

Design of a training population to reduce genetic defects via genomic breeding value estimation



Mudashiru Olakunle Akanji^{1,2}, Elisabeth Jonas³, Elena Frenken³, Ernst Tholen⁴, Christine Große-Brinkhaus^{1,2}

¹Department of Farm Animal Science, Division of Animal Breeding and Animal Genetics, University of Göttingen, Albrecht-Thear-Weg 3, 37075 Göttingen

²Center for Integrated Breeding Research (CiBreed), University of Göttingen

³Association for Bioeconomy Research (FBF) e.V., Adenauerallee 174, 53113 Bonn (contact: je@fbf-forschung.de)

⁴Institute of Animal Sciences, Department of Animal Genetics, University of Bonn, Endenicher Allee 15, 53115 Bonn

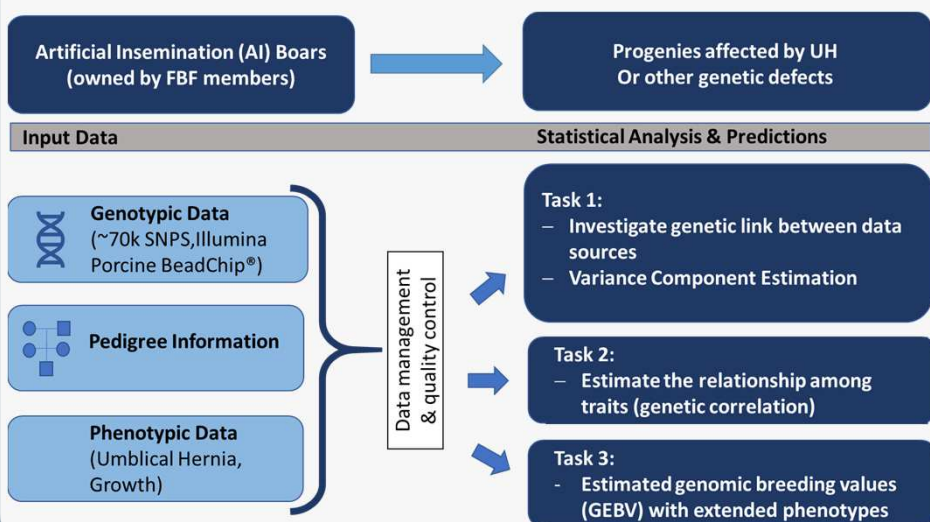
Background

- **Inherited defects** do impact welfare and health of pigs
 - Low frequent phenotypes 0.4 to 6 % ^[1]
 - No single major gene explain the variation ^[1]
 - Polygenic background suitable for genomic selection ^[1]
- **Umbilical hernia (UH)** occurs due to incomplete closure of the umbilical ring ^[2]
 - Late onset between 9 to 14 weeks of age ^[2]
 - Impact of environment, management, and genetics ^[1]

Hypotheses & Aims

- **Inherited defects** in pigs are **heritable**
- **Umbilical hernia** is a genetic defect with late onset
 - Investigate genetic and genomic background of UH
- **Genomic Selection** can **improve** the detection of **carriers** of inherited defects
 - Apply **genomic selection** to inherited defects
 - **Promote** animal welfare and sustainability

Study Design



Extended phenotyping

- Identification of pigs with Umbilical hernia
 - Clear description of the phenotype and the animal (picture, ~age and position, breeding organisation)
- Collection of hair roots for genotyping
 - Genetic link to boars in the breeding programs

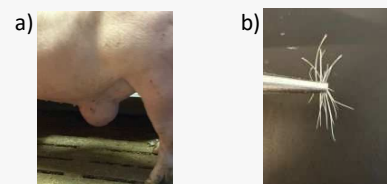
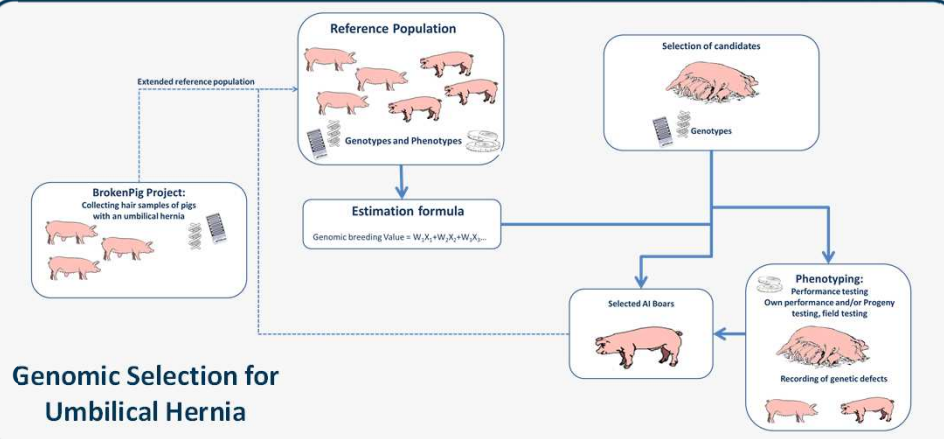


Figure 1: a) Pig with umbilical hernia and B) collection of hair roots (Pictures: FBF e.V.)



Expected Outcome

- Calibration dataset (pedigree, phenotype, genotype) for genomic selection against Umbilical hernia
- Improved knowledge for breeding against genetic defects
- Further knowledge on the background of genetics defects
- Suggestion for implementation of results into balanced and sustainable breeding programs
- Enhanced animal welfare



References

- [1] u.a. Nowacka-Woszuk J. (2021), Livestock Science, 244, p. 104317
 [2] u.a. Grindflek et al.. (2018), BMC Genomics, 19(1), 412

Design einer Lernstichprobe zur Verringerung erblicher Defekte mit Hilfe genomischer Zuchtwertschätzung

Mudashiru Olakunle Akanji^{1,2}, Elisabeth Jonas³, Elena Frenken³, Ernst Tholen⁴, Christine Große-Brinkhaus^{1,2}

¹Department für Nutztierwissenschaften, Tierzucht und Haustiergenetik, Universität Göttingen, Albrecht-Thear-Weg 3, 37075 Göttingen

²Center for Integrated Breeding Research (CiBreed), Universität Göttingen

³Förderverein für Bioökonomieforschung (FBF) e.V., Adenauerallee 174, 53113 Bonn (Kontakt: je@fbf-forschung.de)

⁴Institut für Tierwissenschaften, Tierzucht und Haustiergenetik, Universität Bonn, Endenicher Allee 15, 53115 Bonn



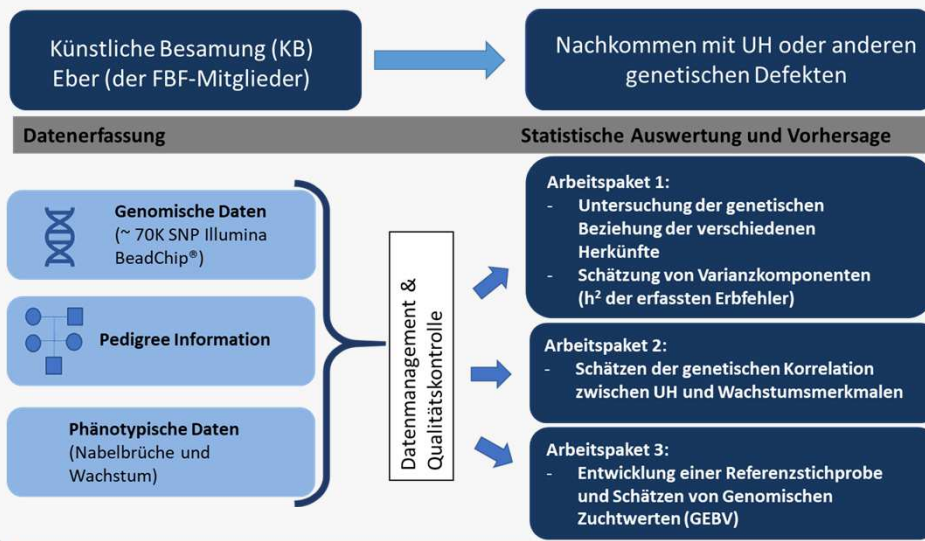
Hintergrund

- Genetische Defekte beeinträchtigen Tierwohl und Gesundheit
 - Niedrig frequente Phänotypen mit 0,4 bis 6,0 %^[1]
 - Kein einzelnes Hauptgen erklärt die Variation^[1]
 - Polygen, geeignet für die genomische Selektion^[1]
- Umbilical hernia (UH, Nabelbrüche) tritt aufgrund eines unvollständigen Verschlusses des Nabelrings auf^[2]
 - Spätes Auftreten im Alter zwischen 9 und 14 Wochen^[2]
 - Einfluss von Umwelt, Management und Genetik^[1]

Hypothesen und Ziele

- Genetische Defekte** beim Schwein sind **erblich**
- Nabelbrüche sind genetische Defekte mit spätem Auftreten
→ **Untersuchung** genetischer und genomischer Hintergrund
- Genomische Selektion** kann zur frühen Identifikation von Trägern genetischer Defekte beitragen
→ Anwendung **genomische Selektion** für die Reduktion des Auftretens genetischer Defekte
→ **Verbesserung von Tierwohl und Nachhaltigkeit**

Versuchsdesign



Erweiterte Phänotypisierung

- Identifikation von Schweinen mit Nabelbrüchen in Vormast und Mast
→ Klare Beschreibung des Phänotyps und des Tieres (Bild, ~Alter und Position, Zuchtorganisation)
- Sammlung von Borsten für Genotypisierung
→ Genetische Beziehung zu Ebern in den Zuchtprogrammen

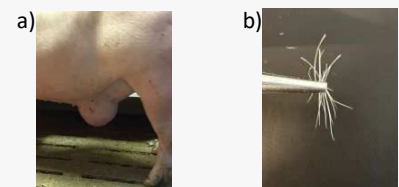
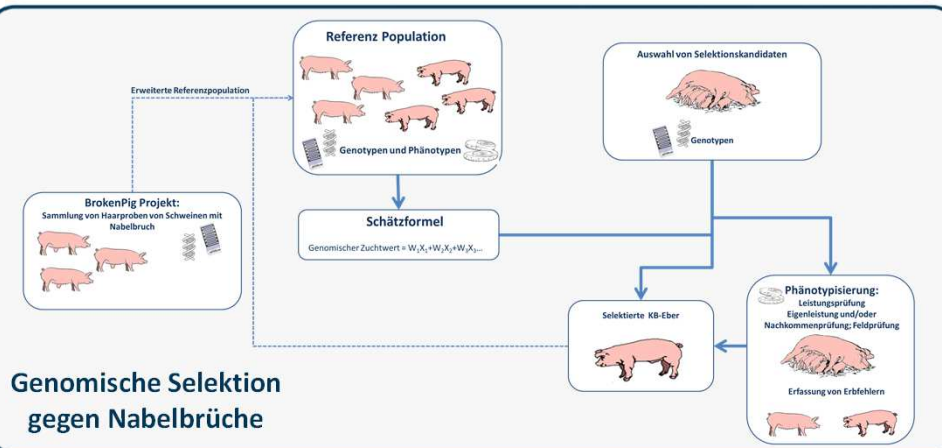
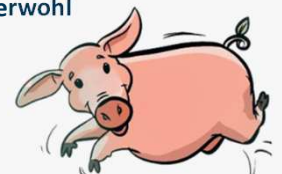


Abb. 1: a) Schwein mit Nabelbruch und b) Sammlung von Haarwurzeln (Fotos: FBF e.V.)



Erwartete Ergebnisse

- Aufbau eines Kalibrierungsdatensatzes (Pedigree, Phänotyp, Genotyp) für die genomische Selektion gegen Nabelbrüche
- Beurteilungen zur Verringerung genetischer Defekte durch Zuchtstrategien
- Verbesserte Erkenntnisse zu Ursachen genetischer Defekte
- Integration in balancierte und nachhaltige Zuchtprogramme
- Verbessertes Tierwohl**



Referenzen

- [1] Grindflek et al. (2018), BMC Genomics, 19(1), 412
[2] Nowacka-Woszuk J. (2021), Livestock Science, 244, p. 104317