



SMALL RuminanTs breeding for Efficiency and Resilience

**ΠΕ5: ΓΕΝΩΜΙΚΗ / ΓΕΝΕΤΙΚΗ ΜΟΝΤΕΛΟΠΟΙΗΣΗ
ΜΕΘΟΔΩΝ ΕΠΙΛΟΓΗΣ ΙΔΙΟΤΗΤΩΝ
ΣΧΕΤΙΖΟΜΕΝΩΝ ΜΕ ΤΗΝ ΑΝΘΕΚΤΙΚΟΤΗΤΑ ΚΑΙ
ΤΗΝ ΑΠΟΔΟΤΙΚΟΤΗΤΑ**



Στόχοι

- Ανάπτυξη γενετικών μοντέλων για Ανθεκτικότητα και Αποδοτικότητα υπό μικρο- και μακρο-περιβαλλοντικές προκλήσεις
- Εκτίμηση (γενωμικών) γενετικών αξιών για ιδιότητες σχετιζόμενες με Ανθεκτικότητα και Αποδοτικότητα
- Ανάπτυξη και εκτίμηση μεθόδων εκτίμησης γενωμικών αξιών προσαρμοσμένες στα πρόβατα και τις αίγες (*πολλαπλών φυλών, χωρών, κλπ*)
- Ανάπτυξη και εφαρμογή νέων μεθόδων επιλεγμένων και μη πληθυσμών προβάτων και αιγών με παράλληλη διατήρηση της γενετικής παραλλακτικότητας

Συνεισφορά του παρόντος πακέτου εργασίας (WP5) στο SMARTER (1)

Η επιλογή των φυλών Lacaune ή Manech με σκοπό τη δημιουργία φυλών ανάλογων της 'Assaf' (μη αποδοτική και ευαίσθητη υπό γαλλικές συνθήκες) δεν είναι καλή ιδέα

Αναζητούμε 'στιβαρά' και 'αποδοτικά' ζώα

Ενα άλλο ζήτημα εδώ: πώς μετράται η αποδοτικότητα...

- Στιβαρότητα/ανθεκτικότητα (Robustness/resilience): **ικανότητα ανάκαμψης** μετά από έκθεση σε στρεσογόνο παράγοντα
- Πώς **'εντοπίζεται'** η πρόκληση? Πώς επιλέγονται τα ζώα με υψηλή ικανότητα ανάκαμψης?

Συνεισφορά του παρόντος πακέτου (WP5) στο SMARTER (2)

Θεωρείται ότι η **γενωμική επιλογή** είναι μόνο αποτελεσματική στις γαλακτοπαραγωγικές αγελάδες αλλά όχι στα μικρά μηρυκαστικά. Αυτό δεν αληθεύει.

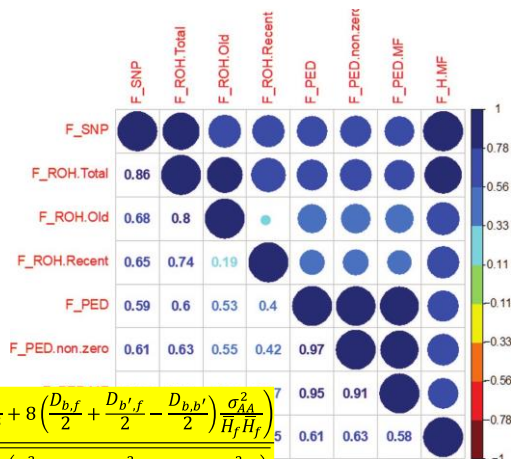
- Οι εκτιμήσεις των γενωμικών αξιών στη φυλή Lacaune παρουσιάζουν την ίδια ακρίβεια όπως σε φυλές αγελάδων (πχ Montbéliardes, Νορμανδίας). Μάλιστα μπορεί να είναι καλύτερες από αυτές σε φυλές αγελάδων (κρεοπαραγωγικής ή γαλακτοπαραγωγικής κατεύθυνσης)
 - Η φυλή Holstein έχει μεγάλο αριθμό ζώων και διαθέσιμων πόρων
- Η Γενωμική επιλογή στα γαλλικά γαλακτοπαραγωγά πρόβατα έχει ξεκινήσει ήδη από το 2012, ενώ στις αγελάδες από το 2022...

Υπάρχουν περιορισμοί κατά την εφαρμογή ενός προγράμματος γενωμικής επιλογής σε πρόβατα και αίγες:

- μικρό μέγεθος πληθυσμού σε 'μικρές' φυλές
- εκτίμηση της αποτελεσματικότητας της γενωμικής επιλογής σύνθετη
- σημαντικές τεχνικές λεπτομέρειες (έλλειψη γενεαλογίας, ακρίβεια εκτίμησης...)
- διαχείριση ποικιλότητας και αιμομειξίας

Αναζητούμε τρόπους επίλυσης...

Δείγμα εργασίας



```
def fleischmannFR(lait, da):
    # this is fleischmann a la Francaise
    # need to check by hand !!!
    flagnum=checks(lait, da)
    # note that python indexes from 0 to n-1 !!
    if flagnum==0:
        # make deep copies of lait and da so that they are not
        exit
        durlact=da[-1]-35+14
        dafl=copy.deepcopy(da)
        laitfl=copy.deepcopy(lait)
        laitfl, dafl, gt35=convertFR(laitfl, dafl)
        # compute
        my=integral(dafl, laitfl)/1000
        my=my*160/(durlact+60)
    else:
        my=-1
        gt35=-1
    return (my, flagnum, gt35)
```

$$r(\alpha_i^b, \alpha_i^{b'}) \approx \frac{\left(\frac{\sigma_A^2}{H_f} + 4 \left(\frac{D_{b,f}}{2} + \frac{D_{b',f}}{2} - \frac{D_{b,b'}}{2} \right) \frac{\sigma_D^2}{H_f^2} + 8 \left(\frac{D_{b,f}}{2} + \frac{D_{b',f}}{2} - \frac{D_{b,b'}}{2} \right) \frac{\sigma_{AA}^2}{H_f H_f} \right)^{7/5}}{\sqrt{\left(\frac{\sigma_A^2}{H_f} + 4D_{b,f} \frac{\sigma_D^2}{H_f^2} + 8D_{b,f} \frac{\sigma_{AA}^2}{H_f H_f} \right) \left(\frac{\sigma_A^2}{H_f} + 4D_{b',f} \frac{\sigma_D^2}{H_f^2} + 8D_{b',f} \frac{\sigma_{AA}^2}{H_f H_f} \right)}}$$

- Υπολογίζουμε, γράφουμε προγράμματα
- Κάνουμε εκτιμήσεις χρησιμοποιώντας δεδομένα από ιδιώτες βελτιωτές
- Μερικές φορές τα αποτελέσματα φαίνονται αστεία... άλλες φορές όχι ...
- Συνεργαζόμαστε!!
 - Roslin (Edinburgh)
 - Neiker (Spain)
 - INIA (Uruguay)
 - ...

Τι βρήκαμε?

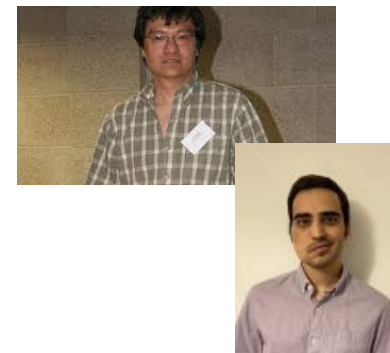
1) Επιλογή για ανθεκτικότητα:

Για να γίνει αυτό, χρειάζεται μια πρόκληση, μια κατάσταση stress.

Σε φυλές στις οποίες τα ζώα δεν βιώνουν ποτέ στεσσογόνες καταστάσεις δεν είναι δυνατός ο εντοπισμός ζώων που παρουσιάζουν ανθεκτικότητα (ικανότητα ανάκαμψης) στο στρεσογόνο παράγοντα

Ακόμα και όταν δεν επιλέγουμε αποκλειστικά για ανθεκτικότητα, ένα ιδανικό πρόγραμμα απογονικού ελέγχου κριών θα έπρεπε να περιλαμβάνει απογόνους σε **‘καλά’** και **‘δύσκολα’** περιβάλλοντα με σκοπό την παραγωγή ζώων προσαρμοσμένων σε όλες τις συνθήκες

Όταν ο στρεσογόνος παράγοντας μπορεί να εντοπιστεί, είναι δυνατή η επιλογή για **υψηλή ανθεκτικότητα**. Ωστόσο, η τελευταία θα πρέπει να λάβει υψηλή βαρύτητα στον ολικό δείκτη επιλογής



Τι βρήκαμε?



2) Εντοπισμός stress:

Είναι μάλλον αδύνατο να εντοπίσουμε το stress, εκτός ίσως σε περιπτώσεις ακραίων μετεωρολογικών καταστάσεων (μάλλον ασυνήθιστες).

Σε εκτροφές με συνεχή καταγραφή αποδόσεων (πχ παράμετροι ανάπτυξης σε σταθμούς ελέγχου, καταγραφή γαλακτοπαραγωγής με αυτόματα συστήματα μέτρησης) έχουμε αναπτύξει μια μέθοδο εντοπισμού στρεσογόνων καταστάσεων (ελπίζοντας ότι θα υπάρχει (πιο) κατάλληλος διαθέσιμος εξοπλισμός για το σκοπό αυτό).

- Εξετάζοντας την ημερήσια διακύμανση (απόκλιση, μεταβολές) των αποδόσεων ανά ημέρα, εντοπίζουμε τις μέρες του stress
- Εντοπίζουμε τη μικρή/μεγάλη ευαισθησία μέσω των αποκλίσεων (μεταβολών) των αποδόσεων τη μέρα εκείνη

Τι βρήκαμε?



2) Εντοπισμός stress:

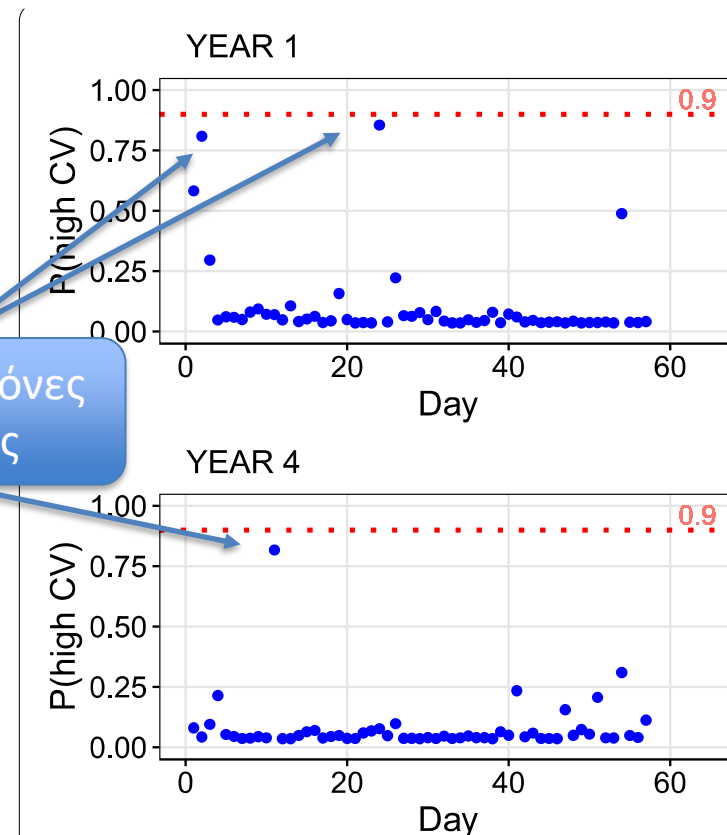
INRAE Unit de La Sapinière,

Ημερήσια κατανάλωση τροφής

Η μέθοδος εντόπισε τις ημέρες με στρεσογόνα συμβάντα (αντικατάσταση στρωμνής, επισκευή στάβλου...)

Στρεσογόνες ημέρες

Στην περίπτωση αυτή είναι δυνατή η εκτίμηση γενετικών αξιών για **μικρή ευαισθησία (υψηλή ανθεκτικότητα)**



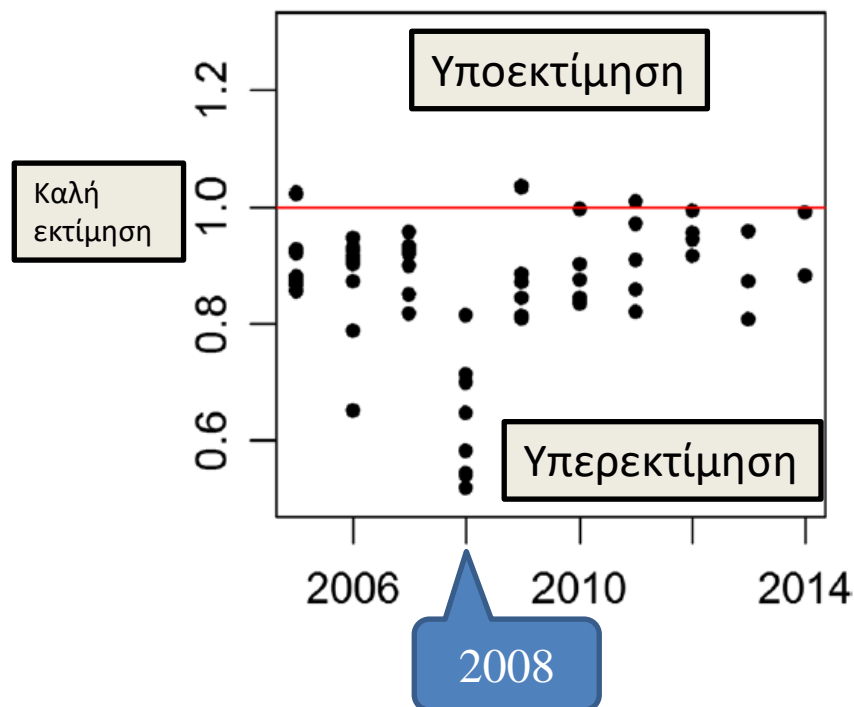
Τι βρήκαμε?

3) Γενωμική επιλογή:

- Σύγκριση 'παλαιών' και 'πρόσφατων' γενετικών αξιών (ΓΑ) επιτρέπει την αποτίμηση της ποιότητας εκτίμησης
- Η **γενωμική μέθοδος** αυξάνει την αξιοπιστία των εκτιμήσεων κατά 5 έως 10%
- Η διαδικασία δεν είναι τέλεια: υποεκτιμούμε ή υπερκεκτιμούμε τη ΓΑ των νεαρών ζώων, ανάλογα με το έτος γέννησης
- Χωρίς σημαντικές επιπτώσεις στην επιλογή των ζώων



'σφάλμα' εκτίμησης ΓΑ



Τι βρήκαμε?

3) Συνδυασμός φυλών για καλύτερες εκτιμήσεις:

Όταν συνδυάζουμε δύο (κοντινούς) πληθυσμούς, έχουμε καλύτερες εκτιμήσεις γενωμικών αξιών?

Αυτό συμβαίνει όταν τα ίδια γονίδια ασκούν τις ίδιες επιδράσεις σε όλες τις φυλές. Όμως αυτό δεν ισχύει πάντα:

- το γονίδιο της μυστατίνης παράγει ζώα υπέρμετρης μυϊκότητας σε μερικές φυλές βοοειδών αλλά όχι σε όλες
- το γονίδιο DGAT1 αυξάνει την ετήσια γαλακτοπαραγωγή κατά στη φυλή Holstein αλλά μόνο κατά 140 kg στη φυλή Νορμανδίας

Επομένως θα πρέπει οι φυλές να έχουν γενετική εγγύτητα, αλλά πόσο?

Βρήκαμε ένα τρόπο να το εκτιμήσουμε...



+



+



+



=

?

Τι βρήκαμε?

3) Συνδυασμός φυλών για καλύτερη εκτίμηση:

Επιδράσεις γονιδίων είναι παρόμοιες, αν:

$$r(\alpha_i^b, \alpha_i^{b'}) \approx \frac{\sqrt{\sigma_A^2}}{\sqrt{\sigma_A^2 + \frac{8F_{ST}}{1 - F_{ST}} \sigma_{AA}^2}}$$

Κοντινές φυλές

Μόνο προσθετικές επιδράσεις (μικρότερη συνεισφορά επίστασης)



Ομοιότητα μεταξύ επιδράσεων γονιδίων (αδρή εκτίμηση!)

- Manech Tête Rousse – Latxa Cara Rubia: 0.98 😊
- Manech Tête Rousse – Manech Tête Noire: 0.92 😞
- Manech Tête Rousse – Lacaune: 0.80 😞

...επιπλέον κάνουμε την παραδοχή ότι το περιβάλλον εκτροφής και το σύστημα επιλογής είναι ίδιο



Τι βρήκαμε?

... Επονται και άλλες αναλύσεις

Τι βρήκαμε?



4) Αποτελεσματικότερος τρόπος αντιμετώπισης αιμομειξίας:

Εκτιμήσαμε καλύτερα την εξέλιξη της γενετικής παραλλακτικότητας (η οποία είναι πολύ καλύτερα διαχειρίσιμη)

Ειδικότερα, εκτιμήσαμε τα επίπεδα γενετικής παραλλακτικότητας (γαλακτοπαραγωγή) μετά από 30 χρόνια επιλογής:

