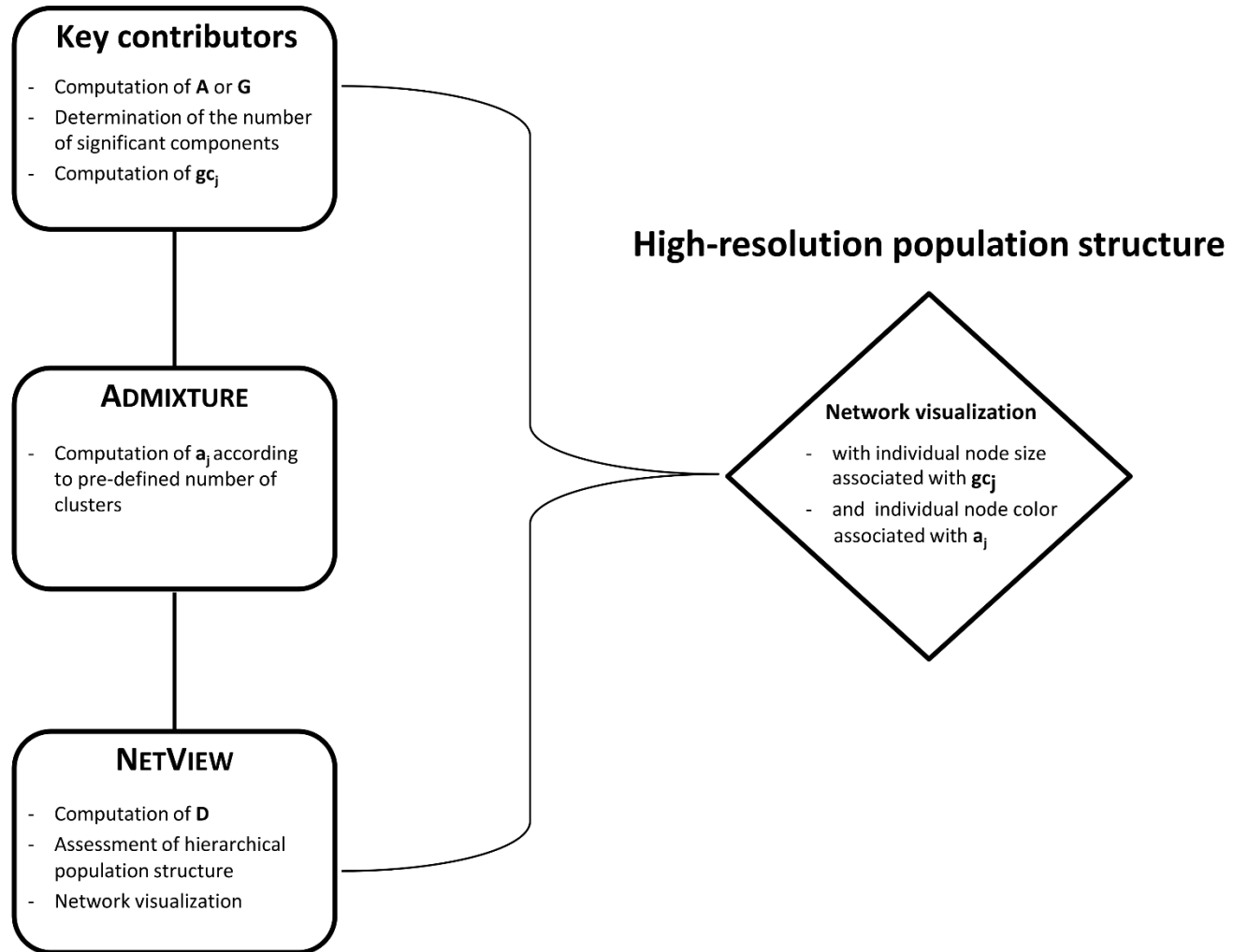


Schlussfolgerung und Ausblick

- Unsere Methode erfolgreich angewendet werden kann um einflussreiche Zuchttiere (Ahnen und Nachkommen) zu identifizieren.
- Durch die Auswahl einflussreicher Zuchttiere (“key contributors”) konnte die Genotypen Phasen Genauigkeit der Referenzpopulation wesentlich verbessert werden.
- REL Strategie nicht möglich war die wichtigsten Ahnen (“key ancestors”) im simulierten Datensatz zu identifizieren.
- Überprüfen wie sich die Verbesserung der Genotypen Phasen Genauigkeit der Referenzpopulation auf die Genotypen Imputation der restlichen Population auswirkt (WCGALP Beitrag).



Populationsstrukturanalysen



PUG Sire_2

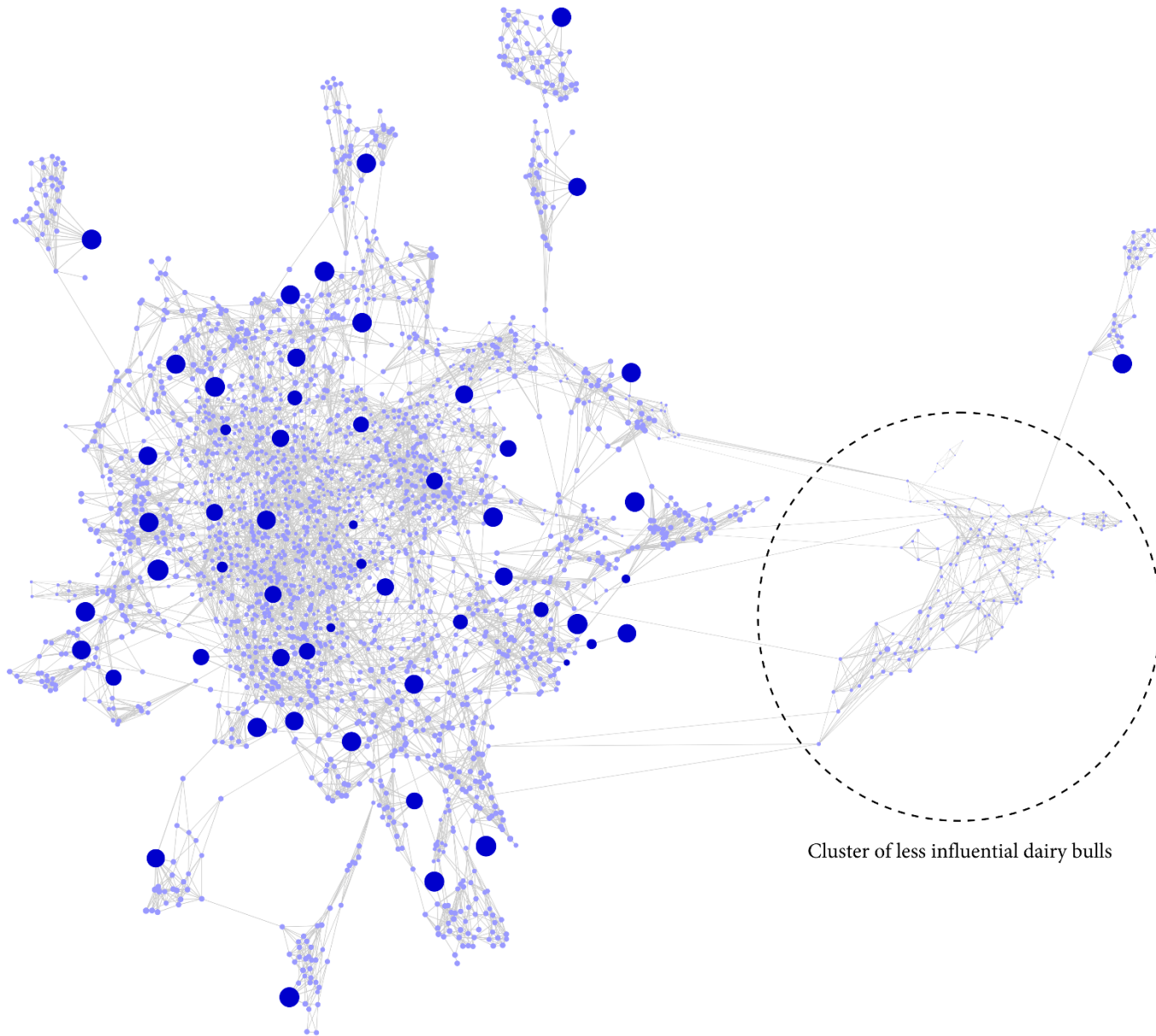
PUG Sire_1

PUG Sire_3

PUG Sire_4

PUG Sire_5







Danke für Eure Aufmerksamkeit!



Agroscope Swiss national Stud Farm