

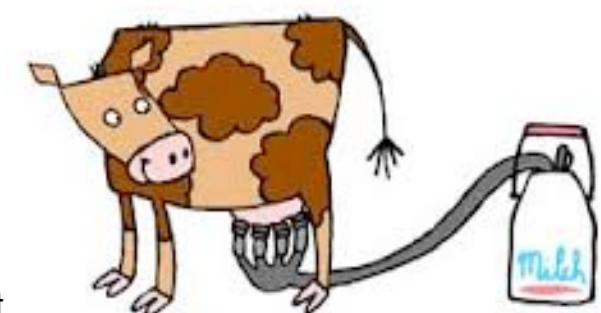


751-6212-00L
Angewandte Zuchtwertschätzung für
Nutztiere

Birgit Gredler-Grandl

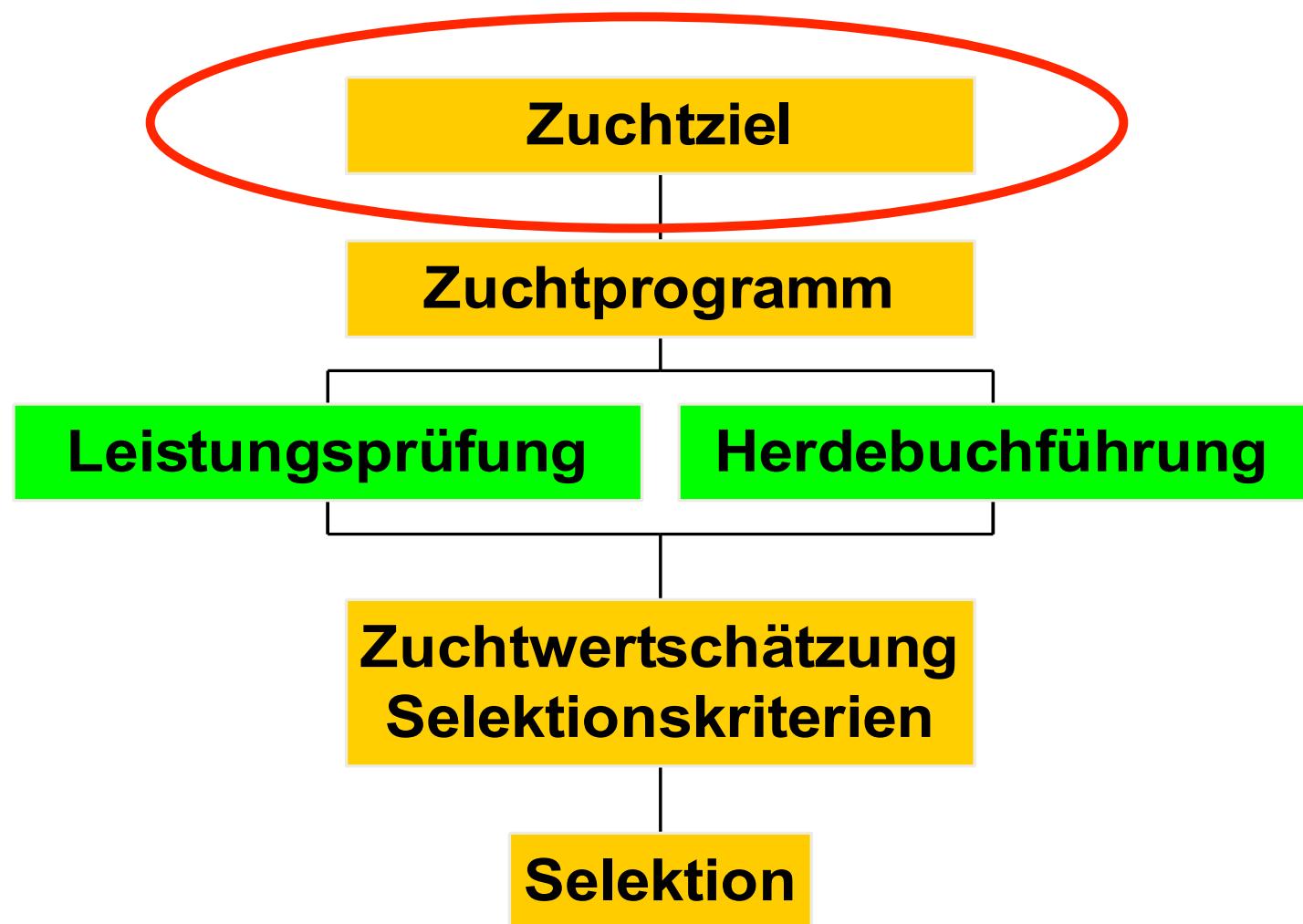
Zuchtwertschätzung Melkbarkeit

- Eigenschaft einer Kuh, Milch gleichmässig und vollständig abzugeben
- Angestrebt wird ein Optimum und nicht das Extrem
- Daten aus Befragung der Züchter bei Erstmelkkühen
- Gleiches Verfahren wie ZWS Exterieur
- Heritabilitäten: 0.17 (gemeinsame ZWS)
0.14 (Braunvieh)
- Standardisierung 100/12
- Basis 6- bis 8-jährige Kühe



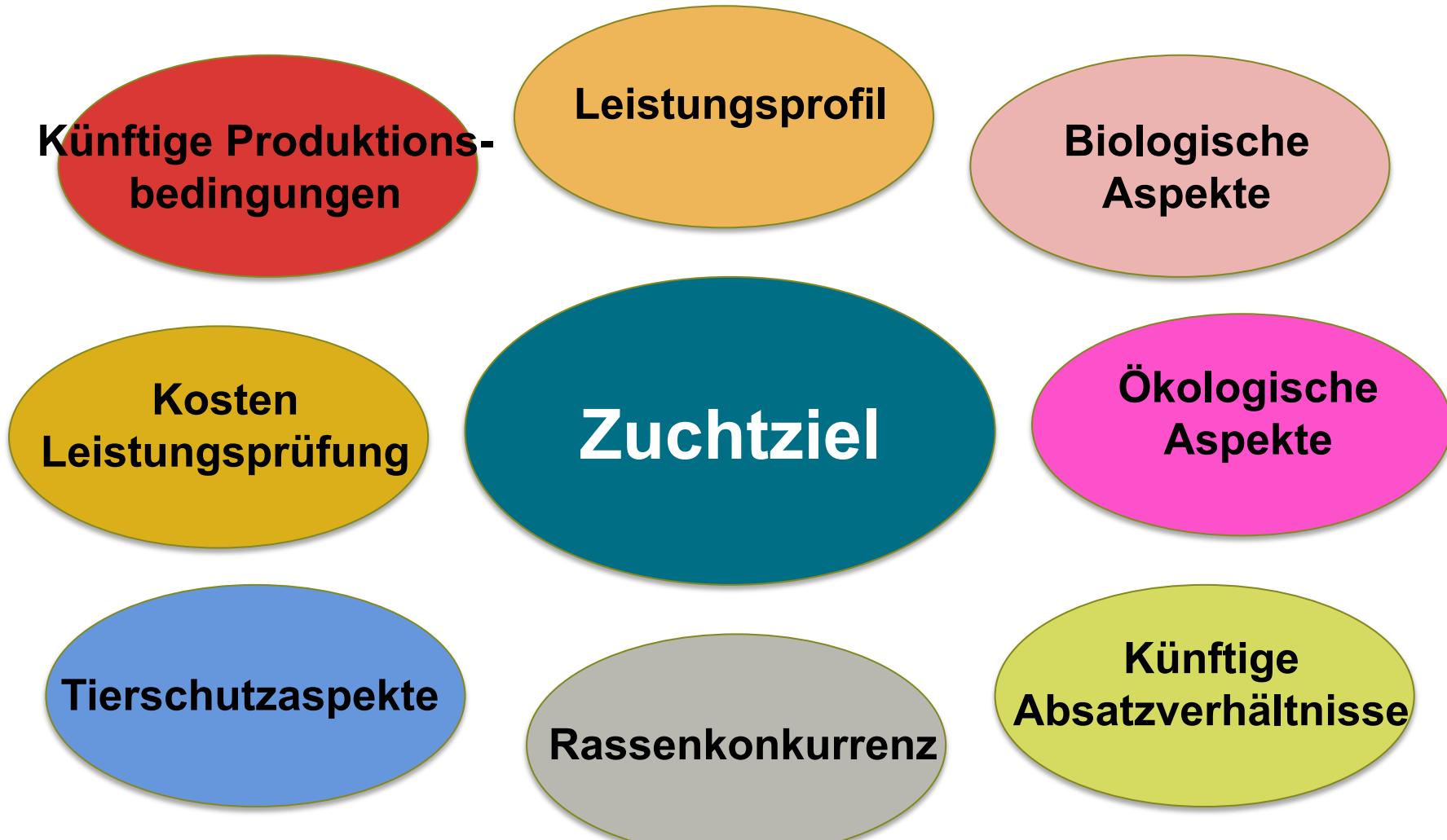
Gesamtzuchtwert Milchwert Fitnesswert

Schritte im Zuchtgeschehen



Zuchzieldefinition

Bestimmungsfaktoren zur Zuchzielsetzung nach Essl (1999)



Zuchzieldefinition

- Zuchzieldefinition nach Fewson (1993):
- „*Erstellung von vitalen Tieren, welche unter zukünftigen Rahmenbedingungen einen höchst möglichen Gewinn sicherstellen*“
- Zuchziel muss **neben Produktionsmerkmalen auch funktionale Merkmale** wie Fitness und Gesundheit enthalten.
- **Ökonomische Gesamtzuchtwert (GZW)**
 - Ist die mathematische Definition des Zuchzieles
 - Im GZW werden Merkmale gemäss ihrer wirtschaftlichen Bedeutung kombiniert.

Wahre Gesamtzuchtwert entspricht Zuchziel

Lineare Funktion der wahren Zuchtwerte:

$$A = w_1 A_1 + w_2 A_2 + \dots + w_m A_m$$

A = wahrer Gesamtzuchtwert (aggregierter Genotyp)

m = Anzahl Merkmale im wahren Gesamtzuchtwert

w_i = ökonomisches/wirtschaftliches Gewicht des Merkmals i

Wirtschaftliches Gewicht

Hazel (1943):

- Wirtschaftliches Gewicht ist definiert als die Änderung des Gewinnes, die sich durch die **genetisch bedingte** Produktionsänderung eines Merkmals um eine Einheit unter Konstanthaltung aller weiteren Merkmale im Gesamtzuchtwert.
- Wie ändert sich der Gewinn, wenn ein Merkmal genetisch verbessert wird?
- Grenznutzen der genetischen Verbesserung eines Merkmals um eine Einheit
- Nicht absolute Höhe entscheidend, sondern relative Gewichtung der Merkmale im Gesamtzuchtwert zueinander

Zuchziel - Gesamtzuchtwert

- Wahre Gesamtzuchtwert bleibt generell unbekannt und kann nur geschätzt werden
- Um wahren Gesamtzuchtwert zu schätzen, wird ein Selektionsindex definiert

$$I = w_1 gA_1 + w_2 gA_2 + \dots + w_n gA_n$$

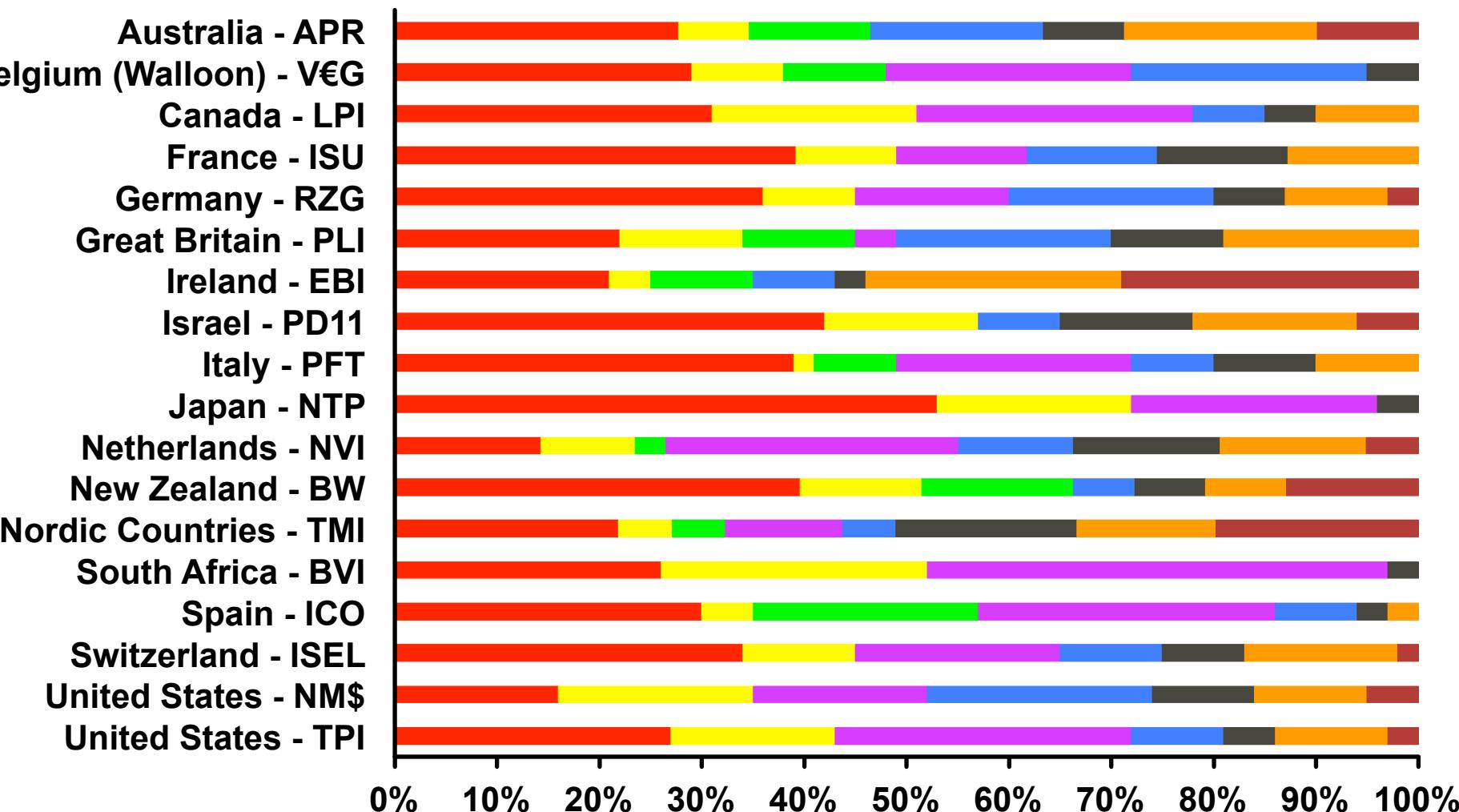
I = Index auf Basis geschätzter BLUP-Zuchtwerte

n = Anzahl Merkmale in der Zuchtwertschätzung

w_i = ökonomisches/wirtschaftliches Gewicht des Merkmals i

gA_i = geschätzter BLUP-Zuchtwert des Merkmals i

Gesamtzuchtwerte Holstein weltweit



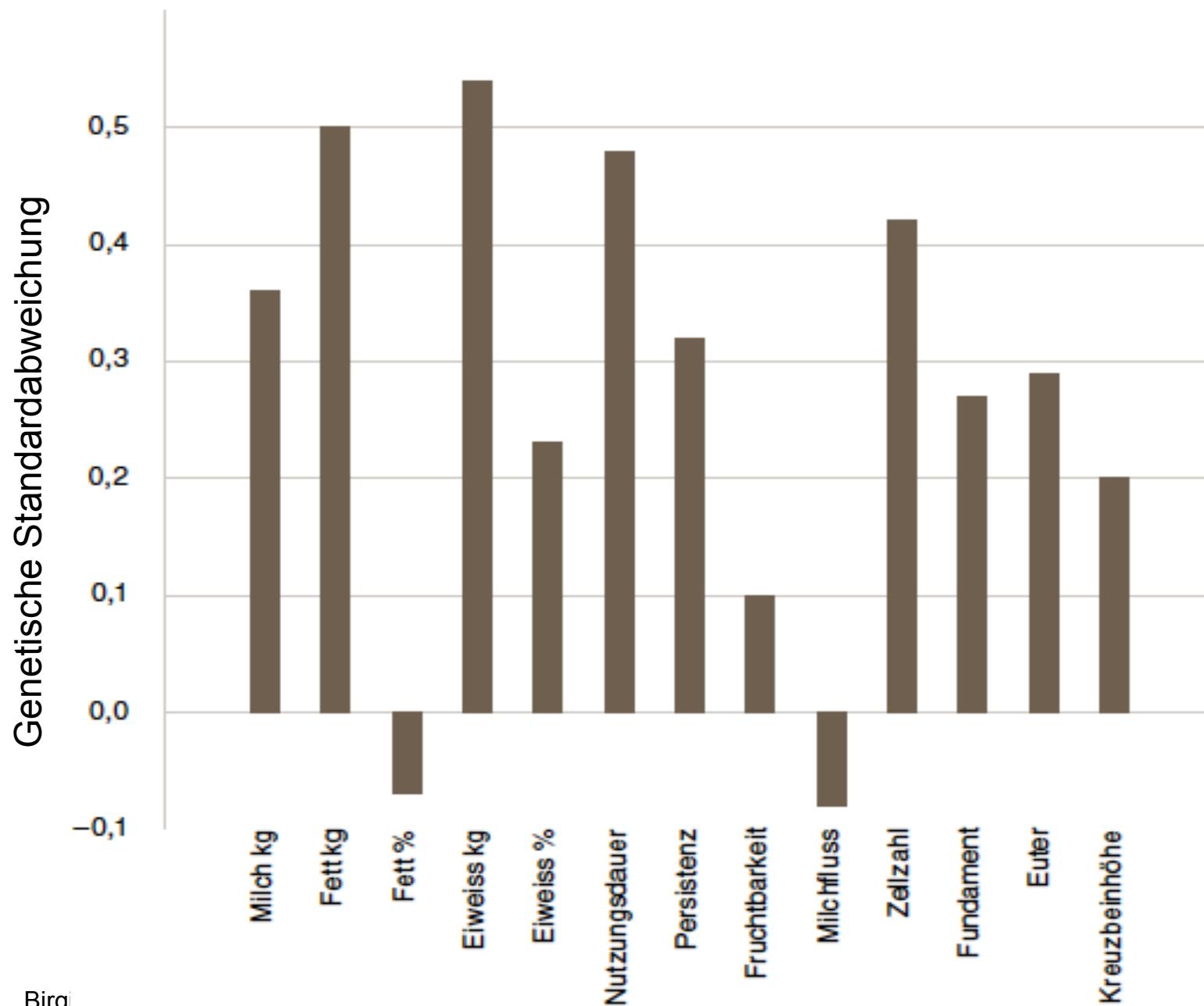
■ Protein (kg) ■ Fat (kg) ■ Milk (kg) ■ Type ■ Longevity ■ Udder Health ■ Fertility ■ Others

Gesamtzuchtwert Braunvieh

Standardisierung: 1000/120

Merkmal	GZW BV	Relative Gewichtung der Merkmale in %
Milchmenge	10	Milch 45
Eiweissmenge	27	
Eiweissgehalt	8	
Fundament	3	Exterieur 13
Euter	10	
Persistenz	5	
Nutzungsdauer	5	Fitness 42
Zellzahl	12	
Fruchtbarkeit	20	

Zuchtfortschritt je Generation



Gesamtzuchtwert Original Braunvieh

Standardisierung: 1000/120

Merkmal	GZW Original Braunvieh Relative Gewichtung der Merkmale in %	
Milchmenge	Milch 30	8
Eiweissmenge		17
Eiweissgehalt		5
Fleisch	Fleisch 20	20
Becken		5
Fundament	Exterieur 15	4
Euter		6
Persistenz		3
Nutzungsdauer	Fitness 35	10
Zellzahl		8
Fruchtbarkeit		14

Gesamtzuchtwert Weide Braunvieh WZW

Merkmal	WZW %
Milchmenge	7
Eiweissmenge	17
Eiweissgehalt	6
Fundament	4
Euter	6
Persistenz	10
Nutzungsdauer	5
Zellzahl	10
Fruchtbarkeit	20
Kreuzbeinhöhe	15
	15

- Hilfsmittel für die Zucht einer robusten Raufutterkuh mit einer hohen Milchproduktionseffizienz
- Anteil der Milchenergie am gesamten Futterenergiebedarf einer Kuh inkl. Erhaltungsbedarf
- Bei gleicher Leistung ist die leichtere Kuh effizienter.
- Kreuzbeinhöhe im WZW **negativ** gewichtet

Gesamtzuchtwert Weide Original Braunvieh WZW

Merkmal	WZW %
Milchmenge	6
Eiweissmenge	13
Eiweissgehalt	4
Fleisch	16
Fundament	4
Euter	6
Persistenz	5
Nutzungsdauer	5
Zellzahl	15
Fruchtbarkeit	20
Kreuzbeinhöhe	6

Index Selektion Total Holstein und Swiss Fleckvieh

Standardisierung: 1000/120

Merkmal	ISET Holstein		ISET Swiss Fleckvieh	
Fettkg	5	Milch 40	10	Milch 40
EWkg	27		20	
EW%	8		10	
Fundament	8	Exterieur 20	10	Exterieur 20
Euter	12		7.5	
Zitzen			2.5	
Persistenz	4	Fitness 40	4	Fitness 35
Zellzahl	10		6	
Nutzungsdauer	8		5	
Fruchtbarkeit	18		20	
Körpergewicht (KG)			5	KG 5



Index Selektion Total Simmental

Standardisierung: 1000/120

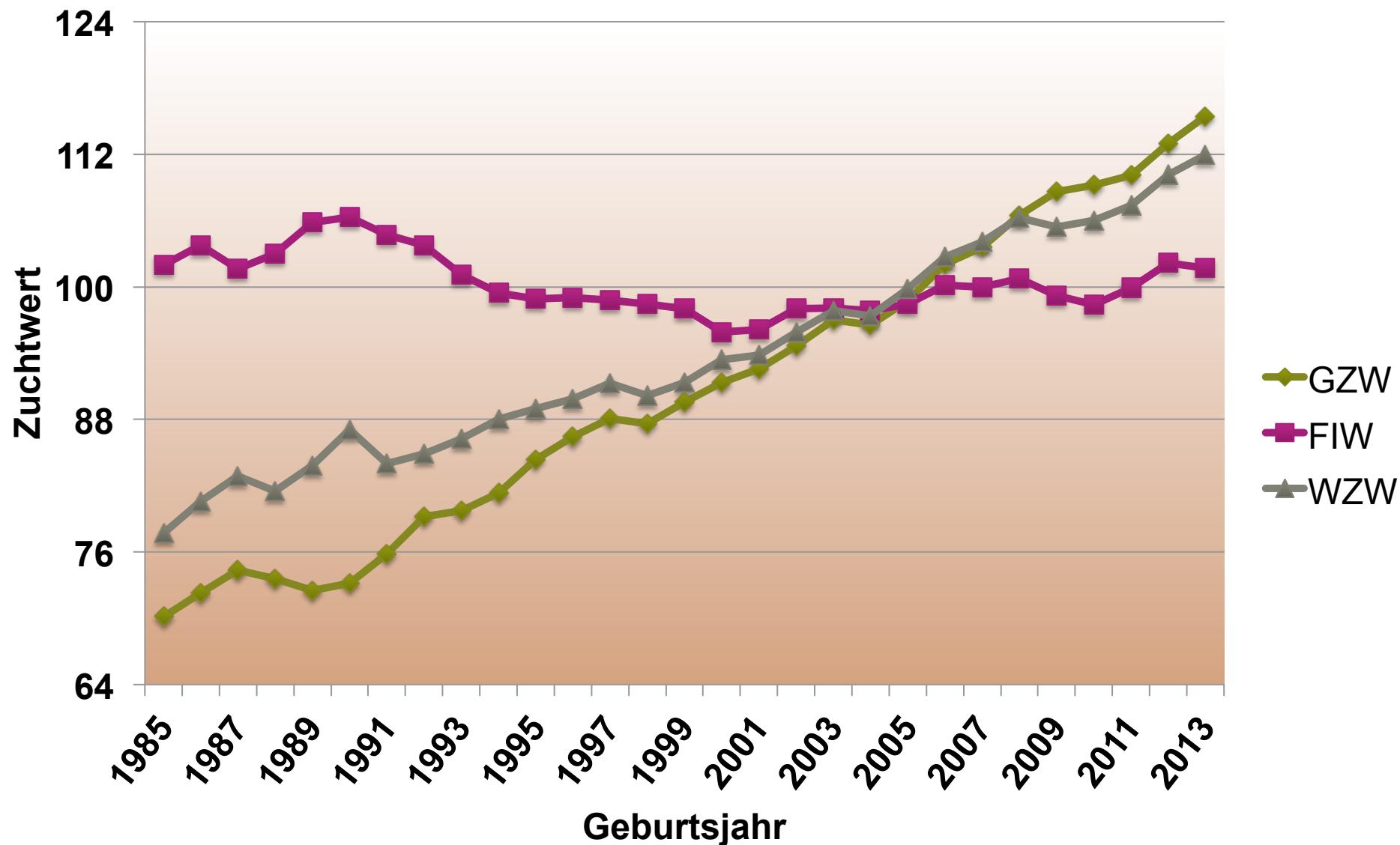
Merkmal	ISET Simmental %
Fettkg	6
Fett%	3
EWkg	16
EW%	7
Fleisch	20
Zellzahl	5
Nutzungsdauer	6
Persistenz	4
Fruchtbarkeit	7
Milchfluss	3
Normalgeburten	3
Fundament	5
Gesamtnote	15

Teilzuchtwerte

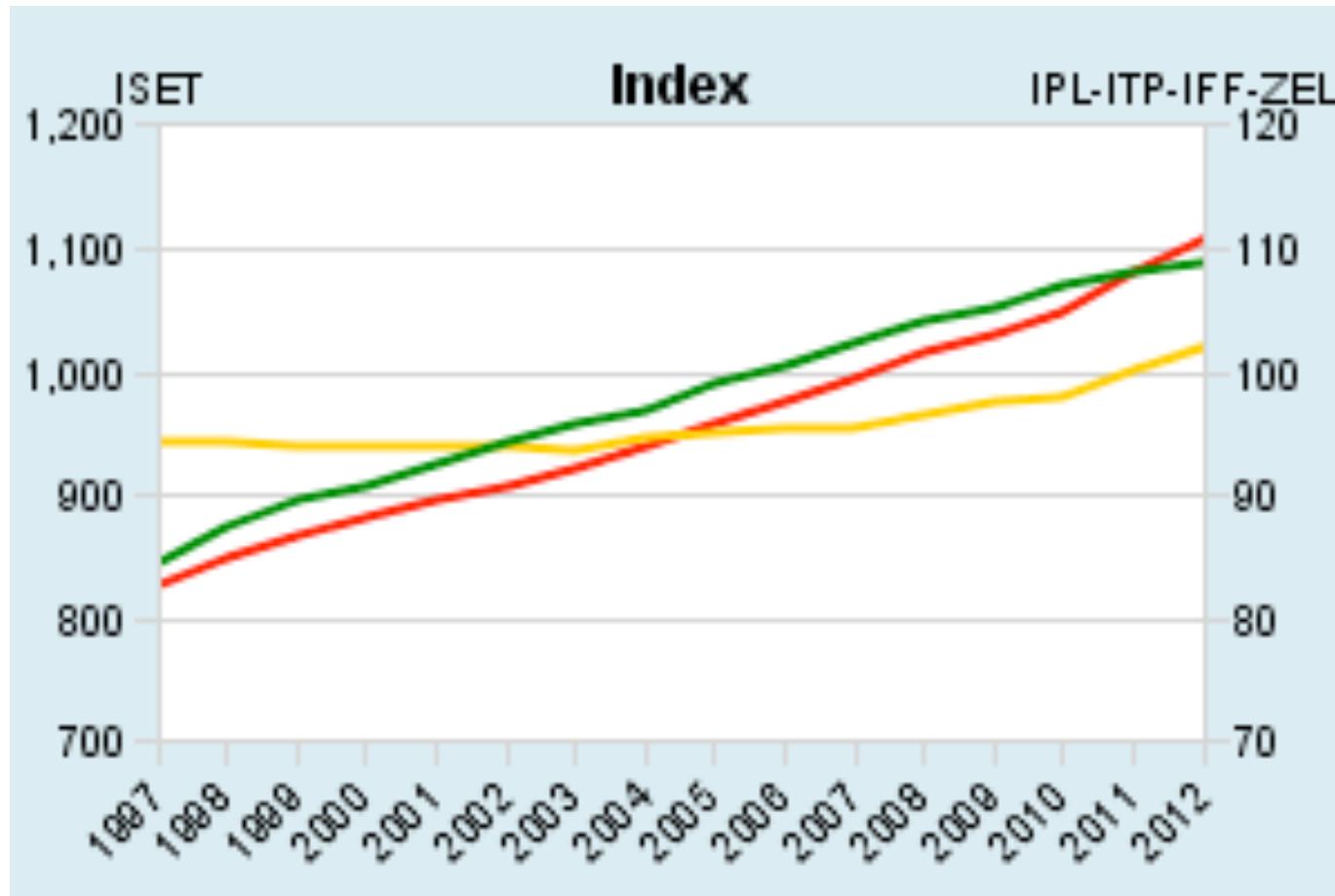
- Braunvieh
- Milchwert: 25% Milchmenge, 60% Eiweissmenge, 15% Eiweissgehalt
- Fitnesswert: 13% Persistenz, 28% Nutzungsdauer, 25% Zellzahl, 25% Fruchtbarkeit, 4% Milchfluss

- Holstein, Swss Fleckvieh, Simmental
- Index Produktion Leistung (IPL)
- Index Funktionalität und Fruchtbarkeit (IFF)

Genetischer Trend Braunvieh

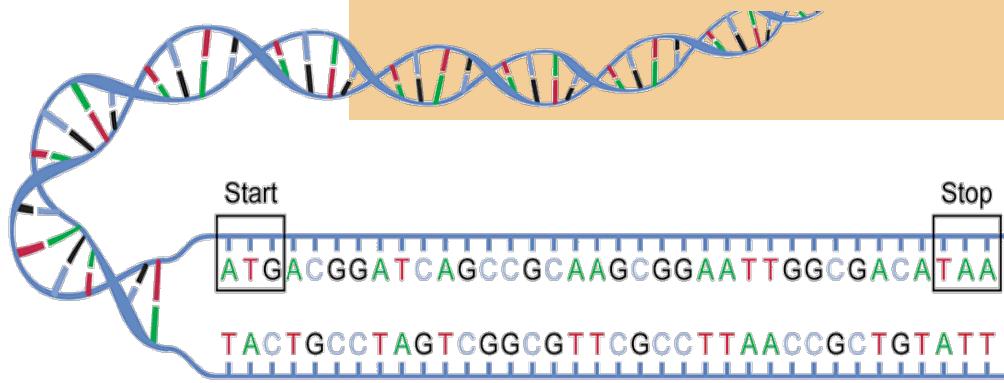


Genetischer Trend Holstein



ISET
IPL
IFF

Genomische Selektion und genomische Zuchtwertschätzung



Genomische Selektion: eine neue Ära ...

- Theorie zur Genomischen Selektion wurde publiziert bevor technische Möglichkeiten gegeben waren:
- *Meuwissen, T., Hayes, B., Goddard, M. 2001: Prediction of Total Genetic Value Using Genome-Wide Dense Marker Maps. Genetics 157: 1819-1829*
- Zeigten züchterische Möglichkeiten von hochdichten Markerkarten für die Zuchtwertschätzung auf (Simulationsstudien).
- Sicherheit des genomischen Zuchtwertes liegt bei 80%

> 1'000'000 Genotypisierungen Holstein USA

[-]	>= 40K				Lower Density (< 40K)				Imputed*		Total
	Old		Young		Old		Young				
Run	Male	Female	Male	Female	Male	Female	Male	Female	Old	Young	
Date	Male	Female	Male	Female	Male	Female	Male	Female	Old	Young	
1705	36138	37987	66384	52688	277	320086	112182	912609	3892	1875	1544118
1704	36133	37886	64882	50442	277	318997	109980	875450	3863	1867	1499777
1703	35510	36999	64368	49622	217	279359	108612	892993	3856	1877	1473413
1702	35507	36933	62796	47964	217	277852	107367	863597	3830	1862	1437925
1701	35512	36404	61634	46771	215	276476	104731	827580	3800	1839	1394962
1612	35509	36375	61332	46313	215	275300	101864	798186	3775	1820	1360689

.....

0908	8512	3728	12137	3670	0	0	0	0	0	0	28047
0906	7883	3049	11459	2974	0	0	0	0	0	0	25365
0904	7600	2711	9685	1937	0	0	0	0	0	0	21933
0901	7330	1319	6448	1560	0	0	0	0	0	0	16657

https://www.uscdcb.com/Genotype/cur_density.html

Genotypisierungen Brown Swiss USA

[-]	>= 40K				Lower Density (< 40K)				Imputed*		Total
	Old		Young		Old		Young				
Run	Male	Female	Male	Female	Male	Female	Male	Female	Old	Young	
Date	Male	Female	Male	Female	Male	Female	Male	Female	Old	Young	Total
1705	6684	220	12962	355	32	2096	5006	3011	123	305	30794
1704	6684	215	12394	266	32	2090	4713	2956	123	296	29769
1703	6595	209	12457	225	32	1974	4706	3020	122	296	29636
1702	6595	207	12441	186	32	1967	4687	2950	122	296	29483
1701	6595	207	12431	179	32	1962	4670	2813	121	295	29305
1612	6595	207	11728	179	32	1957	4150	2695	120	284	27947

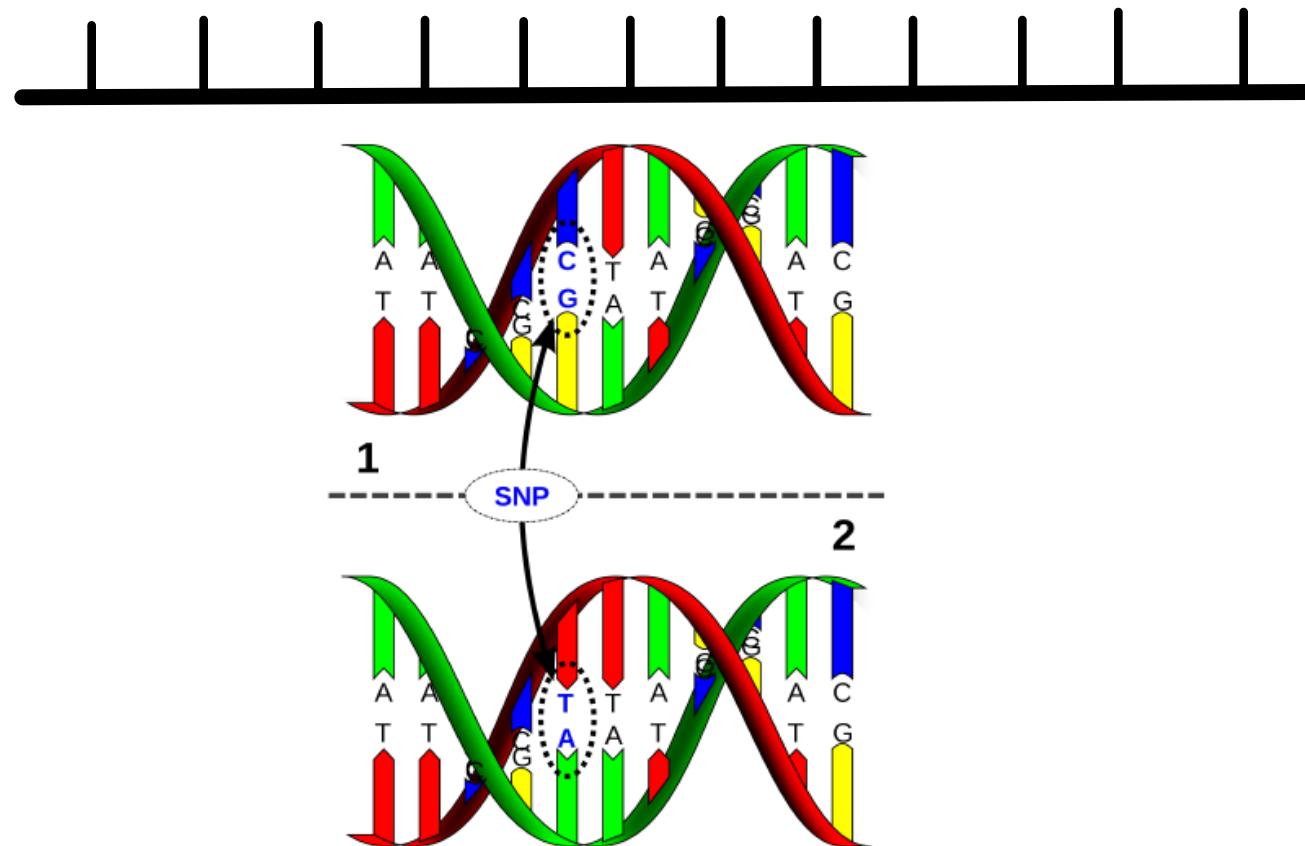
.....

1005	1188	51	199	34	0	0	0	0	63	0	1535
1004	1185	51	188	31	0	0	0	0	47	0	1502
1002	1168	54	179	15	0	0	0	0	0	0	1416
0908	740	41	123	2	0	0	0	0	0	0	906

https://www.uscdcb.com/Genotype/cur_density.html

Genomische Zuchtwertschätzung

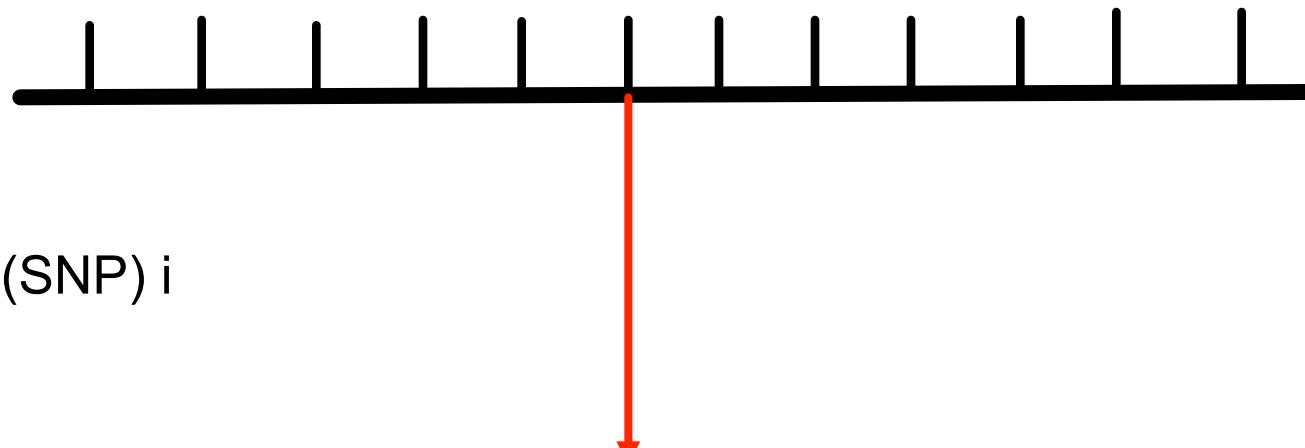
SNP-Marker über das gesamte Chromosom verteilt



<http://en.wikipedia.org/wiki/File:Dna-SNP.svg>

Genomische Zuchtwertschätzung

SNP - Marker über das gesamte Chromosom verteilt

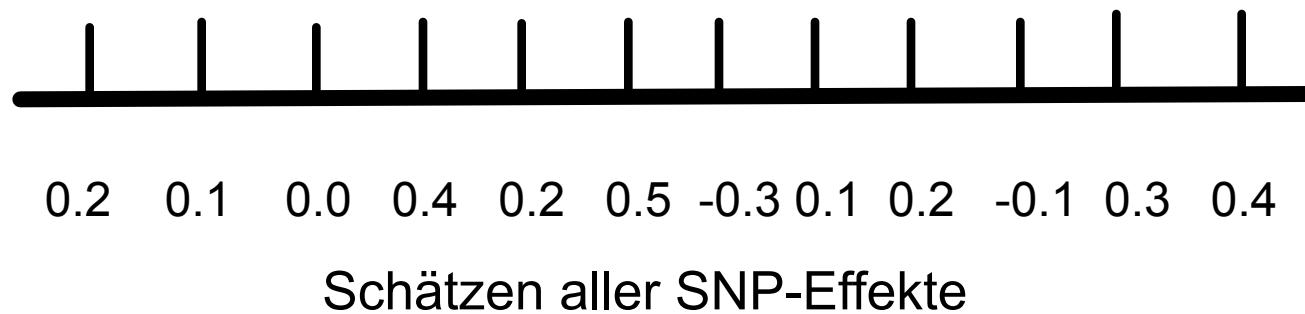


Marker (SNP) i

Effekt eines „2“ Allels +0.5 kg Milch

Genomische Zuchtwertschätzung

SNP-Marker über das gesamte Chromosom verteilt



Direkt genomischer Zuchtwert:

$$DGZW = \sum_i^n X_i \hat{g}_i$$

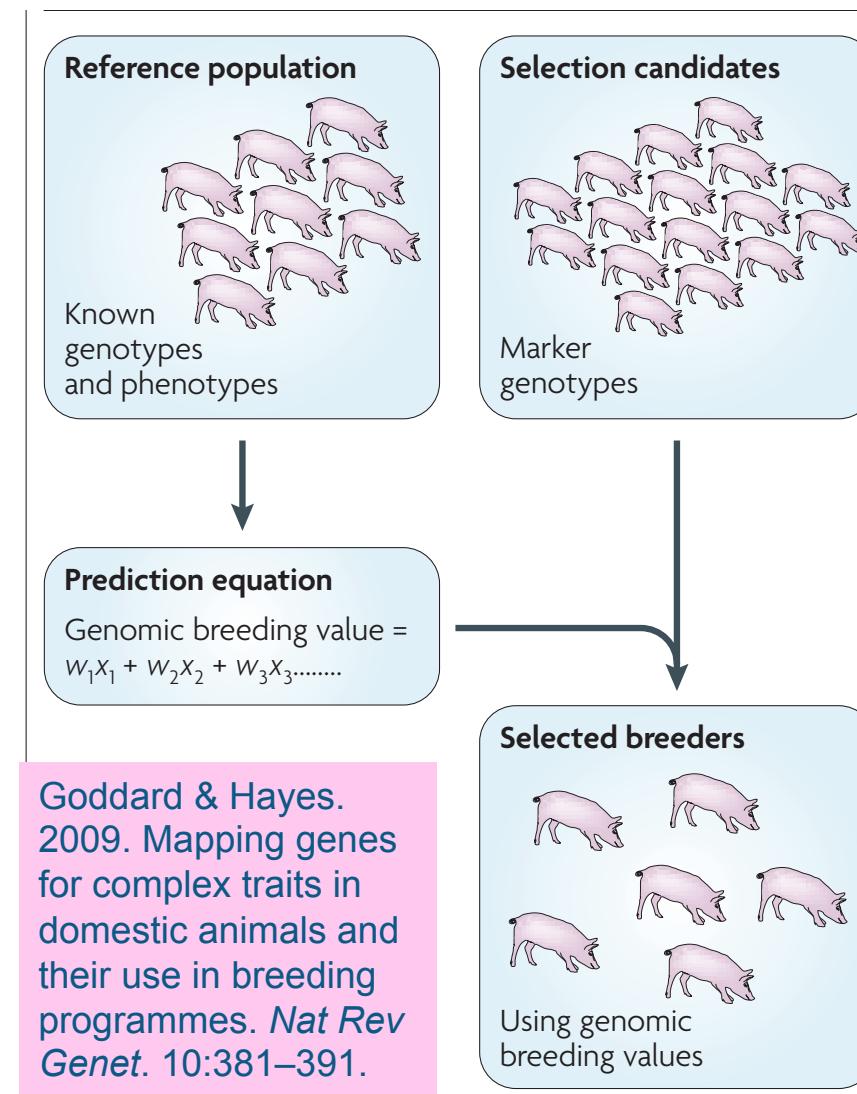
n = Anzahl SNP
X = Designmatrix
 \hat{g} = SNP-Effekt

Was ist Genomische Selektion?

- **Selektionsentscheidungen** werden aufgrund von **genomischen Zuchtwerten** (bzw. einer Kombination von genomischen und traditionellen Zuchtwerten) getroffen
- Prinzip der genomischen Zuchtwertschätzung beinhaltet zwei Schritte:
- 1. Schätzen aller SNP-Effekte in einer Referenzpopulation (Genotypen und sichere geschätzte traditionelle Zuchtwerte)
- 2. SNP-Effekte werden genutzt um für genotypisierte Selektionskandidaten einen genomischen Zuchtwert zu schätzen

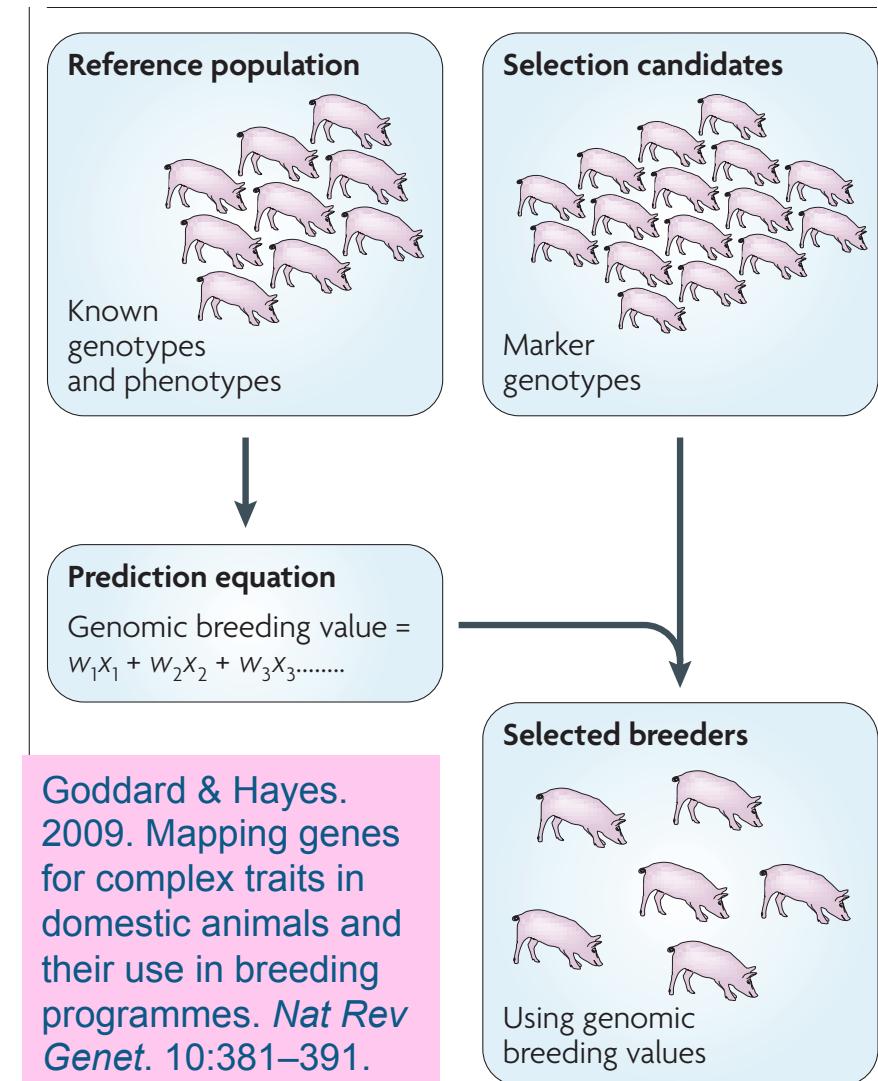
Was ist Genomische Selektion?

Referenzpopulation
(Referenzstichprobe,
Kalibrierungsstichprobe)
mit sicher geschätzte
Zuchtwerte → als
Phänotypische
Beobachtung werden
sicher geschätzte
Zuchtwerte verwendet



Was ist Genomische Selektion?

- Herausforderung in der Kalibrierung: Sehr viele SNP-Effekte (tausende) müssen anhand von vergleichsweise wenigen phänotyp. Beobachtungen geschätzt werden
- $p \gg n$
- überparameterisiert
- → Schätzmethoden-entwicklung



Methoden der genomischen Zuchtwertschätzung

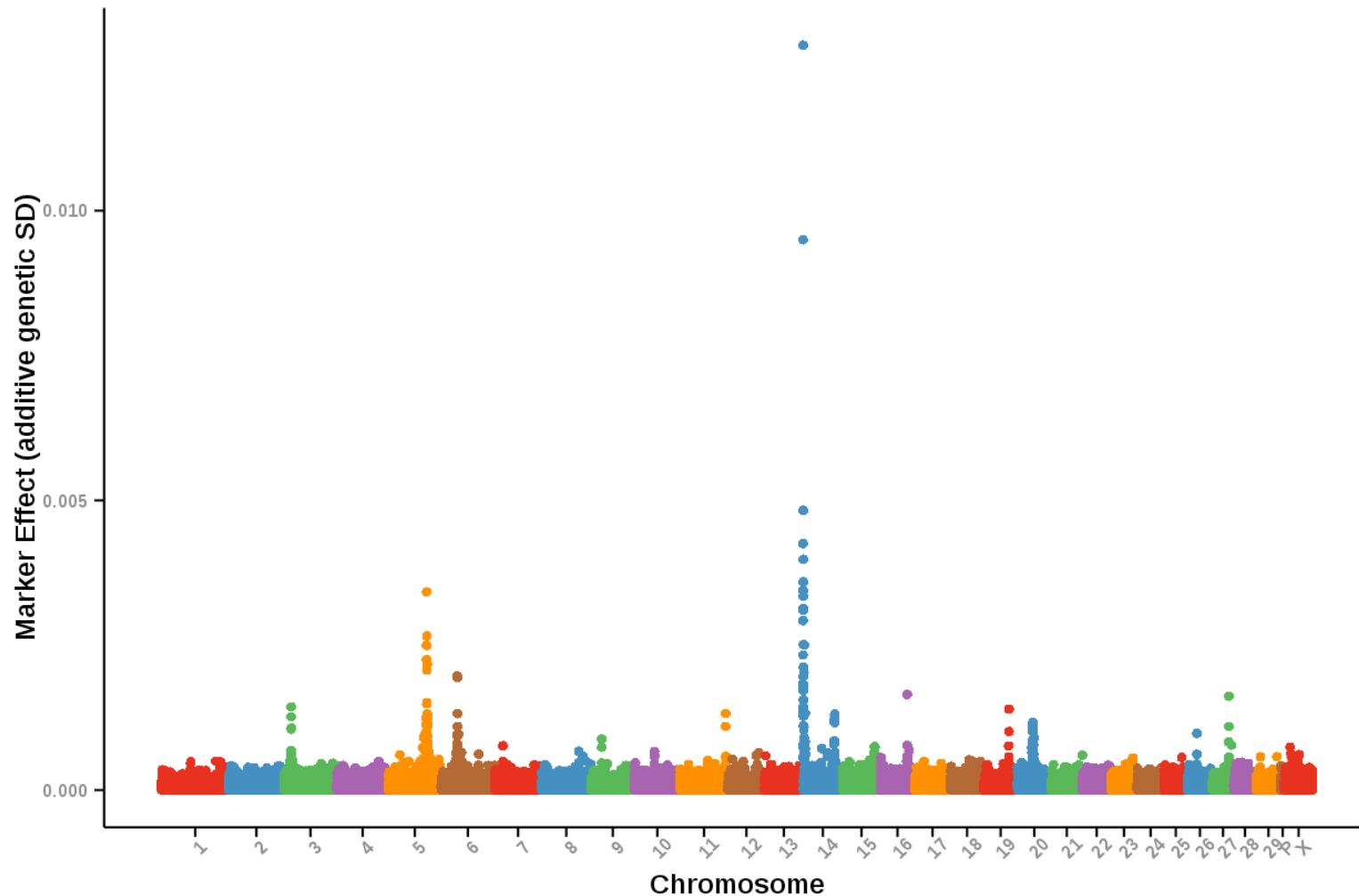
- Siehe Angewandte statistische Methoden in den Nutztierwissenschaften
- <https://charlotte/ngs.github.io/GELASMFS2017/>
- GBLUP
- SNP-BLUP
- Bayes'sche Methoden

Bayes'sche Methoden zur Schätzung von SNP-Effekten

- Annahmen in SNP-BLUP oder G-BLUP:
 - Alle SNP-Effekte haben kleine Effekte (non-zero)
 - Folgen einer Normalverteilung
 - Erklären alle den gleichen Anteil an genetischer Varianz
- → Marker können keine moderaten/grossen Effekte aufweisen, aber auch nicht 0 sein (kein Effekt)
- Diese Annahmen aber nicht zutreffend für alle Merkmale
→ unterschiedliche genetische Architektur
- z.B. Marker in hohem LD mit QTL mit grossem Effekt auf ein Merkmal
- z.B. kein QTL in Region → SNP Effekte sollen 0 sein

Genetische Architektur von Merkmalen

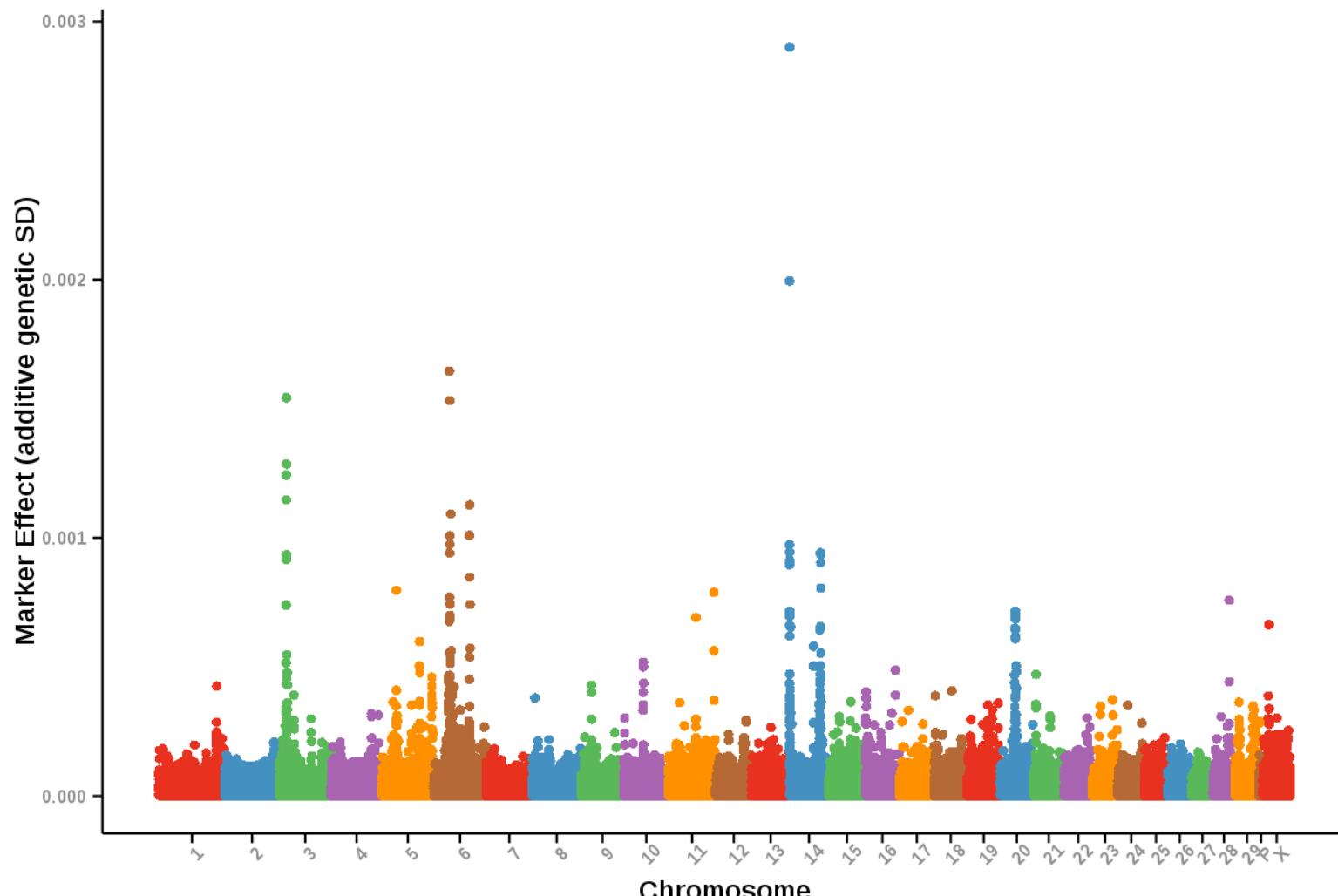
Distribution of marker effects for HO Fat_Percent (1512 run)



[https://www.uscdcb.com/Report_Data/Marker_Effects\(marker_effects.cfm](https://www.uscdcb.com/Report_Data/Marker_Effects(marker_effects.cfm)

Genetische Architektur von Merkmalen

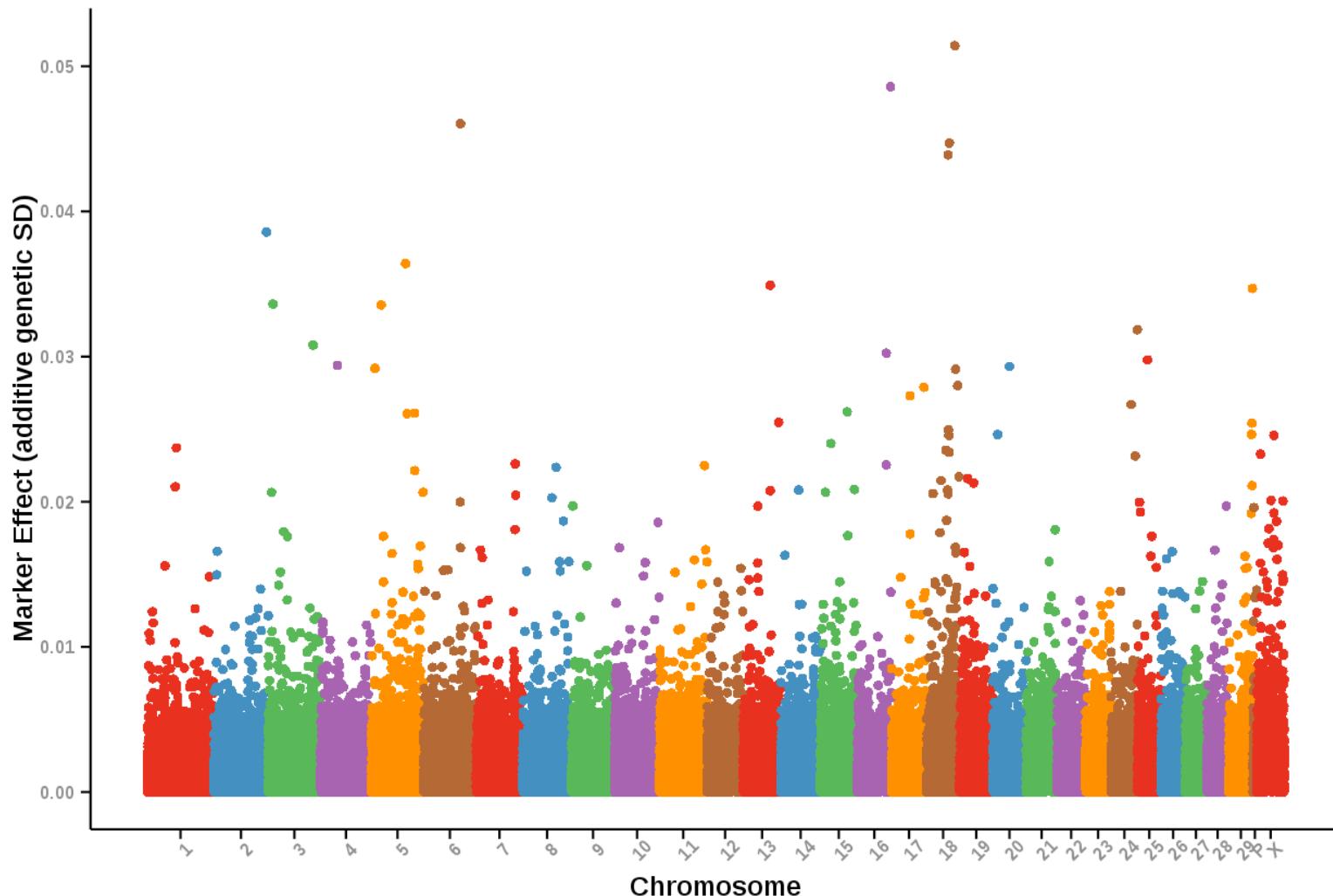
Distribution of marker effects for HO Pro_Percent (1512 run)



[https://www.uscdcb.com/Report_Data/Marker_Effects\(marker_effects.cfm](https://www.uscdcb.com/Report_Data/Marker_Effects(marker_effects.cfm)

Genetische Architektur von Merkmalen

Distribution of marker effects for HO Cow_Conc_Rate (1512 run)



[https://www.uscdcb.com/Report_Data/Marker_Effects\(marker_effects.cfm](https://www.uscdcb.com/Report_Data/Marker_Effects(marker_effects.cfm)

SNP-Effektschätzung in der Schweiz

- Methode **BayesC** mit der Software GenSel (R. Fernando and D. Garrick, 2008)

$$y = 1' \mu + X\beta + e$$

$$\beta_i \begin{cases} = 0 \text{ with probability } \pi \\ \sim N(0, \sigma_{SNP}^2) \text{ with probability } (1 - \pi) \end{cases}$$

y = de-regressierte Zuchtwerte

Anzahl Trainingstiere in der Schweiz (April 2017)

Merkmal	BV	OB	HO	SI
Milchmenge	7'763	6'551	31'320	4'721
Eiweissmenge	7'752	6'542	31'300	4'720
Nutzungsdauer	5'221	5'221	22'083	
Zellzahl	7'558	8'738	31'316	4'580
Non Return Rate Kuh	4'765	4'765	15'406	
Non Return Rate Rind	3'968	3'966	12'774	
Kreuzbeinhöhe	7'533	8'622	29'270	

Zuchtwert Begriffe

- **Zuchtwert (ZW):** „konventionell, traditionell“ geschätzter Zuchtwert ohne Einbezug von Markerinformation
- **Direkter genomischer Zuchtwert (DGZW):** Zuchtwert geschätzt allein aufgrund von Markerinformationen
- **Genomisch optimierter Zuchtwert (GOZW):** Zuchtwert geschätzt auf Grund von traditionellen Daten und Markerinformationen (Kombination von ZW und DGZW).

		Deklaration GOZW	Tiergruppe
Abstammungs-ZW	+ DGZW	GA	Jungtiere
CH-Zuchtwert		G	Kühe, Stiere
Interbull-Zuchtwert		GI	Stiere

Kombination von traditionellen und genomischen Zuchtwerten

Genomisch-optimierte Zuchtwerte GOZW

- $GOZW = (a * ZW + b * DGZW) / (a + b)$
- $a = B\% ZW / (1 - B\% ZW)$
- $b = B\% DGZW / (1 - B\% DGZW)$

Genomische Zuchtwertschätzung

- 3 mal im Jahr erfolgt im Anschluss an die traditionelle Zuchtwertschätzung die SNP-Effektschätzung
- Nach Rassen getrennt:
 - Braunvieh (Internationale Zusammenarbeit InterGenomics)
 - Original Braunvieh (Brown Swiss Tiere werden nicht im Training verwendet)
 - Holstein, Swiss Fleckvieh
 - Simmental
 - Holstein: Schweiz Partner Nordamerikanisches Konsortium zum Genotypenaustausch

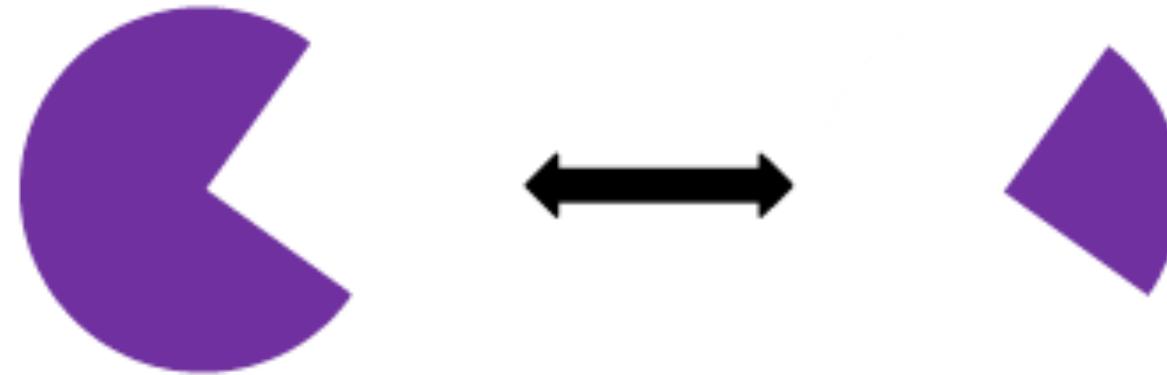
Wie gut funktioniert die genomische Zuchtwertschätzung?

- Durchführen von Kreuzvalidierungen



Wie gut funktioniert die genomische Zuchtwertschätzung?

- Durchführen von Kreuzvalidierungen

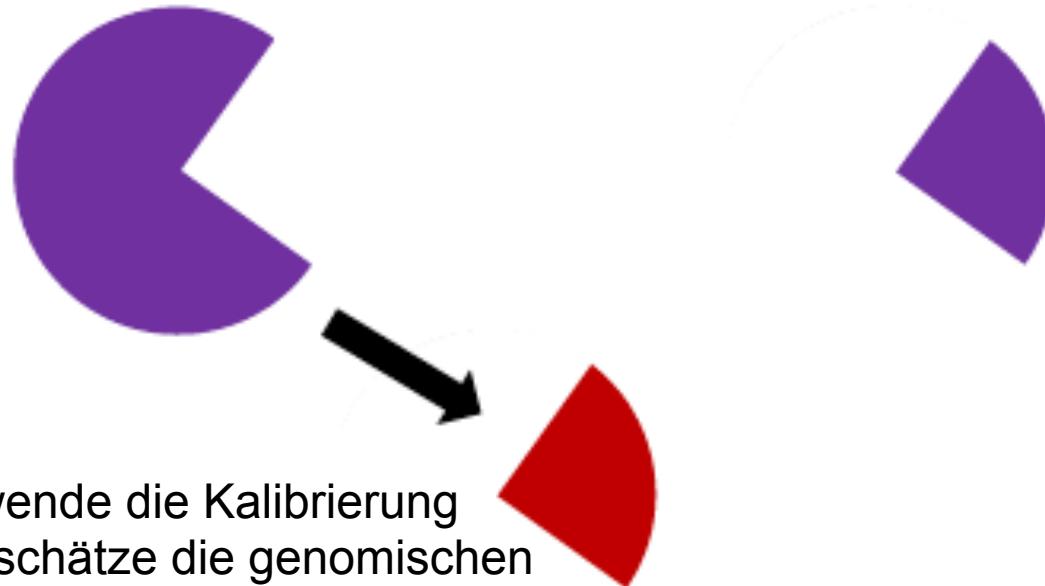


Aufteilung erfolgt zufällig und wiederholt.

Christian Edel, 2010

Wie gut funktioniert die genomische Zuchtwertschätzung?

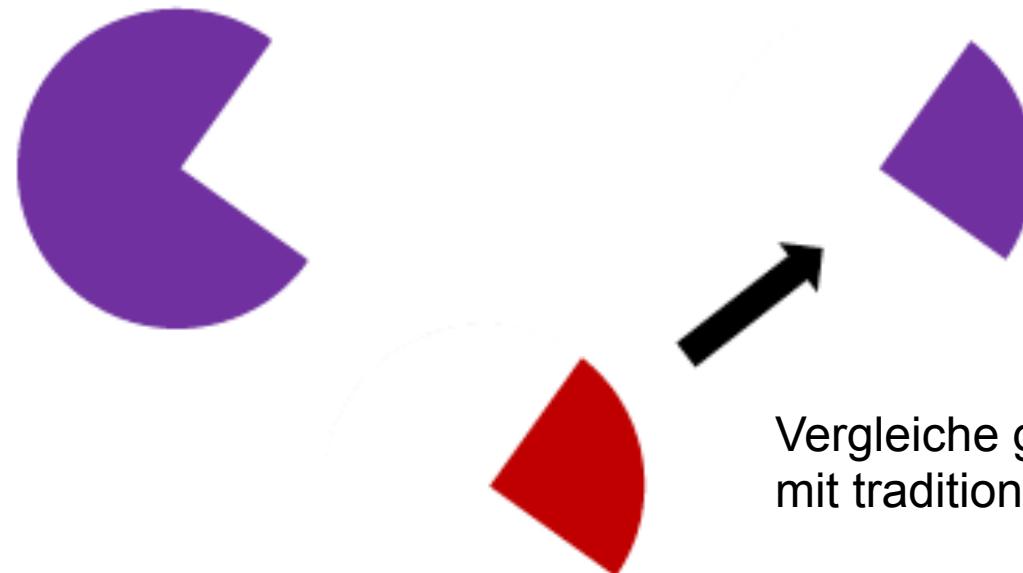
- Durchführen von Kreuzvalidierungen



Christian Edel, 2010

Wie gut funktioniert die genomische Zuchtwertschätzung?

- Durchführen von Kreuzvalidierungen

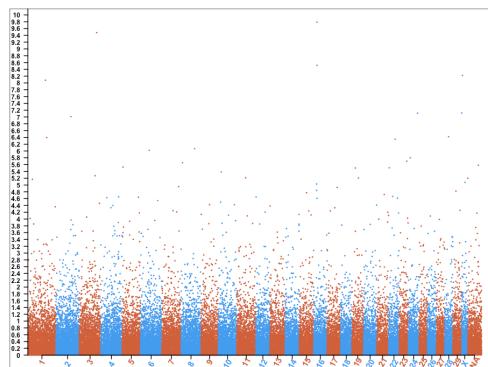


Vergleiche genomischen Zuchtwert mit traditionellem realisiertem Zuchtwert.

Christian Edel, 2010

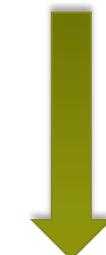
Sicherheit B% genomischer ZW in der Schweiz

- Validierung:



Summe der
SNP-Effekte
(DGZW)

Validierung:
Korrelation
zwischen DGZW
und traditionellem
ZW



Validierungs-
Stiere



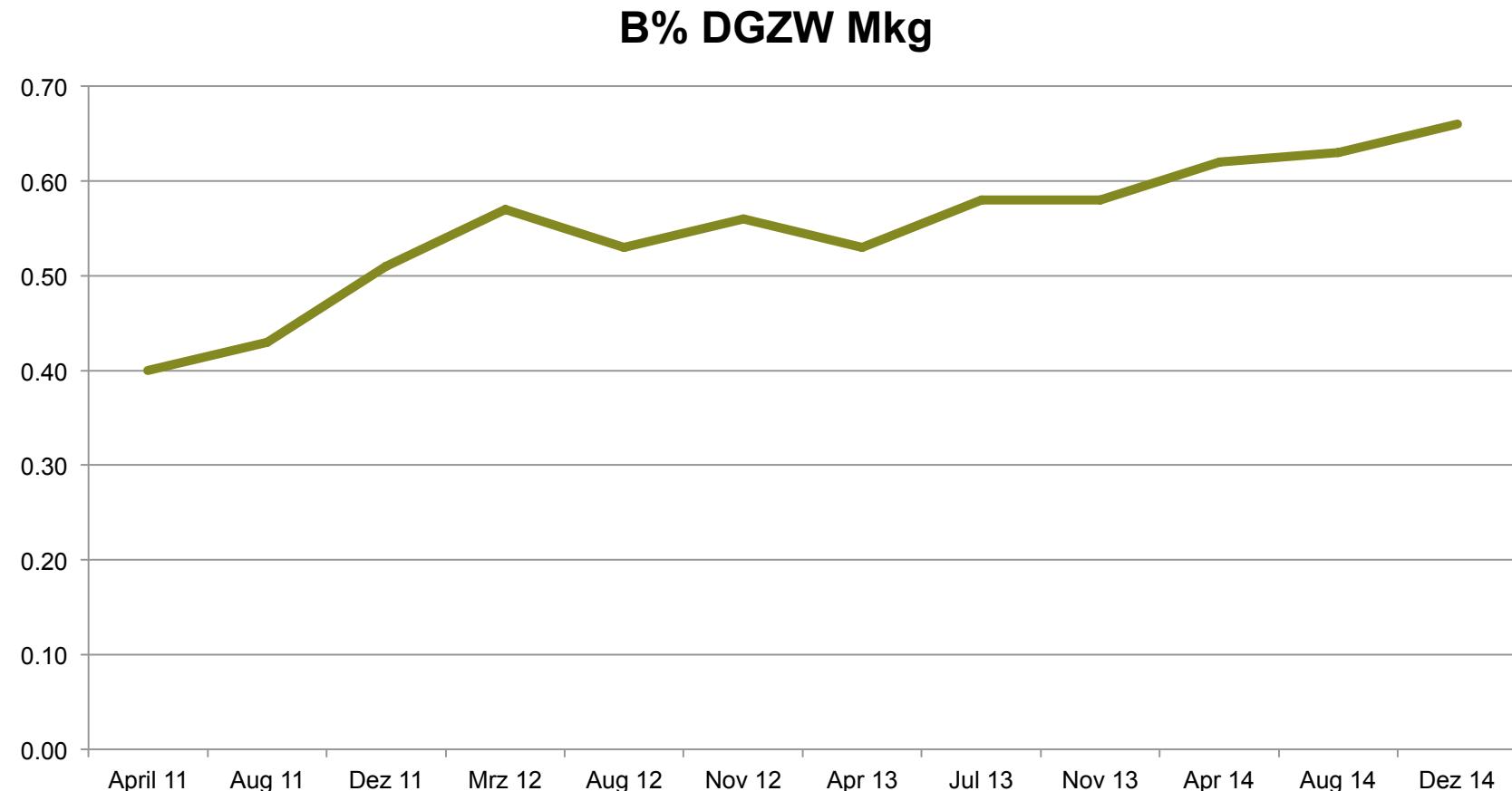
Trainings-Stiere

Genauigkeit der genomischen ZWS

r	HOL	SIM	BV	OB
Mkg	0.64	0.28	0.66	0.62
Fkg	0.47	0.33	0.59	0.59
Ekg	0.55	0.37	0.63	0.57
PER	0.18	0.41	0.39	0.18
ZZ	0.44	0.49	0.54	0.46
FOR/RAH	0.33		0.41	0.23
KbH	0.58		0.69	0.36
EUT	0.56	0.29	0.66	0.35
ETi	0.47	0.46	0.57	0.35

Genauigkeit der genomischen ZWS

- Anzahl Trainingsstiere (Bsp. BV)



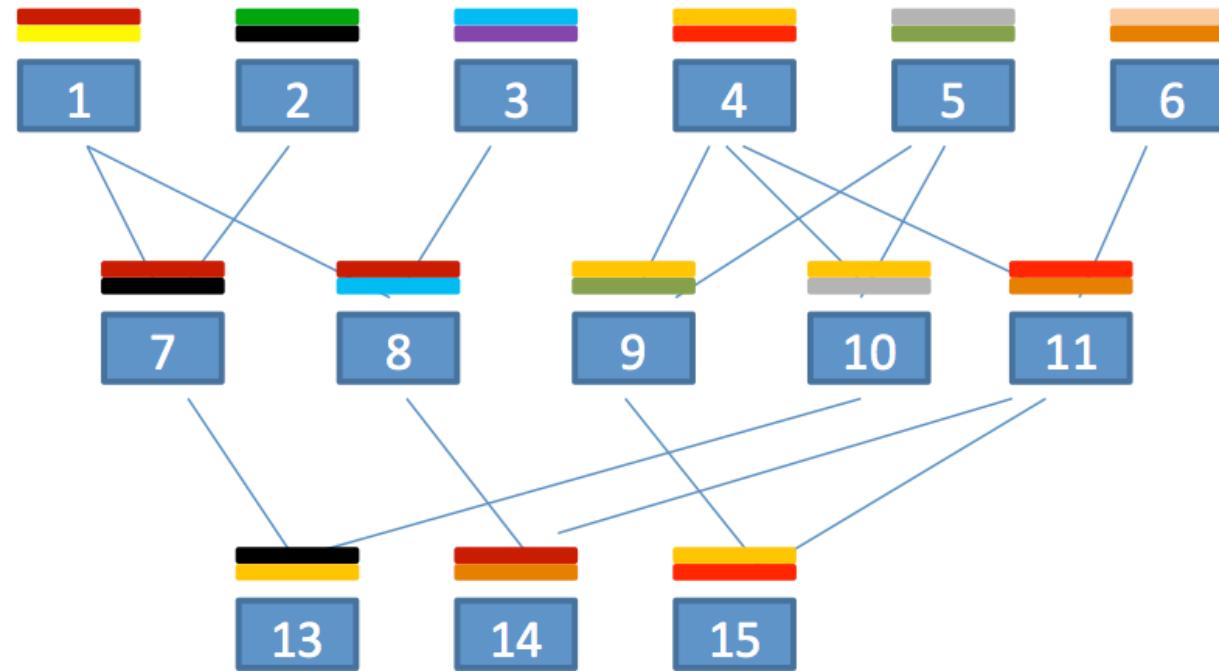
Imputation

- Imputation bezeichnet die Vorhersage von (fehlenden) Genotypen
- Gründe für fehlende Genotypen:
 - Fehlerhafte Genotypisierung
(Call Rate z.B. 97%, 3% der SNP wurden nicht genotypisiert)
 - Unterschiedliche SNP Chips (unterschiedliche Dichte)

Imputation – verschiedene SNP-Chips

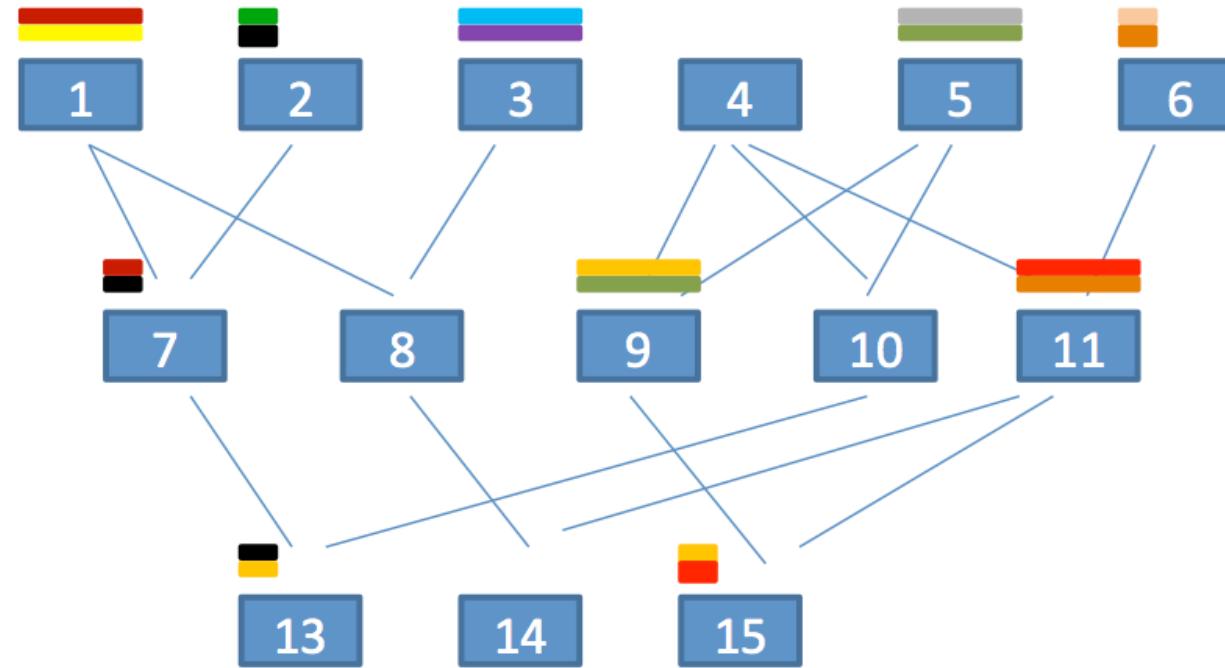
- Standard: Illumina Bovine50k-Chip (54'000, 150'000 SNP)
- Alternativen: Illumina BovineLD Chip (7'000, 19'000 SNP)
Illumina BovineHD-Chip (777'000 SNP)
....
- LD-Chip: Dank tieferem Preis mehr Tiere typisieren
Genotypisierung von Kühen
- HD-Chip: rassenübergreifende Effektschätzung, Forschung

Idee Imputation



- Pedigree mit vorkommenden Haplotypen in der Population
- Jedes Tier trägt je einen väterlichen und mütterlichen Haplotypen

Idee Imputation



Einige Tiere sind

- 50k-genotypisiert (1, 3, 5, 9, 11)
- LD-genotypisiert (2, 6, 7, 13, 15)
- Gar nicht genotypisiert (4, 8, 10, 14)

Beispiel: Typisierung mit 50k Chip und LD Chip

6147 2 0 2 2 2 2 0 0 0 0 0 2 2 0 2 0 0 0 2 2 0 2 2 2 0 0 2 2 0 2 1 0 2 0 2 1 1 0 1 1 2 1 1 1 1 0 2 1 1 2 0 2 2 2 0 1 1 1 1 2 0 2 2 0 2 0 2 0 2 0 2 2 2 0 2 2 0 2 0 0 2 2 2 0 2 2 0 2 2 0 1 2 0
6148 1 1 2 2 1 2 1 1 0 0 1 2 2 2 0 2 0 0 0 2 2 1 2 1 2 0 0 2 2 2 0 1 1 1 1 2 0 2 2 0 2 0 2 0 2 0 2 2 2 0 2 2 0 2 0 0 2 2 2 0 2 2 0 2 2 0 2 2 0 1 2 0
6149 2 1 1 1 2 1 0 1 1 1 0 1 1 1 1 1 0 2 2 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 2 1 0 0 2 0 2 0 2 0 1 0 2 2 2 0 2 2 0 2 0 2 2 1 1 1 2 1 1 0 2 2 2 0 2 2 0 1 2 0
6150 2 0 2 2 2 2 0 0 0 0 0 2 2 2 0 2 0 0 0 2 2 0 2 2 2 0 0 1 1 2 1 1 1 1 0 2 0 1 2 0 0 2 0 1 0 2 0 1 0 2 2 2 0 2 2 0 2 0 2 2 2 0 2 0 0 0 2 2 2 0 2 1 0 2 2 0
6151 2 0 2 2 2 2 0 0 0 0 0 2 2 2 0 2 0 0 0 2 2 0 2 2 2 0 0 2 0 0 2 0 2 2 0 0 2 0 2 0 2 0 2 0 2 2 2 0 2 2 0 2 0 0 2 2 2 0 2 0 0 0 2 2 2 0 2 2 0 2 2 0 1 2 0
6152 1 2 1 1 1 1 1 2 1 1 1 1 1 1 0 1 1 1 1 1 1 2 1 1 1 1 1 1 2 0 2 2 0 2 2 0 1 1 2 1 2 1 1 1 1 1 2 1 1 1 1 1 1 0 1 2 1 2 2 1 1 1 1 0 2 2 0 0 2 0
6153 2 1 1 1 2 1 1 1 1 1 0 1 1 1 1 1 1 1 0 1 2 1 1 1 1 1 1 1 2 0 2 0 1 1 1 0 1 1 1 1 1 1 0 2 1 1 2 0 2 2 0 2 1 2 1 1 2 1 1 1 1 0 2 2 2 0 2 1 2 1 1 0 2 2 2 0 1 2 0
6154 1 2 1 1 1 1 1 2 1 1 1 1 1 0 1 1 1 1 1 1 2 1 1 1 1 1 1 2 0 2 2 0 2 2 0 1 1 2 1 2 1 1 1 1 1 2 1 1 1 1 1 1 0 1 2 1 2 2 1 1 1 1 0 2 2 0 0 2 0
6155 1 1 2 2 1 2 1 1 0 0 1 2 2 2 0 2 0 0 0 1 1 2 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 2 1 1 1 2 1 2 1 1 1 2 1 1 2 0 1 1 1 1 1 1 1 1 1 2 1 2 2 1 1 1 1 2 2 1 2 2 0 1 2 0
6156 1 1 2 2 1 2 1 1 0 0 1 2 2 2 0 2 0 0 0 2 2 1 2 1 2 0 0 2 2 2 0 1 1 1 1 1 1 2 2 0 0 2 0 1 0 2 0 2 2 2 0 2 2 0 2 0 2 2 2 1 1 2 1 1 0 2 2 2 0 2 2 0 1 2 0
6157 0 1 1
6158 0 0 0
6159 0 0 0
6160 0 0 0
6161 0 0 0
6162 1 1 1
6163 0 0 0
6164 1 0 0
6165 0 1 1

Imputieren der fehlenden Genotypen vom LD auf 50k Chip

Imputationsmethoden

- **Familienimputation**
 - Folgt den Regeln der Mendelschen Vererbungslehre
 - Nutzt Information von verwandten Tieren (z.B. Vater und Mutter sind 50k genotypisiert)
 - Sehr gut, wenn viele nahe verwandte des LD-Kandidaten 50k genotypisiert sind
- **Populationsimputation**
 - Nutzt Kopplungsungleichgewicht in der Population (Korrelation zwischen benachbarten SNP in der Population)
 - Nützlich, wenn keine direkten Vorfahren eines LD-Kandidaten genotypisiert sind
- Viele Programme kombinieren beide Ansätze

Genauigkeit der Imputation

Daten: 3'738 mit 50k typisierte BV-Tiere

Annahme: die 723 jüngsten Tiere sind mit LD Chip typisiert

Frage: wie gut können die fehlenden SNP geschätzt werden?

	durchschn. % korrekt	durchschn. % inkorrekt	durchschn. Korrelation imputiert- wahr
Beide Eltern	98,6	1,4	0,98
Vater + MGV	98,1	1,9	0,97
Vater	97,6	2,4	0,96
Andere	97,3	2,7	0,95

Genomische Selektion im Zuchtpogramm

ORIGINAL ARTICLE

Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle

L.R. Schaeffer

Summary

Department of Animal

Canada

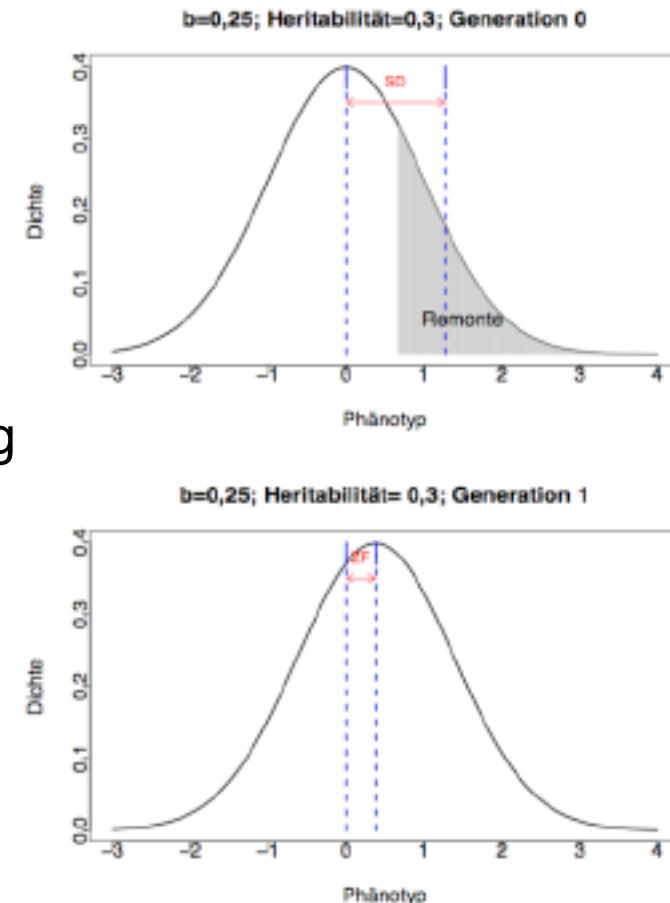
Animals can be genotyped for thousands of single nucleotide polymorphisms (SNPs) at one time, where the SNPs are located at roughly 1-cM intervals throughout the genome. For each contiguous pair of SNPs there are four possible haplotypes that could be inherited from the sire. The effects of each interval on a trait can be estimated for all intervals simultaneously in a model where interval effects are random factors. Given the estimated effects of each haplotype for every interval in the genome, and given an animal's genotype, a 'genomic' estimated breeding value is obtained by summing the estimated effects for that genotype. The accuracy of that estimator of breeding values is around 80%. Because the genomic estimated breeding values can be calculated at birth, and because it has a high accuracy, a strategy that utilizes these advantages was compared with a traditional progeny testing strategy under a typical Canadian-like dairy cattle situation. Costs of proving bulls were reduced by 92% and genetic change was increased by a factor of 2. Genome-wide selection may become a popular tool for genetic improvement in livestock.

Genomische Selektion im Zuchtprogramm

- Zuchtfortschritt (ZF):**

$$ZF / Jahr = \frac{\sigma_a * i * r_{AA}}{G}$$

- σ_a = additive genetische Standardabweichung
- i = Selektionsintensität
- r_{AA} = Sicherheit Zuchtwert (Korrelation zw. geschätztem und wahrem Zuchtwert)
- G = Generationsintervall



Schwarzenbacher, 2013

Konventionelles Zuchtpogramm

Zeit (Monate)	Massnahme
0	Stiermutter wird besamt
9	Stierkalb geboren
27	Prüfbesamungen der jungen Stiere werden durchgeführt
36	Töchter der Prüfstiere werden geboren
54	Töchter der Prüfstiere werden besamt
63	Töchter kalben ab und beginnen 1. Laktation
68	Erste Milchzuchtwerte aus Testtagsmodell vorhanden
73	Töchter schliessen 1. Laktation ab Stierenklassierung

Konventionelles Zuchtprogramm

6 Jahre



Zeit (Monate)	Massnahme
0	Stiermutter wird besamt
9	Stierkalb geboren
27	Prüfbesamungen der jungen Stiere werden durchgeführt
36	Töchter der Prüfstiere werden geboren
54	Töchter der Prüfstiere werden besamt
63	Töchter kalben ab und beginnen 1. Laktation
68	Erste Milchzuchtwerte aus Testtagsmodell vorhanden
73	Töchter schliessen 1. Laktation ab Stierenklassierung

Leben



Tod



Konventionelles Zuchtprogramm

	Zeit (Monate)	Massnahme
Stier R.B. Peter JANITO *TM * 19.11. 2008	0	Stiermutter wird besamt
Teststier 16.06.2010 – 15.06.2011	9	Stierkalb geboren
Gislers Janito ALEGRA * 30.05.2011	27	Prüfbesamungen der jungen Stiere werden durchgeführt
	36	Töchter der Prüfstiere werden geboren
	54	Töchter der Prüfstiere werden besamt
	63	Töchter kalben ab und beginnen 1. Laktation
	68	Erste Milchzuchtwerte aus Testtagsmodell vorhanden
Stierenklassierung 03.12.2014 JANITO ist 6 Jahre alt	73	Töchter schliessen 1. Laktation ab Stierenklassierung

Leben

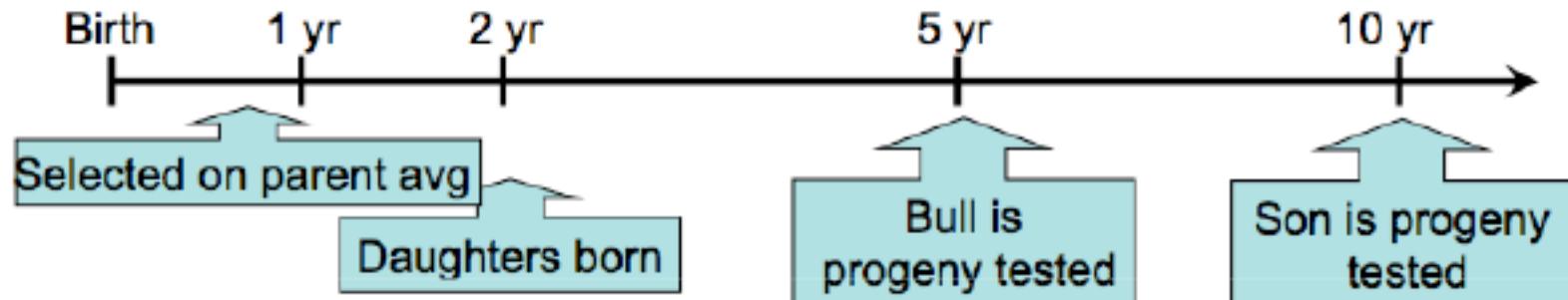


Tod

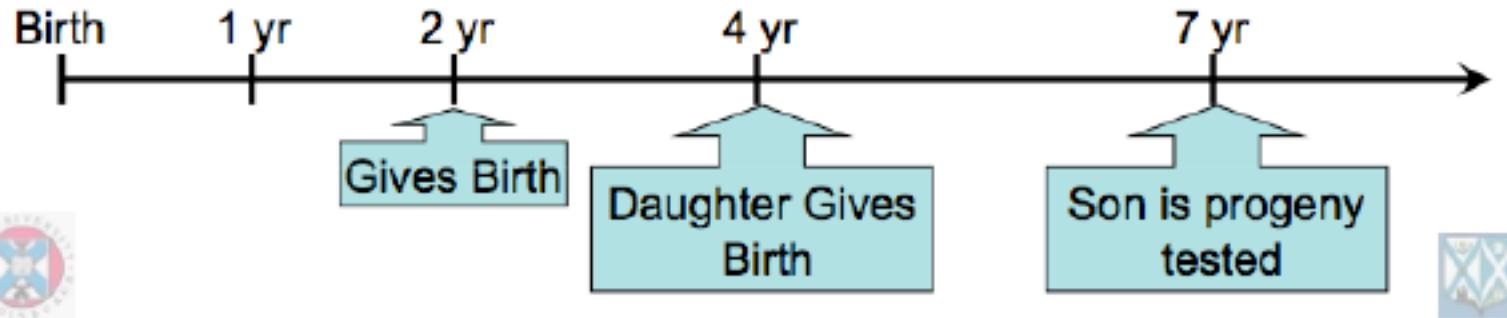


Konventionelles Zuchtprogramm

Bull



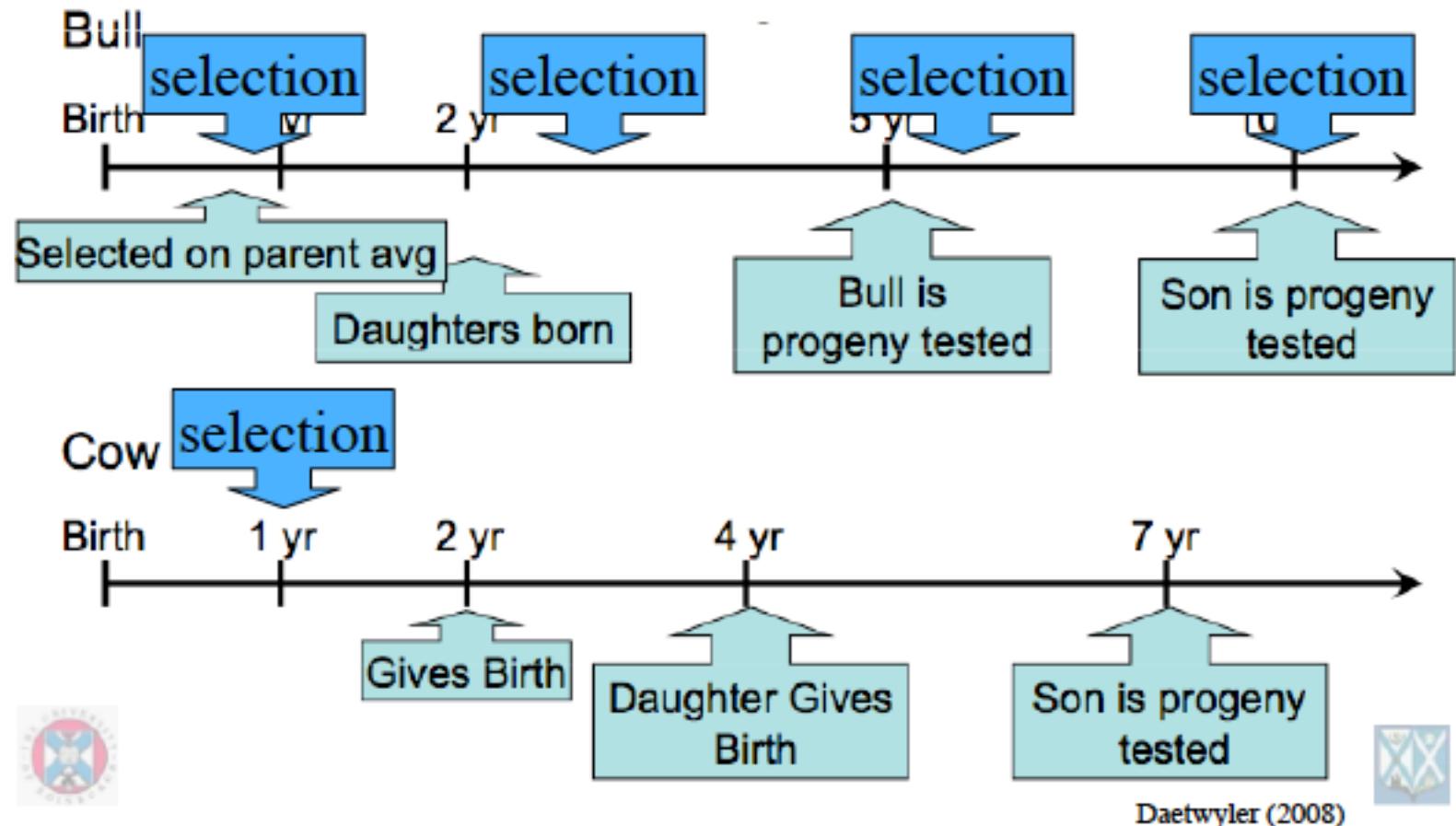
Cow



Daetwyler (2008)

Genomisches Zuchtprogramm

$$ZF / Jahr = \frac{\sigma_a * i * r_{AA}}{G}$$



Genomische Zuchtwerte – Vorteile

- Mit genomischen Zuchtwerten sind **mehr** und **genauere** Informationen über die genetische Veranlagung von Zuchttieren zu einem **früheren** Zeitpunkt im Leben dieser Tiere verfügbar
- Insbesondere haben genomische Zuchtwerte einen entscheidenden Vorteil gegenüber Abstammungszuchtwerten.

Abstammungszuchtwert

- $\frac{1}{2}$ Zuchtwert Vater + $\frac{1}{2}$ Zuchtwert Mutter
- Der Abstammungszuchtwert ist der wahrscheinlichste Zuchtwert eines Nachkommens
- In Wirklichkeit kann der wahre Zuchtwert eines Nachkommens auch bedeutend höher oder tiefer sein

Genomische Zuchtwerte – Vorteile

Vorteil von genomischen Zuchtwerten gegenüber Abstammungszuchtwerten:

- Durch Genomik lässt sich genauer abschätzen wo ein einzelnes Tier innerhalb der natürlichen bei der Fortpflanzung generierten Variabilität liegt

Beispiel: 5 Vollgeschwister

NIRVANA

x

Cinderella



Abstammungszuchtwert: +714 kg Milch

Colibri



+235 kg

Cassandra



+449 kg

Crissi



+346 kg

Christine



+1114 kg

Conny



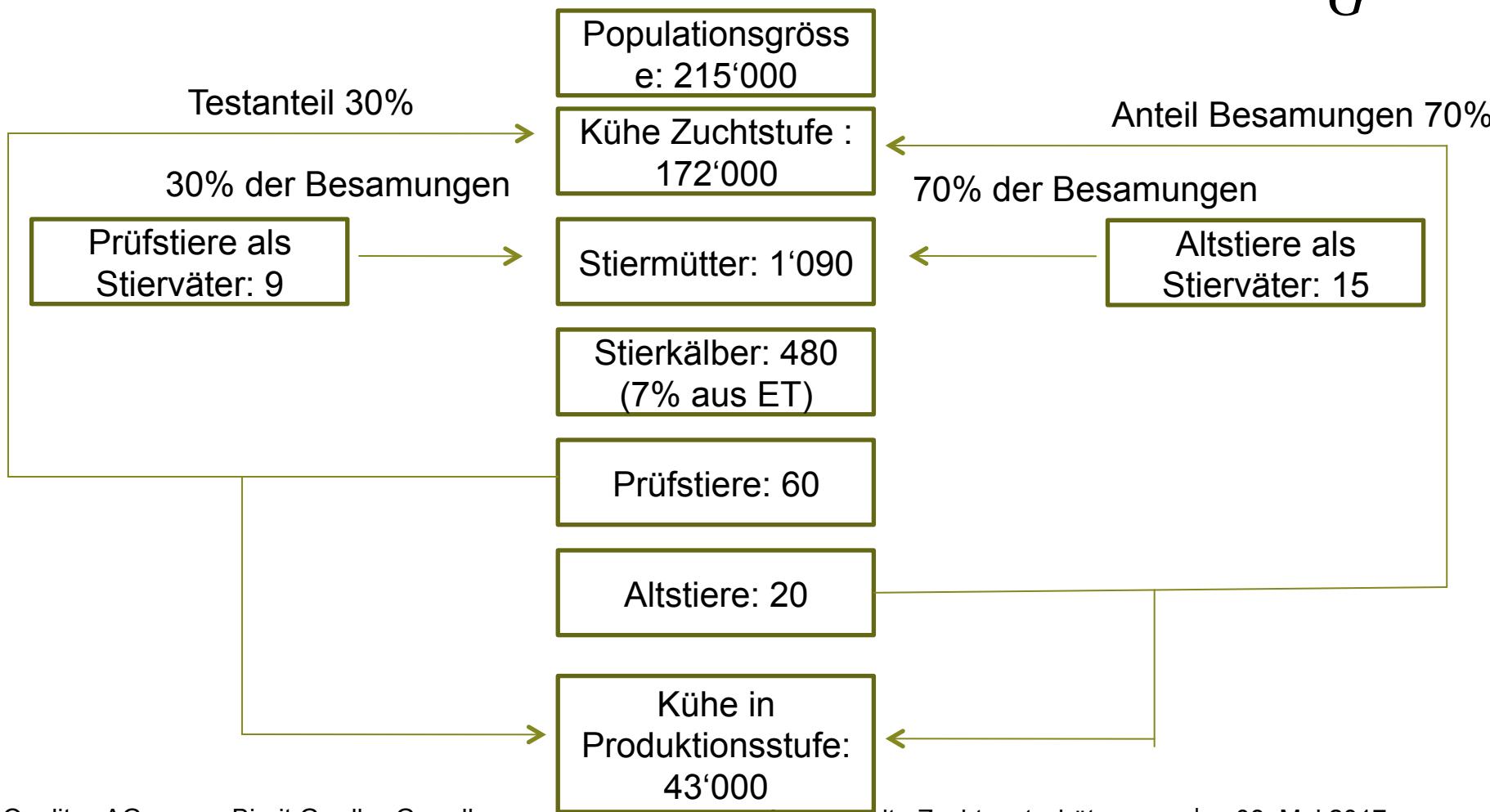
+237 kg

Folie von Schuler und Seefried, 2016

Zuchtprogramm Braunvieh Schweiz

Masterarbeit Sabrina Bütler, 2014

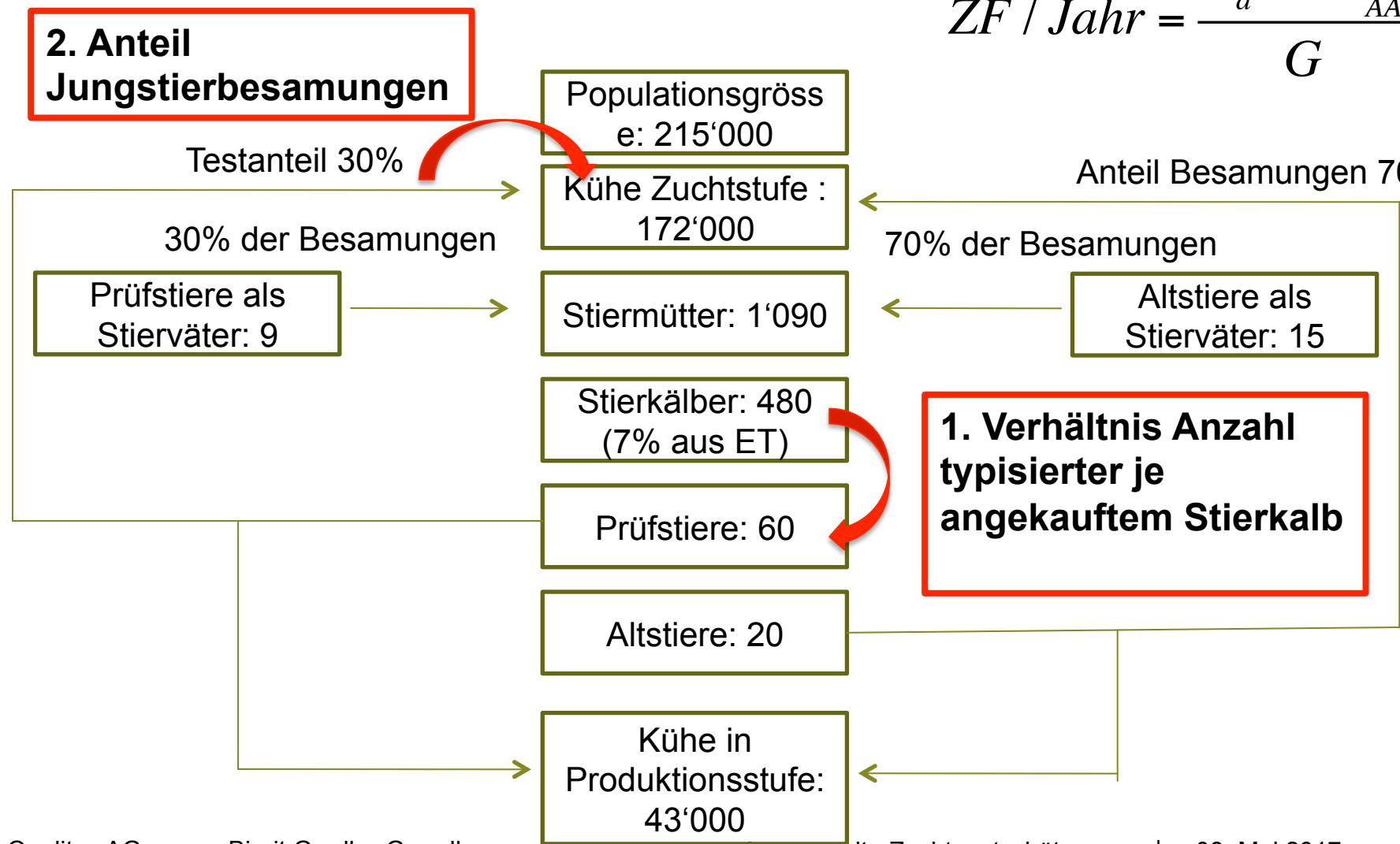
$$ZF / Jahr = \frac{\sigma_a * i * r_{AA}}{G}$$



Zuchtprogramm Braunvieh Schweiz

Masterarbeit Sabrina Bütler, 2014

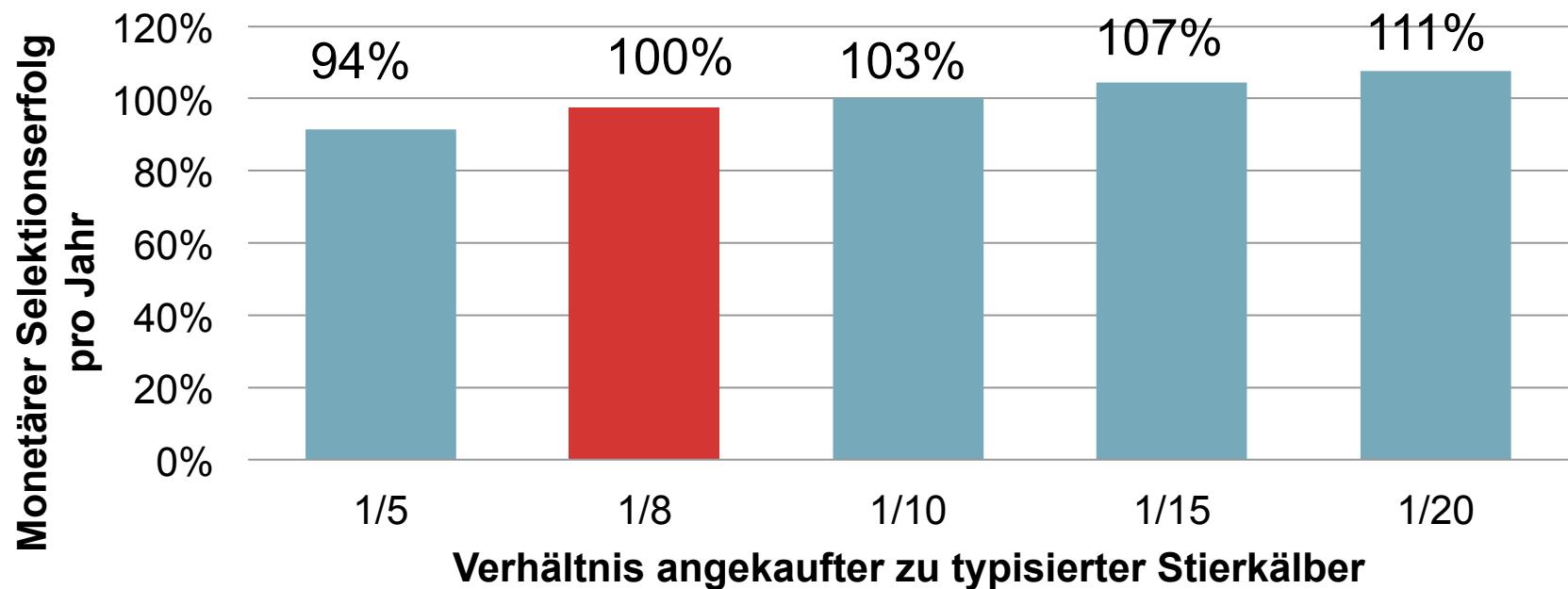
$$ZF / Jahr = \frac{\sigma_a * i * r_{AA}}{G}$$



Zuchtprogramm Braunvieh Schweiz

Masterarbeit Sabrina Bütler, 2014

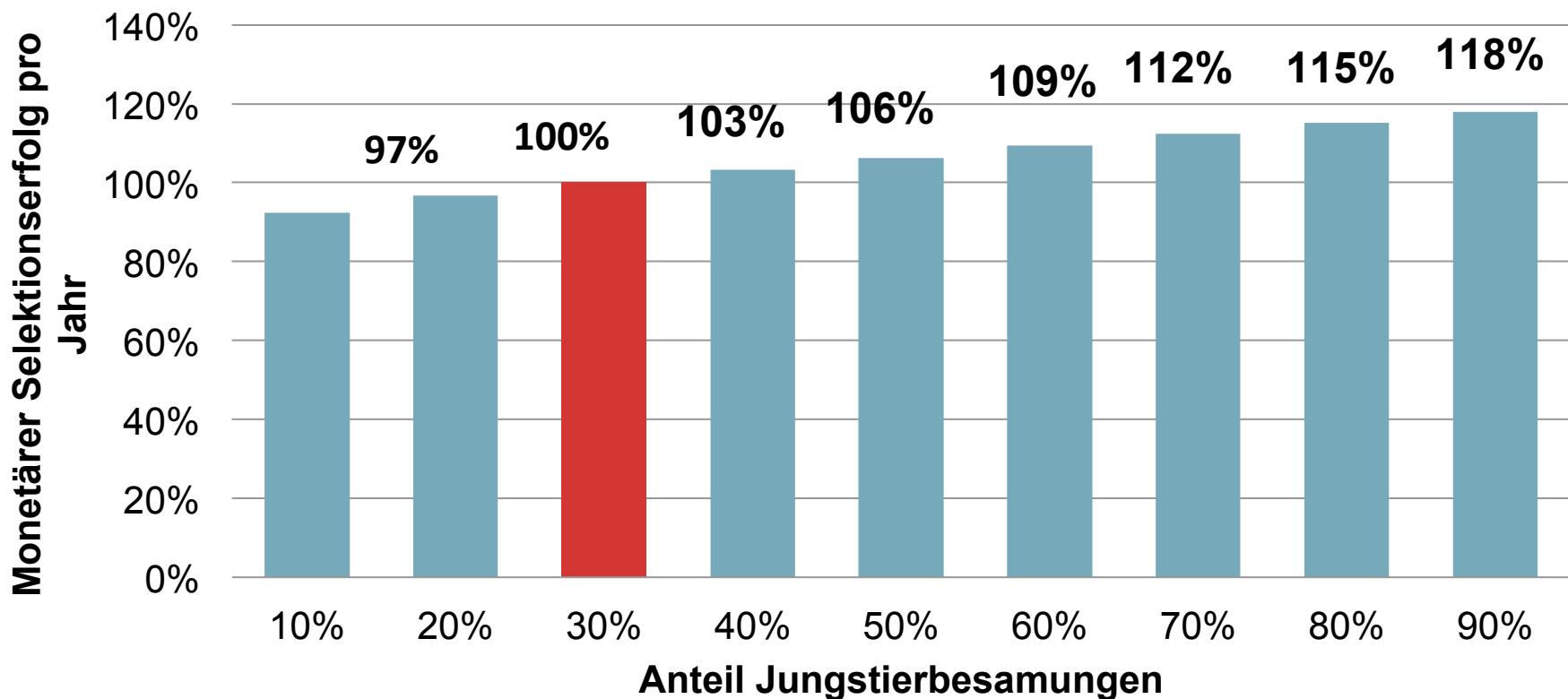
$$ZF / Jahr = \frac{\sigma_a * i * r_{AA}}{G}$$



Zuchtprogramm Braunvieh Schweiz

Masterarbeit Sabrina Bütler, 2014

$$ZF / Jahr = \frac{\sigma_a * i * r_{AA}}{G}$$



Zuchtprogramm Braunvieh Schweiz

Masterarbeit Sabrina Bütler, 2014

$$ZF / Jahr = \frac{\sigma_a * i * r_{AA}}{G}$$

