

Aspects of Genome Enabled Applications in the Bavarian Herdbook Population

Marvin Gertz, MSc

1. Berichterstatter: Prof. Dr. G. Thaller

Die genomische Selektion (GS) hat bis zum heutigen Tage nahezu revolutionäre Veränderungen in der Tierzucht bewirkt. Allerdings ist eine umfassende Implementierung in die Schweinezucht bisher nicht erfolgt. Die hier vorgelegte Arbeit liefert relevante Hinweise zu Einflussfaktoren, die für eine solche Implementation unter den gegebenen Umständen relevant sein können, aber auch erste Ergebnisse aus der Anwendung der GS an Tieren aus dem Bayerischen Herdbuch, sowie Ergebnisse einer Assoziationsanalyse zur Suche von potentiellen Kandidatengen in dieser Stichprobe. In der in Kapitel 2 geschilderten Studie wurde das Validierungsverfahren „Forward-Prediction“ anhand verschiedener Szenarien untersucht, wobei die statistischen Rahmenbedingungen weitestgehend der realen Situation im Bayerischen Herdbuch entsprachen. Die Ergebnisse zeigen, dass die tatsächliche Sicherheit des genomischen Zuchtwertes teilweise deutlich unterschätzt wird, die Übereinstimmung der Validierungssicherheit mit der tatsächlichen Sicherheit jedoch deutlich verbessert werden kann, wenn man während der Validierung für die Qualität der Response-Variablen korrigiert. Die in Kapitel 3 dargestellte Untersuchung hatte das Ziel, Optionen einer Implementation der genomischen Zuchtwertschätzung für das Bayerische-Herdbuchzucht zu untersuchen. Es wurden dabei neben den klassischen Misch-Modell Sicherheiten, Forward-Prediction Sicherheiten sowie die davon abgeleiteten „Realisierten Sicherheiten“ berechnet. Die Ergebnisse dieser Untersuchung deuten auf ein grundsätzlich vorhandenes Potential einer Implementierung hin, da in allen geprüften Merkmalen eine im Vergleich zur Pedigree-Sicherheit um ca. 31% - 36% erhöhte genomische Sicherheit gefunden wurde. Allerdings zeigten sich je nach gewählter Validierungsmethode zum Teil deutliche Unterschiede in den angezeigten Validierungssicherheiten, wobei die genomischen Misch-Modell Sicherheiten die konsistentesten Ergebnisse lieferten. In der in Kapitel 4 berichteten Studie wurde die Stichprobe aus Kapitel 3 genutzt um eine genomweite Assoziationsanalyse durchzuführen. Da die vorliegende Stichprobe einen großen Anteil an Tieren mit geringer Phänotyp-Sicherheit beinhaltete, wurde versucht, den Anteil an Mendelian-Sampling-Information in der Stichprobe nachträglich zu erhöhen. Zu diesem Zweck wurden gezielt solche Tiere von der Analyse ausgeschlossen, die eine Mindest-Sicherheit von 0.40 im deregressierten Zuchtwert unterschritten. Dass das resultierende Signifikanzniveau der beobachteten Assoziationen in einer vergleichenden Analyse durch den Ausschluss dieser Tiere erhöht werden konnte, weist auf einen vorteilhaften Effekt eines solchen Filter-Ansatzes hin. Die gefundenen Assoziationen lieferten Hinweise auf Kandidatengen sowie Übereinstimmungen mit bekannten Quantitative Trait Loci beim Schwein. In Kapitel 5 werden abschließend noch zusätzliche Ergebnisse präsentiert, welche sich vor allem mit den Unterschieden zwischen Cross-Validation und Forward-Prediction, sowie dem Einfluss der in der Stichprobe vorliegenden Verwandtschaftsstruktur auf die Validierungsergebnisse befassen.