

Monitoring mithilfe genomischer Tierauswahl Diversität von Genbank- und- Feldpopulationen im Vergleich am Beispiel Schaf

J. Geibel^{1,2}, C. Reimer^{1,2}, A. Weigend¹, Y. Shakya³,
H. Melbaum⁴, K. Gerdes⁵ and S. Weigend^{1,2}

¹ Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Nutztiergenetik

² Universität Göttingen, Center for Integrated Breeding Research

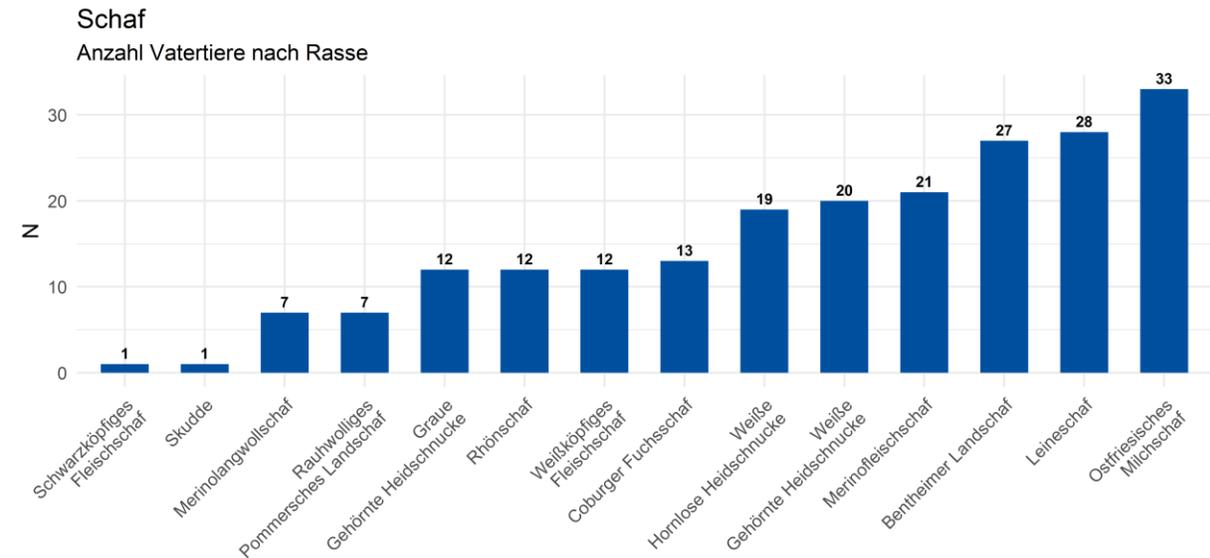
³ Universität Göttingen, European Master of Animal Breeding and Genetics

⁴ Landes-Schafzuchtverband Weser-Ems e.V.

⁵ Landwirtschaftskammer Niedersachsen

Bestand Deutsche Genbank

- Ist in unseren Proben das was drauf steht?
- Deckt die Genetik noch die heutige Feldgenetik ab?
- Wie können wir in Zukunft Einlagerungsentscheidungen genauer treffen?



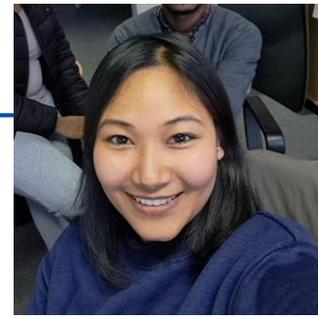
Genotypisierung

- Genotypisierung von Genbank- und Feldproben (Affymetrix Image Multispecies Array - ~10k SNPs/ Spezies)



	Ostfriesisches Milchschaaf (OFM)	Bentheimer Landschaaf (BLS)	Sonstige Rassen Schaf	Gesamt Schaf
Genbank	33	27	153	213
Feldproben	20	20		40
Pedigree (2022)	3850	3232		

Rasseintegrität und -diversität Schaf



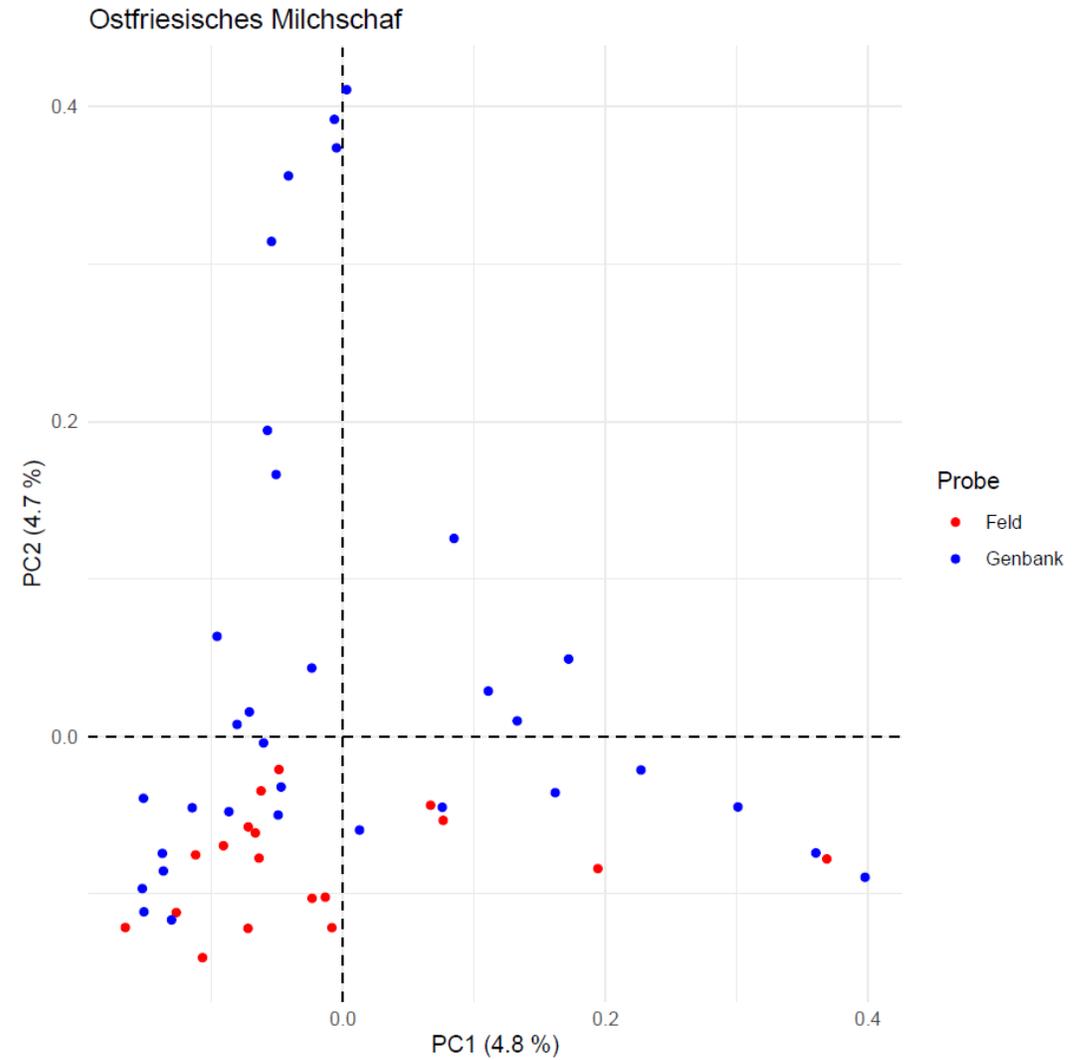
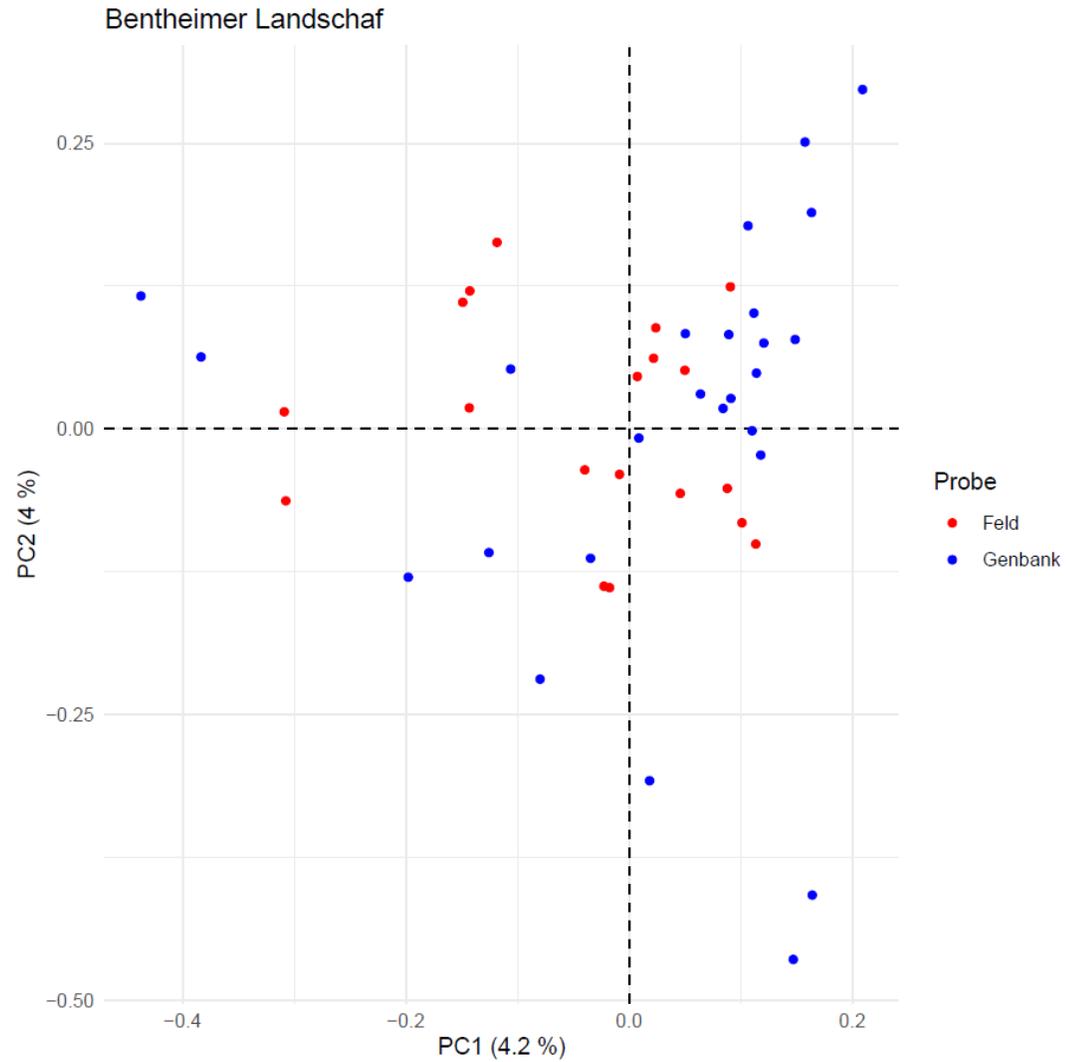
Yumi Shakya



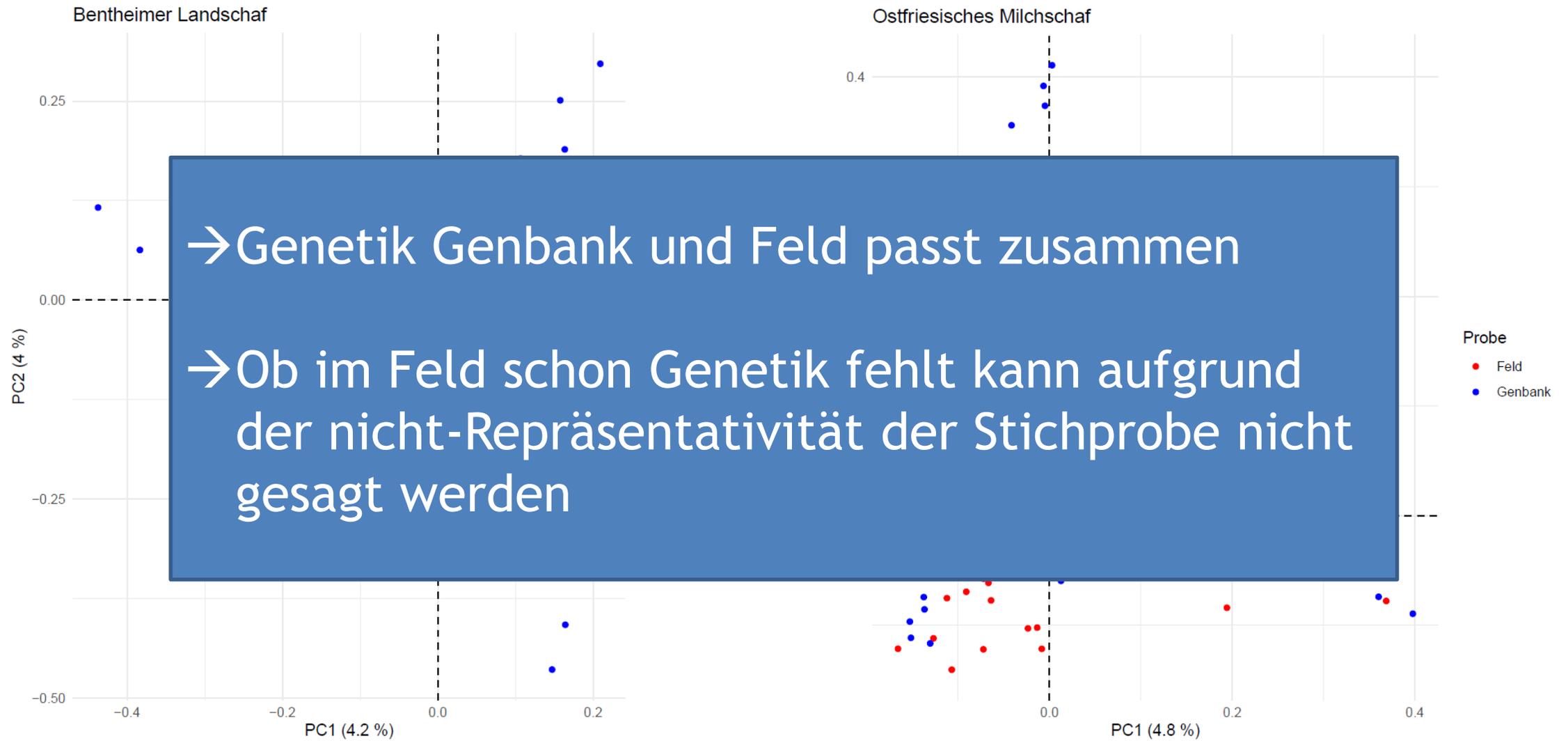
- Grundsätzlich große Rassediversität abgebildet, manche Rassen unterrepräsentiert
- Rasseintegrität beim Schaf scheint gegeben zu sein

- ...es Milchschaaf
- ...wollschaf
- ...r Landschaaf
- ...es Pommersches Landschaaf
- ...örnte Heidschnucke
- ...örnte Heidschnucke
- ...nlose Heidschnucke
- ...schaf
- ...es_Fleischschaf
- Schwarzköpfiges Fleischschaf
- Coburger Fuchsschaf
- Rhönschaf
- Skudde

Genbank vs. Feld

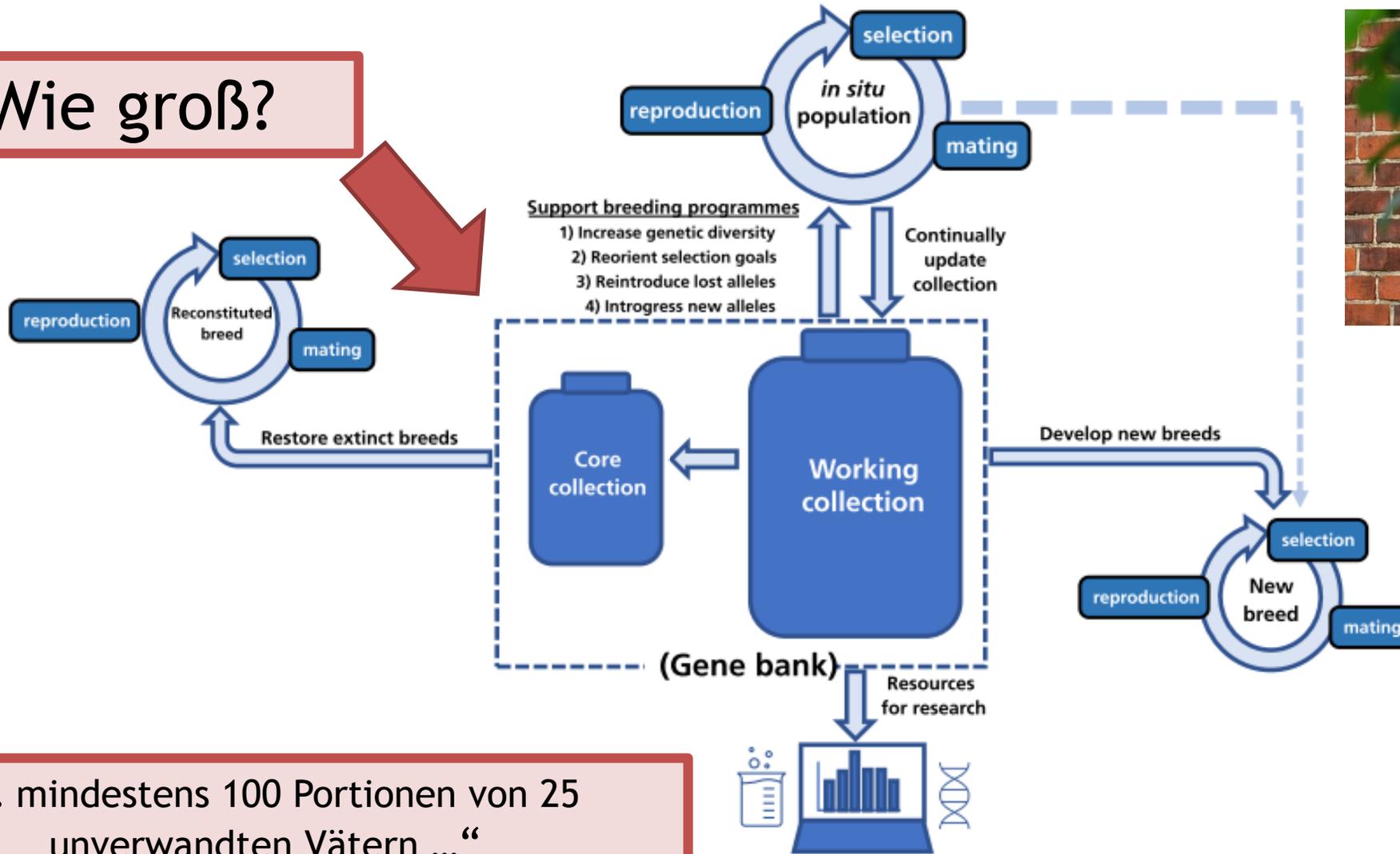


Genbank vs. Feld



Wie viele Proben pro Rasse brauchen wir?

Wie groß?



„... mindestens 100 Portionen von 25 unverwandten Vätern ...“

BMELV, 2008

Dachin-Burge *et al.*, 2023

Wie viel „Genom einer Rasse“ wollen wir lagern?

- „Sequential Safe Set“ Analyse (Eding *et al.*, 2002):
→ Maximierung der mittleren Diversität durch Minimierung der mittleren Verwandtschaft



0.5	0.1	0.05	0
0.1	0.6	0.25	0
0.05	0.25	0.51	0
0	0	0	0.5

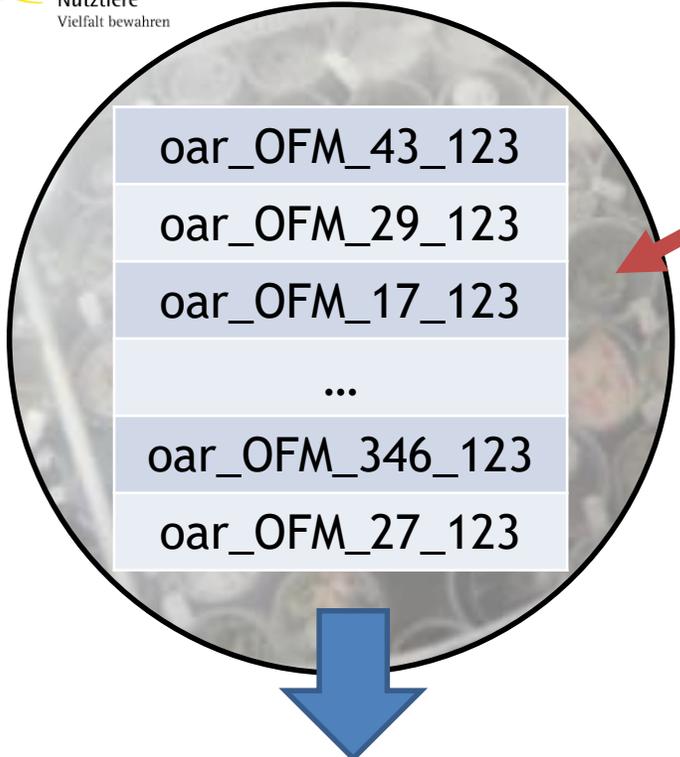
$$1 - \bar{f}(1,2) = 1 - 0.33 = 0.67$$

$$1 - \bar{f}(1,2,3) = 1 - 0.22 = 0.78$$

$$1 - \bar{f}(1,2,4) = 1 - 0.2 = 0.8$$

Sequential Safe Set OFM

Niedrigste Verwandtschaft = höchste Diversität

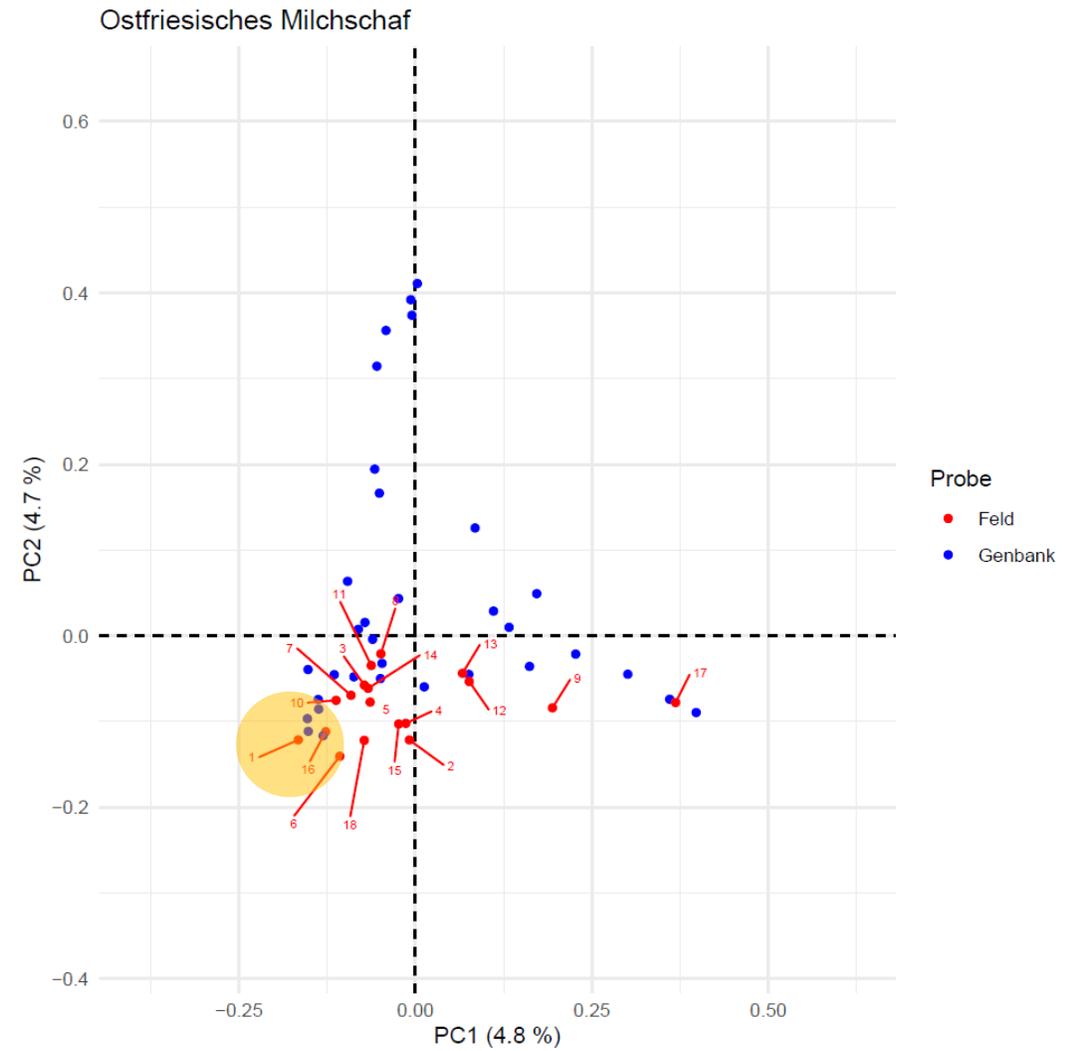
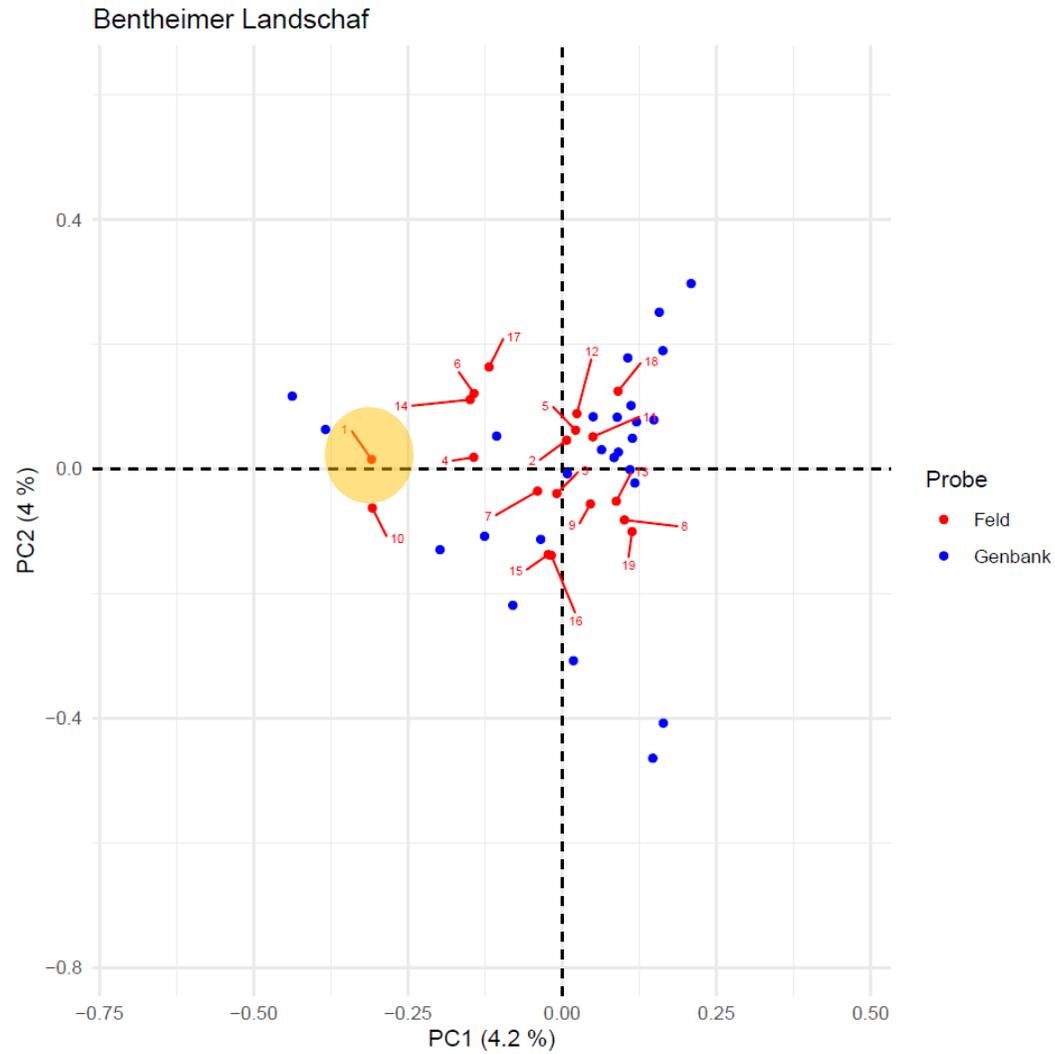


	Genbank + Tier	Verwandtschaft
1	oar_OFM_67_123	0.0134
2	oar_OFM_62_123	0.0138
3	oar_OFM_73_123	0.0140
4	oar_OFM_65_123	0.0140
5	oar_OFM_57_123	0.0140
	...	
19	oar_OFM_66_123	0.0154
20	oar_OFM_74_123	0.0156

	Genbank neu + Tier	Verwandtschaft
1	oar_OFM_73_123	0.0115
2	oar_OFM_57_123	0.0116
3	oar_OFM_65_123	0.0117
4	oar_OFM_61_123	0.0117
5	oar_OFM_69_123	0.0117
	...	
19	oar_OFM_74_123	0.0130

$\overline{\text{Verwandtschaft}} = 0.0161$

Save Set Analyse Schafe



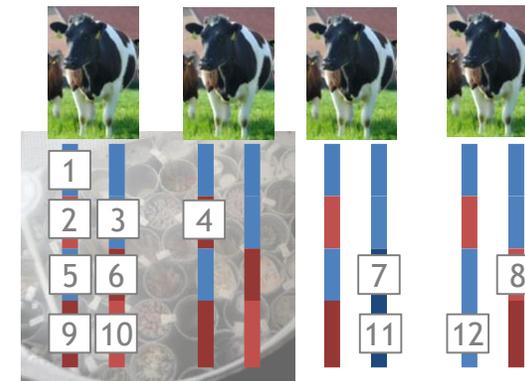
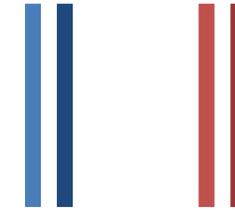
Wie viel „Genom einer Rasse“ wollen wir lagern?

- „Sequential Safe Set“ Analyse (Eding *et al.*, 2002):
 - Maximierung der mittleren Diversität durch Minimierung der mittleren Verwandtschaft
 - Voraussetzung: N verfügbare Plätze

→ Wie viel Material repräsentiert eine Rasse?

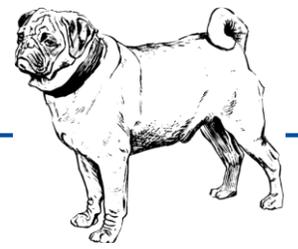
→ Gibt es Unterschiede zwischen den Rassen?

- Bisher keine einfach zu interpretierenden Maßzahlen
- Idee: Anteil der Haplotypen einer Population



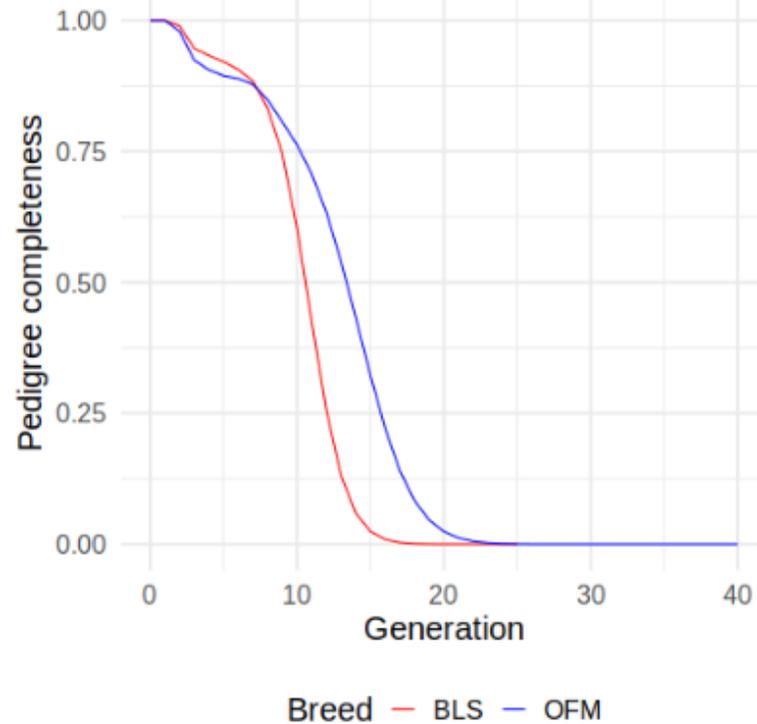
$$\frac{8}{12} = 66\% \rightarrow \frac{10}{12} = 83\%$$

Simulationsstudie



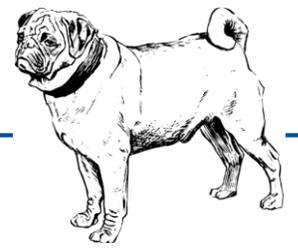
Molecular Breeding
Program Simulator
(MoBPS; Pook et al. 2020)

- Hintergrundvariation:
 - Chromosomen 10 und 20
 - Beta-verteiltes Allelfrequenzspektrum, Anzahl entsprechend Ganzgenomsequenzierungen



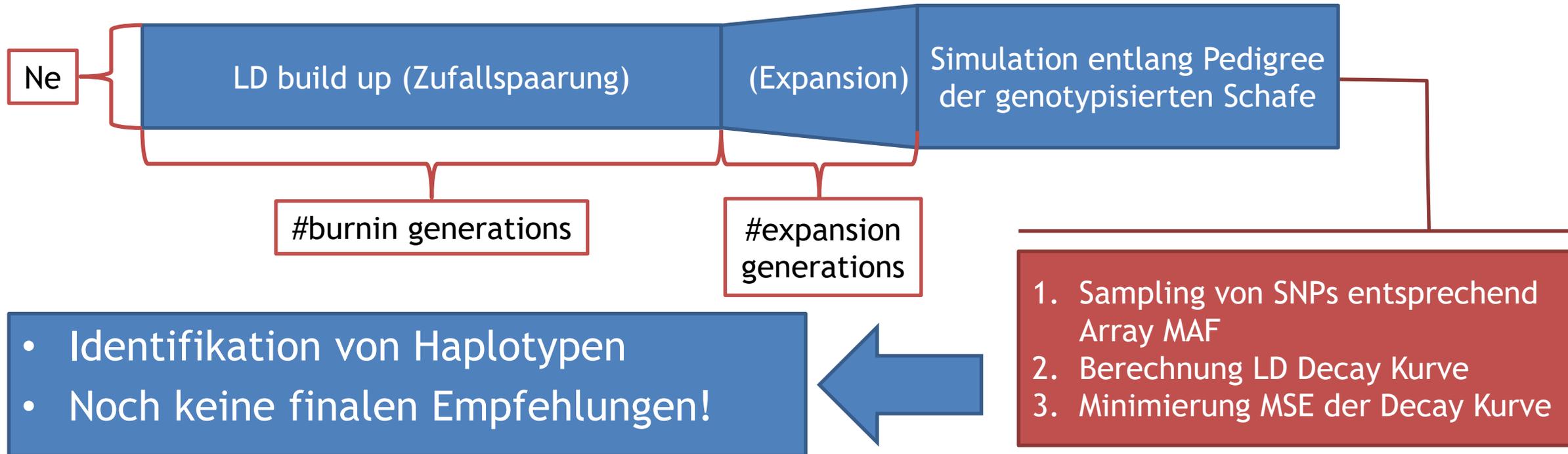
Simulation entlang Pedigree
der genotypisierten Schafe

Simulationsstudie

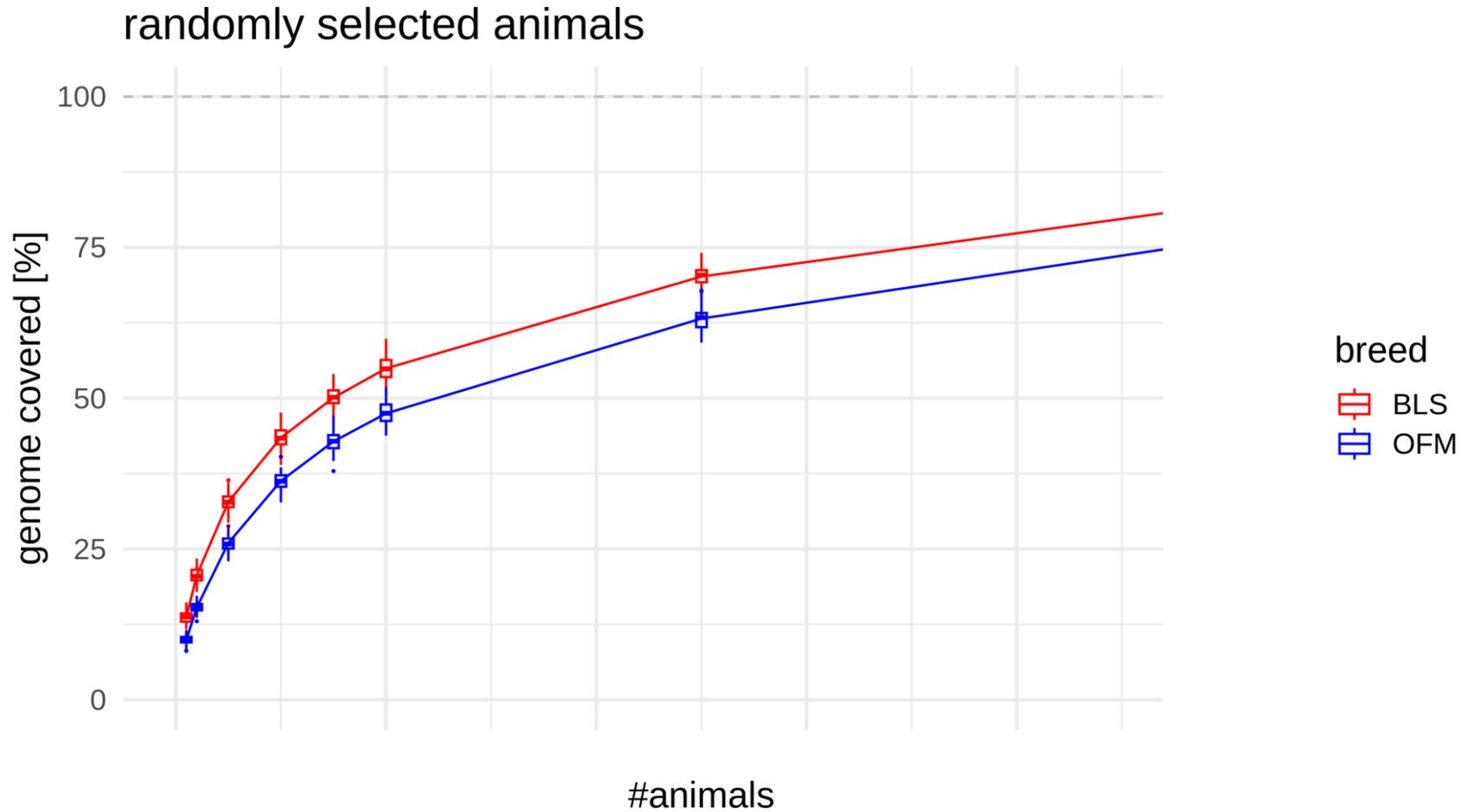


Molecular Breeding
Program Simulator
(MoBPS; Pook et al. 2020)

- Hintergrundvariation:
 - Chromosomen 10 und 20
 - Beta-verteiltes Allelfrequenzspektrum, Anzahl entsprechend Ganzgenomsequenzierungen

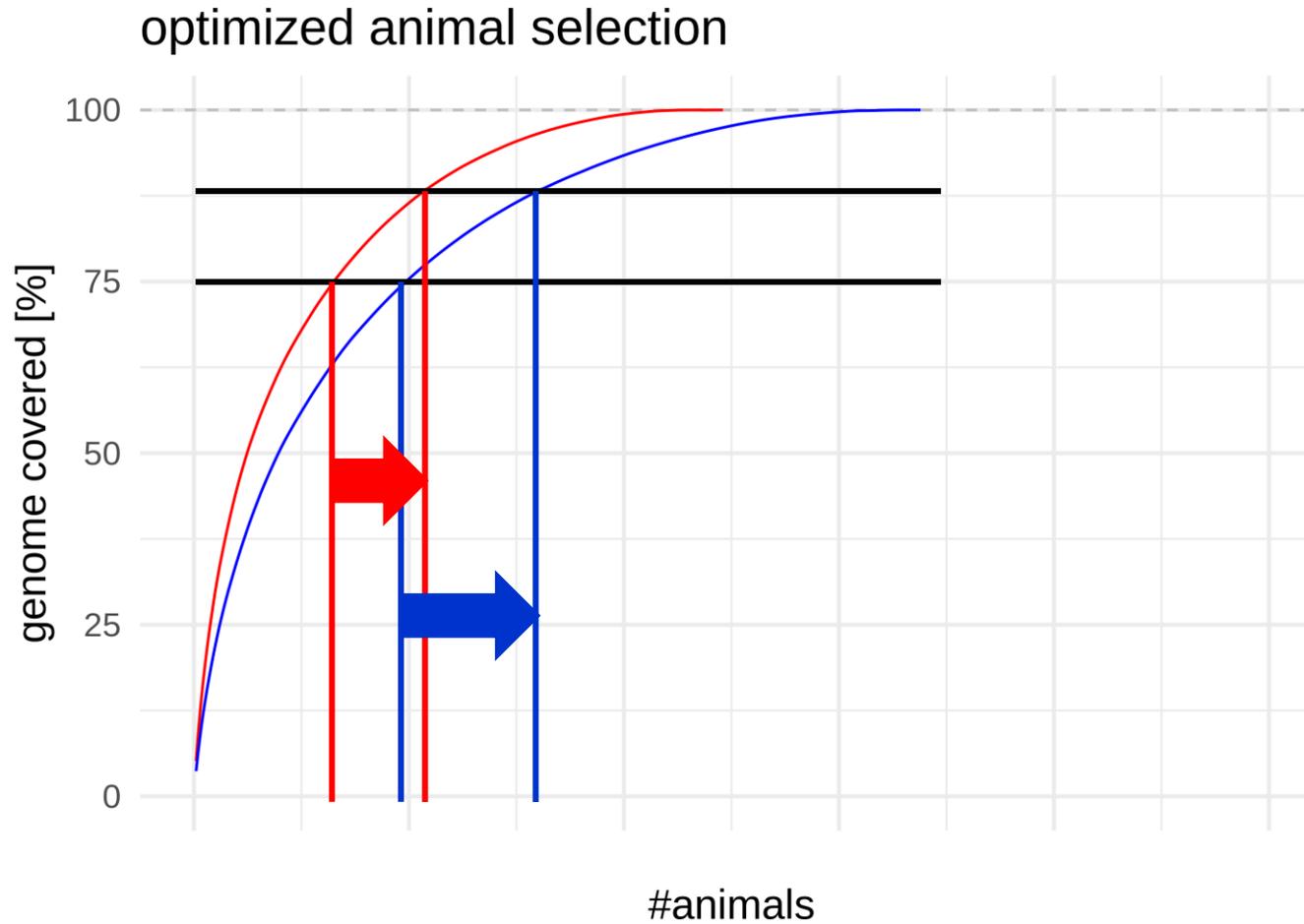


Genomabdeckung mit Haploblöcken



Rasseunterschiede basierend auf Simulationen können nicht 1:1 in Realität übertragen werden!

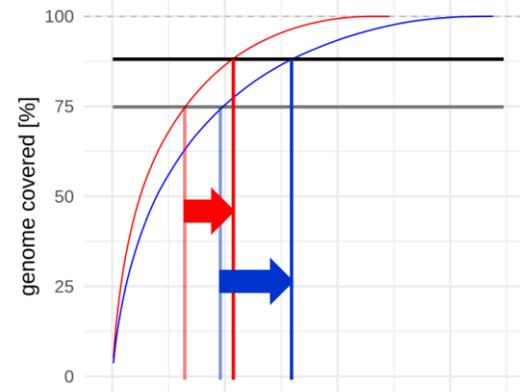
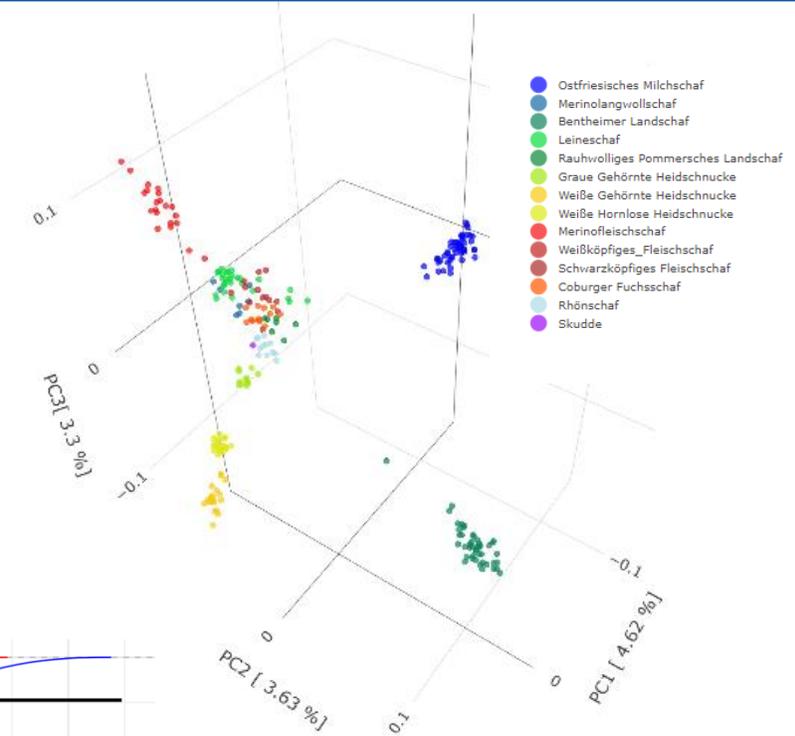
Genomabdeckung mit Haploblöcken



Rasseunterschiede
basierend auf
Simulationen
können nicht 1:1
in Realität
übertragen
werden!

Zusammenfassung

- Breites Methodenspektrum zur Beschreibung von Diversität basierend auf molekularen Markern verfügbar
- Methoden können auch zur Priorisierung genutzt werden
- Methoden zur Bedarfsabschätzung in Entwicklung



Danke für Ihre Aufmerksamkeit!