

GENOMIC SELECTION IN EEN NOTENDOP

Stel je voor dat je als het ware in een kalfje kunt kijken en kunt zien of het de goede of de slechte eigenschappen van vader en moeder heeft meegekregen. Direct weten wie van de volle zussen de goede genen van beide ouders heeft meegekregen en wie niet. Meteen weten of het zin heeft te gaan opfokken. Scherper zicht op de vraag welk dier in aanmerking komt voor gesekest sperma, spoelingen of juist een vleesstier. Dat is precies wat genomic selection ons belooft.

Genomic selection. Iedereen heeft het erover, maar weten we ook hoe het werkt? We leggen het uit in acht stappen.

Stap 1. Stier

Men neemt een stier met veel dochters (mag gerust een beetje meer zijn dan het afgebeelde aantal dames...).

Stap 2. Conventionele fokwaarde

We berekenen de conventionele fokwaarde voor deze stier (gebaseerd op stamboom en observaties bij nakomelingen en overige familieleden, maar géén genomische informatie).

Stap 3. DNA

We nemen een DNA-monster van de stier en bepalen op 50.000 punten van het DNA (zo'n puntje noemen we een merker) welke variant de stier van vader en van moeder heeft meegekregen. Er zijn 3 opties: hij heeft van zowel vader als moeder kopie A gekregen, hij heeft van zowel vader als moeder kopie B gekregen, hij heeft van de één A en van de ander B gekregen. Het genotype van één merker is dus AA, BB, of AB.

Stap 4. Vél stieren met dochters

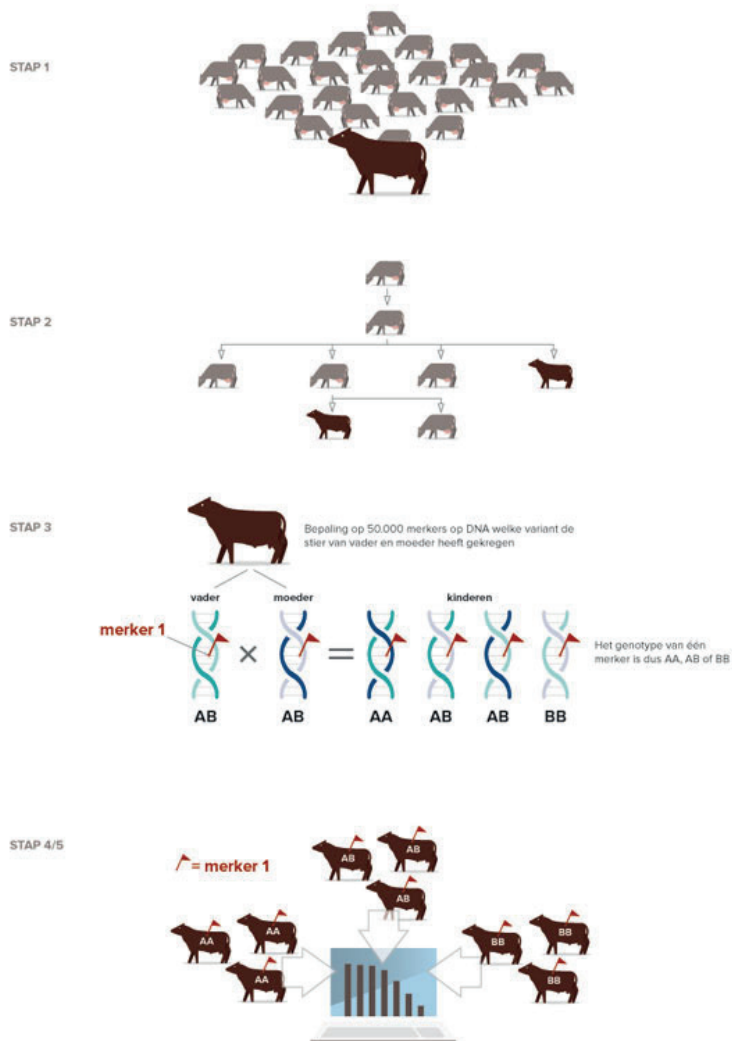
We herhalen stap 1, 2 en 3 voor nog eens 26.000 andere stieren. Deze noemen we de referentiepopulatie. Het zijn dus allemaal stieren met een conventionele fokwaarde én 50.000 merkers.

Stap 5. Merkereffect

Nu moeten we bepalen welk effect een merker heeft op een kenmerk. Dit doen we met een statistisch programma dat per merker de stieren indeelt naar het genotype dat ze op die merker hebben. We krijgen dus 3 groepen stieren: de groep met genotype AA voor merker 1, AB voor merker 1, en BB voor merker 1. Vervolgens bepaalt het statistisch programma op een slimme manier wat de gemiddelde fokwaarde is van de stieren in groep 1 (AA), 2 (AB) en 3 (BB). Hierbij wordt onder meer rekening gehouden met hoe betrouwbaar de fokwaarde is, waarbij stieren met 99% betrouwbaarheid belangrijker worden gevonden dan stieren met een betrouwbaarheid van bijvoorbeeld 50%.

Zo weten we het effect van merker 1 op de fokwaarde van een dier (het merker-effect). Als we toch bezig zijn, doen we dit natuurlijk voor alle kenmerken waarin we geïnteresseerd zijn (we bepalen het effect van merker 1 op de fokwaarde van melk, vet, eiwit, uiergezondheid, vruchtbaarheid, klauwgezondheid etc.).

GENOMIC SELECTION IN EEN NOTENDOP



Stap 6. Heel veel merkereffecten

We herhalen stap 5 nog 49.999 keer totdat we van alle 50.000 merkers weten welk effect ze hebben op elk kenmerk waarin we geïnteresseerd zijn.

Stap 7. De merkerfokwaarde van het nieuwgeboren kalfje

Vervolgens doen we voor ons kalf een DNA-test (is die op 10.000 merkers gedaan, zoals bij onze merkertest, dan hebben we een slim programma dat dit omzet naar 50.000 merkers). Voor elke merker kijken we welke 2 kopieën het kalf heeft (AA, AB of BB) en in stap 6 hebben we uitgerekend welk effect op het kenmerk bij die merker hoort. We tellen van alle 50.000 merkers de effecten voor dit kalf bij elkaar op en ziedaar: de merkerfokwaarde voor ons kalf.

Stap 8. De genomic fokwaarde

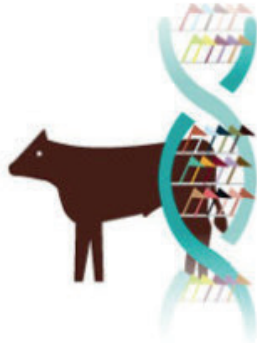
U dacht dat we al klaar waren bij stap 7? Bijna. Ons kalf heeft ook nog stamboom informatie en mogelijk familieleden met observaties. Die informatie (die in de conventionele verwachtingswaarde zit verwerkt) voegen we samen met de merkerfokwaarde om tot de genomic fokwaarde te komen. Opnieuw met een slim statistisch programma dat onder meer rekening houdt met de betrouwbaarheden van deze informatiebronnen. Waarom? Omdat 50.000 merkers maar een deel van al het DNA betreft en er dus nog meer informatie in het DNA 'verstopt' zit dat niet door de merkers wordt meegenomen. De verwachtingswaarde of conventionele fokwaarde (bij oudere dieren) geeft dus nog extra inzicht in de genetische verschillen tussen dieren die niet door de merkers worden opgepikt.

STAP 6

nog 49.999
markers



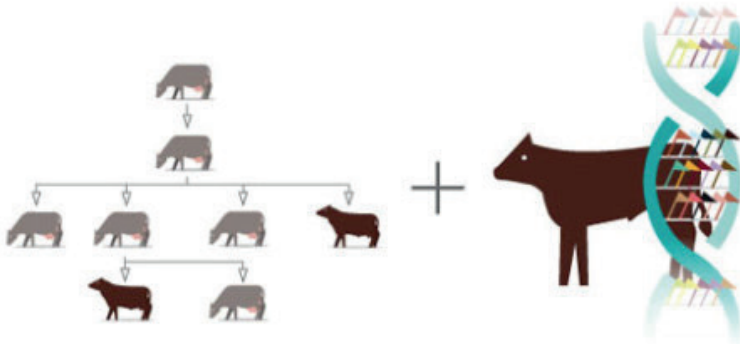
STAP 7



STAP 8



STAP 9



TOT BESLUIT

De basis van genomics is minder magisch dan vaak wordt voorgesteld. Het is in feite een optelsom van heel veel (50.000) kleine effectjes. Waar een verwachtingswaarde een simpel oudergemiddelde is dat geen rekening houdt met wélke kopie je nu precies van vader of moeder meekrijgt, geeft de genomic fokwaarde een veel preciezer beeld: een kalf dat meer 'goede' DNA-kopieën van de ouders (heeft meegekregen met een positief effect op het gewenste kenmerk) zal hoger uitkomen dan een volle zus die vooral 'slechte' kopieën heeft meegekregen, terwijl ze exact dezelfde verwachtingswaarde hebben. En daarmee geeft de genomic fokwaarde een veel betrouwbaarder beeld van wat deze zussen in de toekomst gaan doen.

Wel is het goed ons te realiseren dat ook de genomic fokwaarde een schatting is. De betrouwbaarheid is hoger dan van een verwachtingswaarde, maar is zeker geen 100%. Hoewel het DNA van het dier niet verandert, kan de genomic fokwaarde (net als elke fokwaarde!) wél veranderen gedurende het leven van een dier. De merkereffecten zijn gebaseerd op de stieren in de referentiepopulatie. Hoe meer stieren in de referentiepopulatie, hoe betrouwbaarder de schatting wordt en hoe hoger dus ook de betrouwbaarheid van de genomic fokwaarde. Pas als de merkerinformatie, de stamboom en de observaties van dier, nakomelingen en familieleden samenkomen, kan de betrouwbaarheid van de (genomic) fokwaarde stijgen tot aan 99%. En dan kennen we het genetisch potentieel dat tot uiting komt bij dit dier.