



Welcome to the seminar

Facing the challenges in the food system





# Breed4Food Theme: Utilizing DNA Information





# Use of DNA information in animal breeding

-

## History, Breed4Food, Future

### Mario Calus





# Outline

- History
- 10 years Breed4Food
- Future





# History



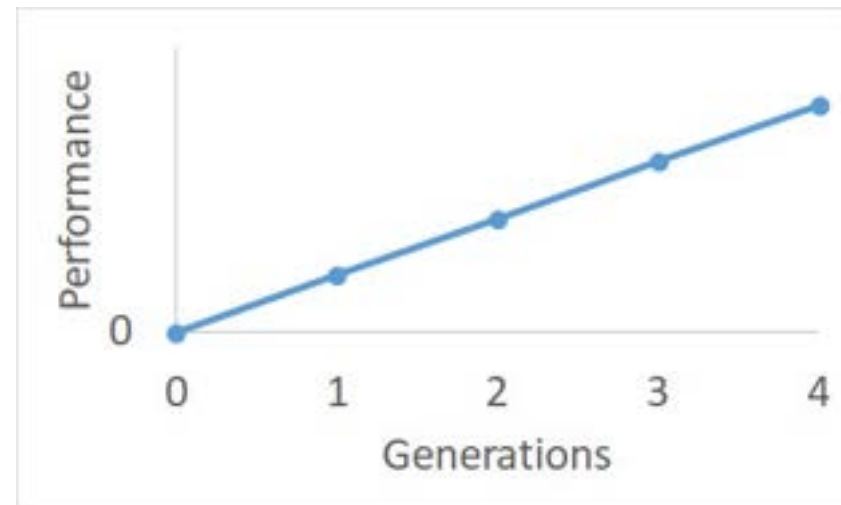


# Animal Breeding



- Improve genetic merit of a *population of animals*
- By selecting the *best animals* as parents for the next generation
- Every generation again

=> Genetic improvement:  $\Delta G$





Genetic improvement =  $\Delta G$  =

Accuracy x Intensity x Genetic standard deviation

---

Generation interval

*Holy grail of animal breeding:*

Select **best animals** as *accurate* & as *fast* as possible

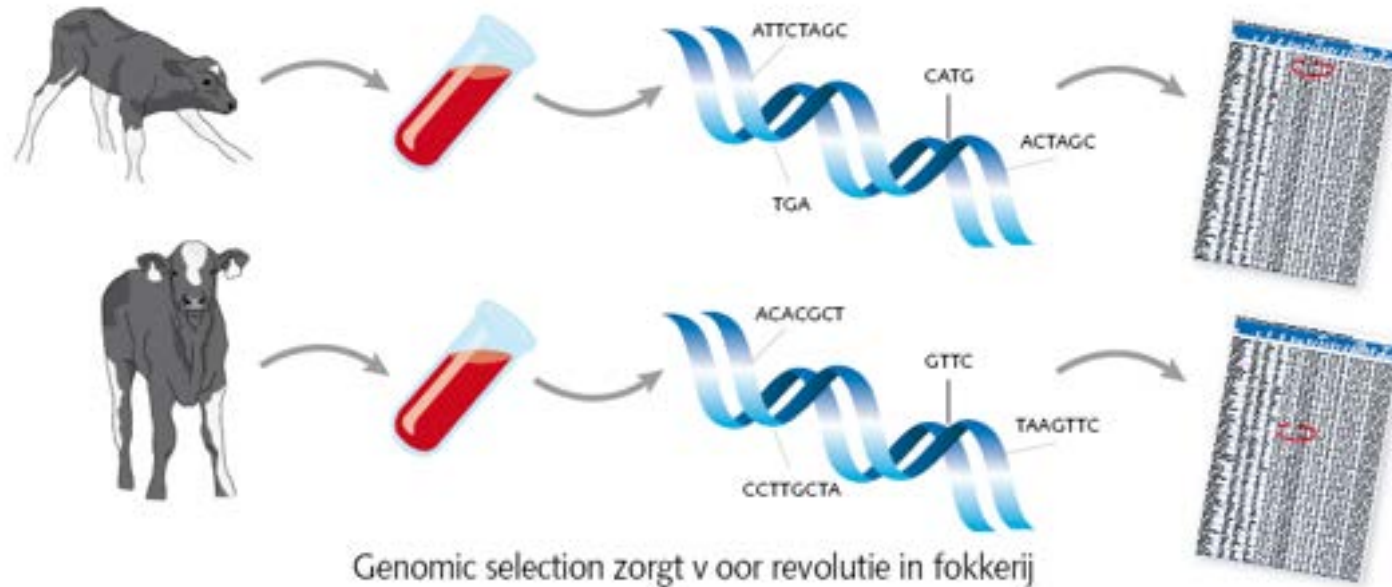


# Holy grail *or* Paradox?

- Can we accurately predict breeding values early in life?
- High accuracy requires *a lot of* information
- At young age *very little* information is available



# Genomic prediction



Genomic selection zorgt voor revolutie in fokkerij

## Selecteren op DNA-niveau

Tien jaar geleden waren het nog futuristische ideeën, nu is genomische selectie in de fokkerijwereld het gesprek van de dag. Maar wat houdt het precies in? AGG-onderzoekers schreef de achtergrond van de nieuwe techniek.

**G**enomische selectie wordt veel bekender als we van de meest digitale verwerkings- en de meest nauwkeurige selectie van de fokkerijwereld spreken. Het principe van genomische selectie is niet anders dan dat van de selectie op basis van DNA. Het verschil is dat nu mogelijk wordt om te kijken naar het hele DNA van de dieren. Het afgelopen jaar is

de doortrekkende genomische selectie met de meeste genetische variatie kunnen vertalen. Het beginsel van de methode kan nu voor hetzelfde geld de voorruike en/of andere merken kunnen worden bepaald, met 200 miljoen.

Nederland loopt voorop bij de introductie van genomische selectie. AGG is nauw betrokken bij de ontwikkeling van de implementatie en werkt samen met de onderzoekers van CRV en de pleurme en Nederlandse Landbouwkundige. De belangrijkste AGG-onderzoekers geven hier de achtergrond, schetsen de potentiële impact voor de Nederlandse fokkerij en kijken naar mogelijke toepassingen op het Nederlandse melkveebedrijf.

**Tegelijkertijd kan het ook** een sterkere link krijgen de helft van zijn rassen genomisch

en de helft van zijn rassen genomisch. Het elke selectie krijgt dezelfde helft van zijn rassen. Een belangrijke vraag is welke specifieke genen van beide rassen een belangrijke rol spelen. In de melkveefokkerij is daarom het genomische selectie met de meeste genetische variatie kunnen vertalen. Het beginsel van de methode kan nu voor hetzelfde geld de voorruike en/of andere merken kunnen worden bepaald, met 200 miljoen.

Wat genomische selectie kan het ook een sterkere link krijgen de helft van zijn rassen genomisch. Het elke selectie krijgt dezelfde helft van zijn rassen. Een belangrijke vraag is welke specifieke genen van beide rassen een belangrijke rol spelen. In de melkveefokkerij is daarom het genomische selectie met de meeste genetische variatie kunnen vertalen. Het beginsel van de methode kan nu voor hetzelfde geld de voorruike en/of andere merken kunnen worden bepaald, met 200 miljoen.

omdat wordt bekend en rekenden om's niet de grote data bezetten.

**Van 20 naar 50.000 merken**  
In de afgelopen tien jaar is veel onderzoek gedaan naar het gebruik van genomische selectie. Het doel hiervan was om te kijken hoe het mogelijk is om te selecteren op basis van het hele DNA van de dieren. Dit is een belangrijke stap in de ontwikkeling van genomische selectie. Het afgelopen jaar is de doortrekkende genomische selectie met de meeste genetische variatie kunnen vertalen. Het beginsel van de methode kan nu voor hetzelfde geld de voorruike en/of andere merken kunnen worden bepaald, met 200 miljoen.



John Zwartman



Arto Calvo



Peter Verburg



Theo Aben

# Models & 50k SNP chips



Copyright © 2001 by the Genetics Society of America

## Prediction of Total Genetic Value Using Genome-Wide Dense Marker Maps

T. H. E. Meuwissen,\* B. J. Hayes<sup>†</sup> and M. E. Goddard<sup>†,‡</sup>

\*Research Institute of Animal Science and Health, 8200 AB Lelystad, The Netherlands, <sup>†</sup>Victorian Institute of Animal Science, Attwood 3049, Victoria, Australia and <sup>‡</sup>Institute of Land and Food Resources, University of Melbourne, Parkville 3052, Victoria, Australia

Manuscript received August  
Accepted for publication January



OPEN ACCESS Freely available online

PLoS one

## Design of a High Density SNP Genotyping Assay in the Pig Using SNPs Identified and Characterized by Next Generation Sequencing Technology

Antonio M. Ramos<sup>1</sup>, Richard P. M. A. Crooijmans<sup>1</sup>, Nabeel A. Affara<sup>2</sup>, Andreia J. Amaral<sup>1</sup>, Alan L. Archibald<sup>3</sup>, Jonathan E. Beever<sup>4</sup>, Christian Bendixen<sup>5</sup>, Carol Churcher<sup>6</sup>, Richard Clark<sup>6</sup>, Patrick Dehais<sup>7</sup>, Mark S. Hansen<sup>8</sup>, Jakob Hedegaard<sup>5</sup>, Zhi-Liang Hu<sup>9</sup>, Hindrik H. Kerstens<sup>1</sup>, Andy S. Law<sup>3</sup>, Hendrik-Jan Megens<sup>1</sup>, Denis Milan<sup>7</sup>, Danny J. Nonneman<sup>10</sup>, Gary A. Rohrer<sup>10</sup>, Max F. Rothschild<sup>9</sup>, Tim P. L. Smith<sup>10</sup>, Robert D. Schnabel<sup>11</sup>, Curt P. Van Tassell<sup>12</sup>, Jeremy F. Taylor<sup>11</sup>, Ralph T. Wiedmann<sup>10</sup>, Lawrence B. Schook<sup>4</sup>, Martien A. M. Groenen<sup>1\*</sup>

## SNP discovery and allele frequency estimation by deep sequencing of reduced representation libraries

Curtis P Van Tassell<sup>1</sup>, Timothy P L Smith<sup>2</sup>, Lakshmi K Matukumalli<sup>1,3</sup>, Jeremy F Taylor<sup>4</sup>, Robert D Schnabel<sup>4</sup>, Cynthia Taylor Lawley<sup>5</sup>, Christian D Haudenschild<sup>5</sup>, Stephen S Moore<sup>6</sup>, Wesley C Warren<sup>7</sup> & Tad S Sonstegard<sup>1</sup>

BMC  
Genomics

RESEARCH ARTICLE

Open Access

## The development and characterization of a 60K SNP chip for chicken

Martien AM Groenen<sup>1\*</sup>, Hendrik-Jan Megens<sup>1</sup>, Yalda Zare<sup>1</sup>, Wesley C Warren<sup>2</sup>, LaDeana W Hillier<sup>2</sup>, Richard PMA Crooijmans<sup>1</sup>, Addie Vereijken<sup>3</sup>, Ron Okimoto<sup>4</sup>, William M Muir<sup>5</sup> and Hans H Cheng<sup>6</sup>









# Breed4Food





# Breed4Food

- PPP (Public Private Partnership) contributing with research and development to sustainable production of:

Broilers	
Cattle	
Layers, turkeys, pigs & aquaculture	
Pigs	





# Breed4Food research agenda over the years

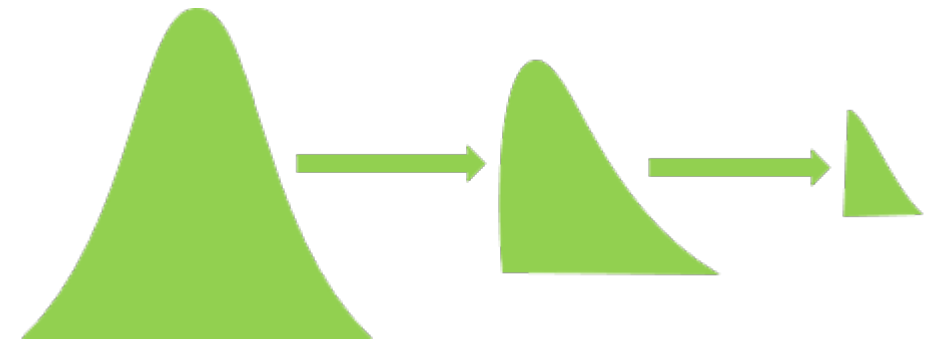
- Genomic prediction
- General use of DNA information in animal breeding
- New breeding goals
- New phenotypes



# Genomic prediction

Strong focus on **model** & software development:

- Single step GBLUP & Single step SNPBLUP
  - Using information of non-genotyped animals
  - Genetic groups, metafounders
- Impact of genomic preselection





# Large scale genomic evaluations

- Timely delivery breeding values is priority nr. 1!



- Reducing computing time using smart algorithms

- Use solutions generated elsewhere
- Develop new solutions when needed
- Optimize solver performance

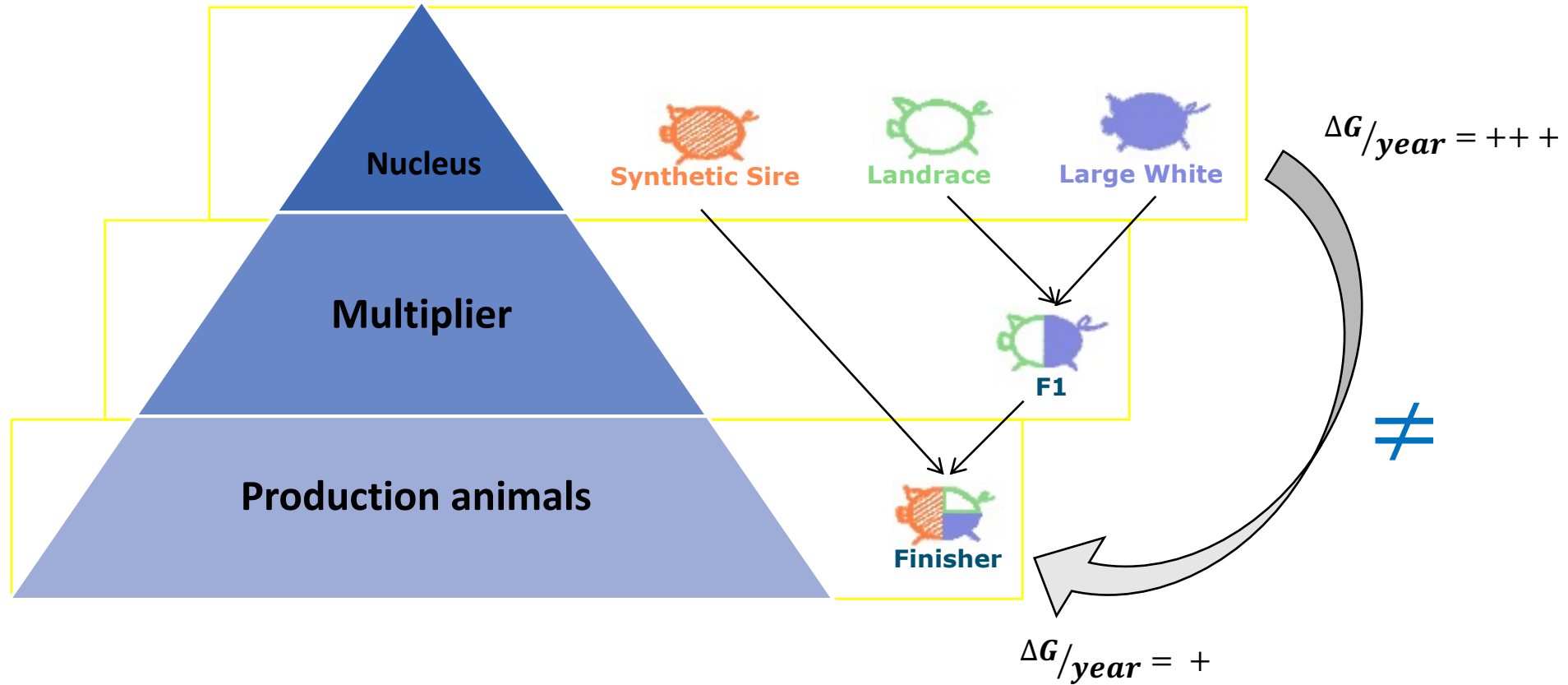
$$\left. \begin{array}{l} \text{Time per iteration} \\ \times \\ \text{Number of iterations} \end{array} \right\} = \text{Total computing time}$$

MiBLUP





# Genomic prediction - Crossbreeding



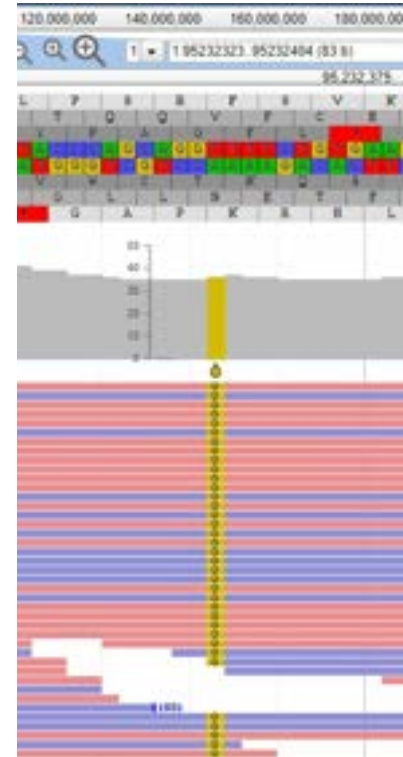


# Uses of DNA information in animal breeding

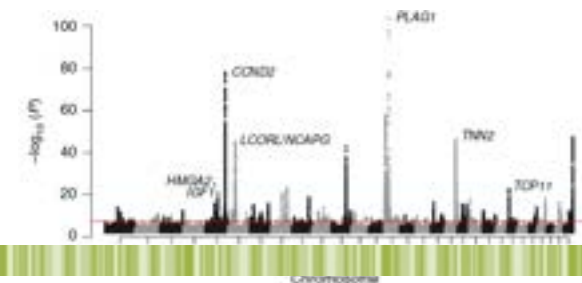
50k SNPs



Millions of SNPs (WGS)

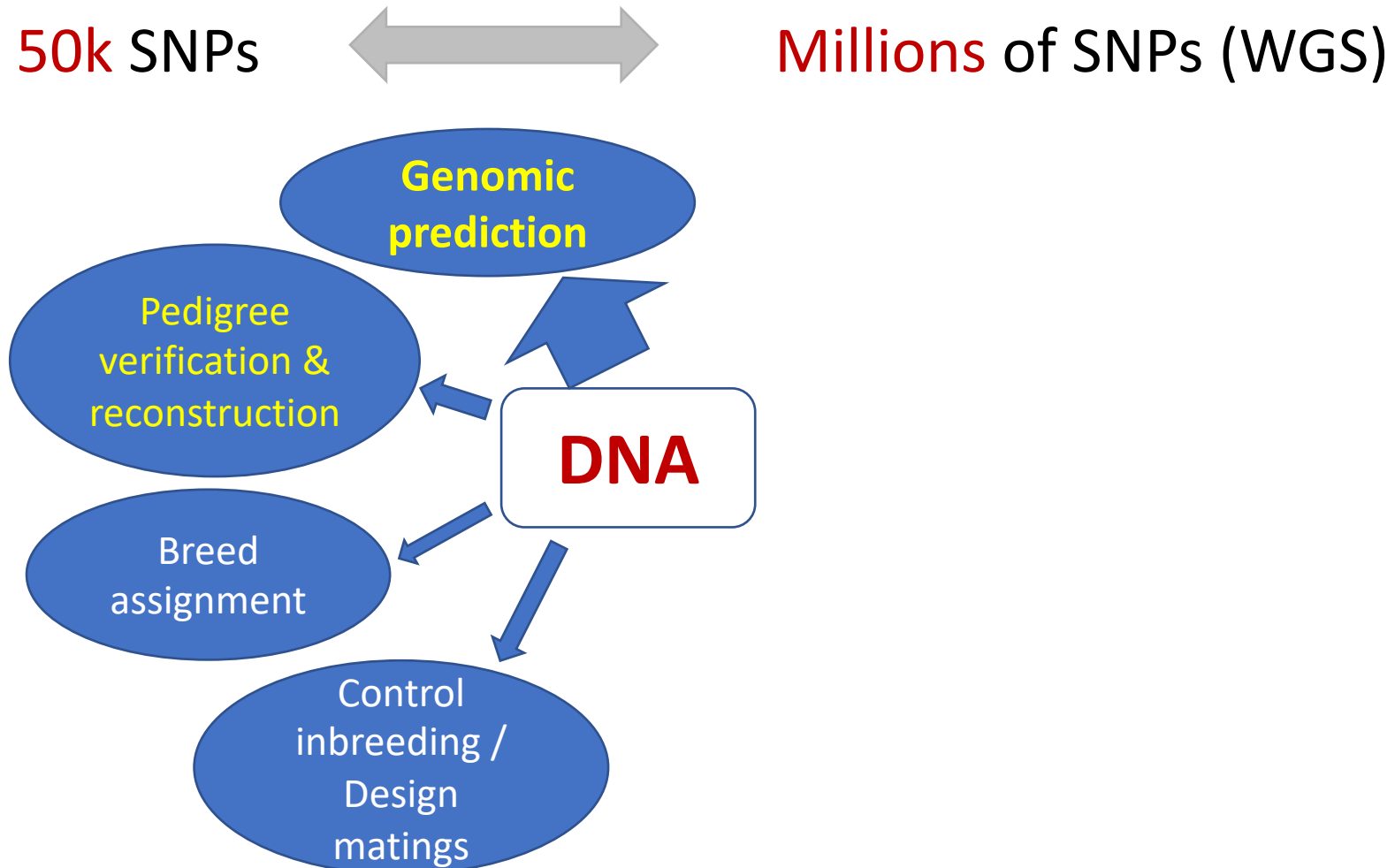


Resolution 100 - 50,000x bigger



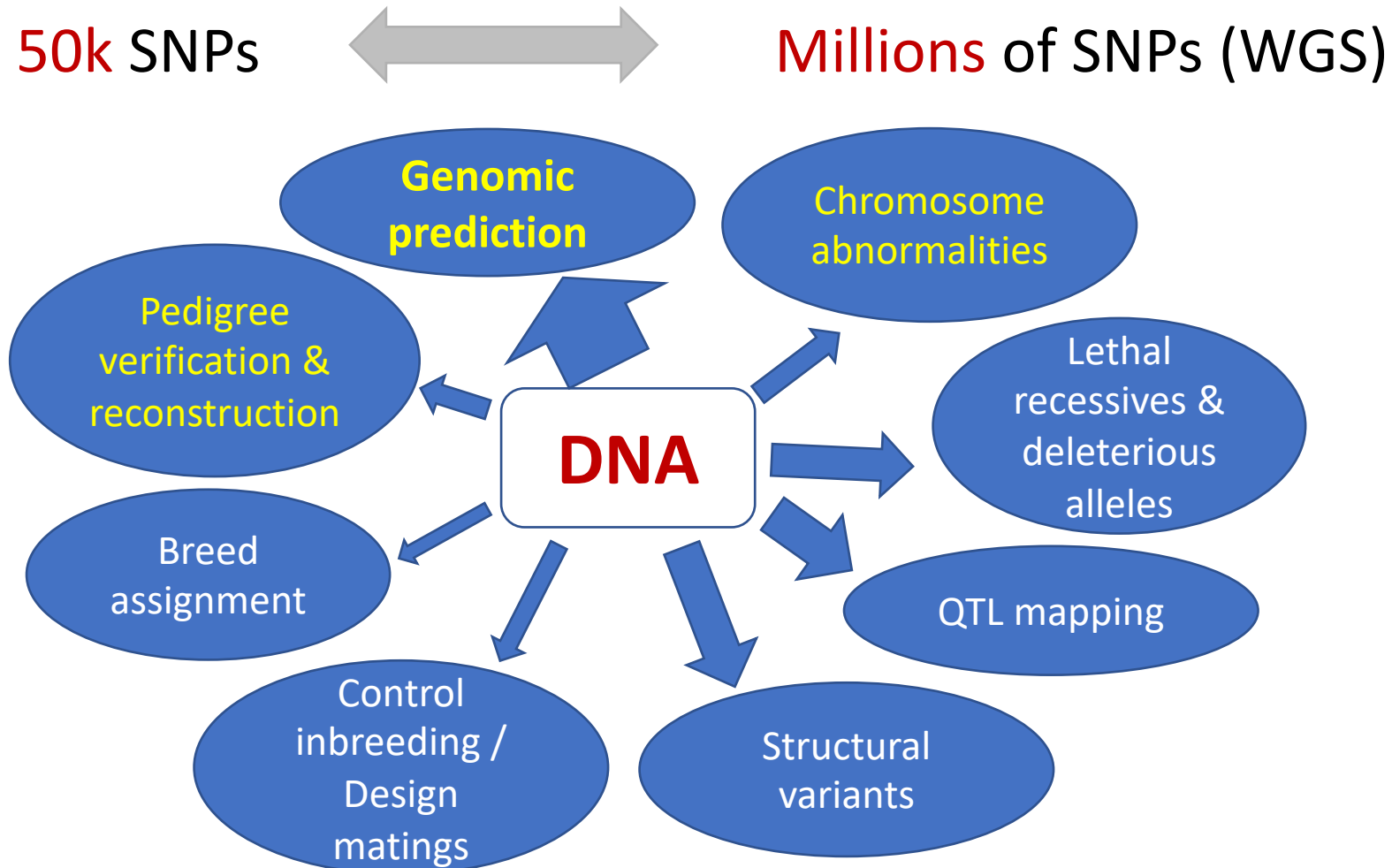


# Uses of DNA information in animal breeding



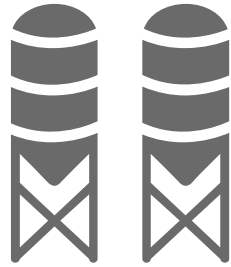


# Uses of DNA information in animal breeding



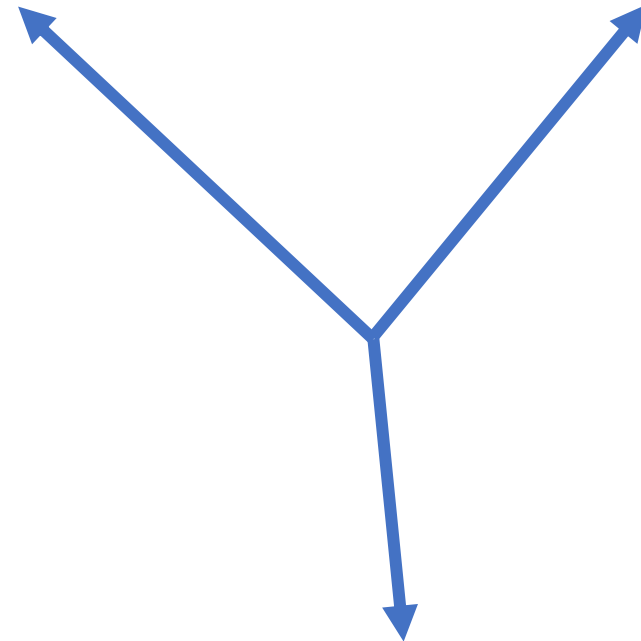


# Breeding goals are ever expanding



Feed efficiency

Fitness & survival

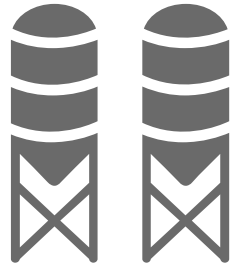


Growth & meat quality





# Breeding goals are ever expanding



Feed efficiency

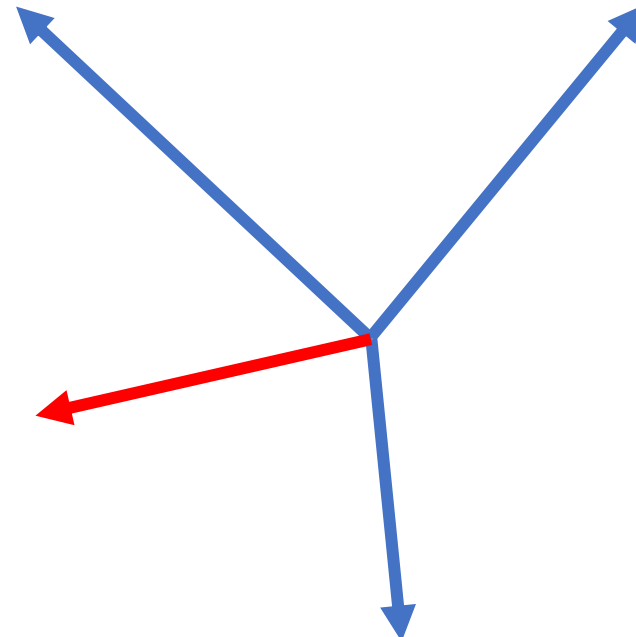
Fitness & survival



Welfare traits

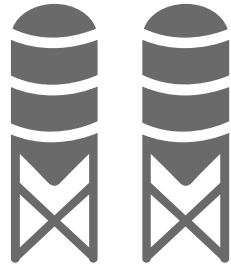


Growth & meat quality





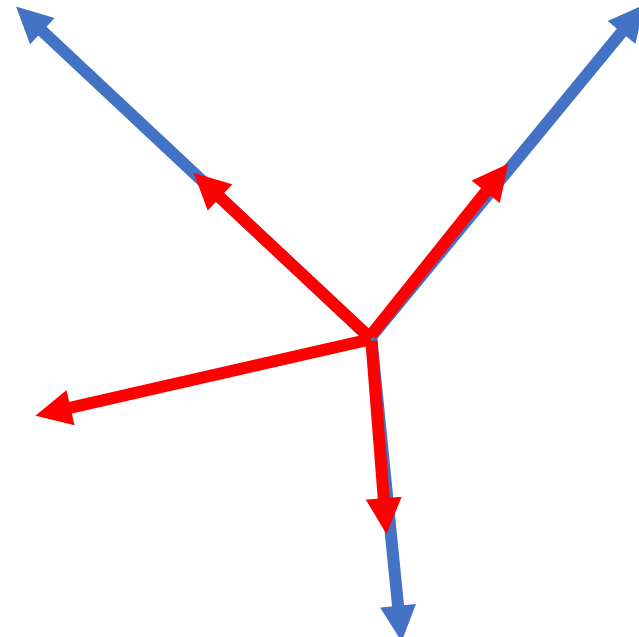
# Breeding goals are ever expanding



Feed efficiency

Fitness & survival

Welfare traits



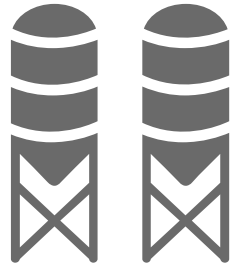
Growth & meat quality







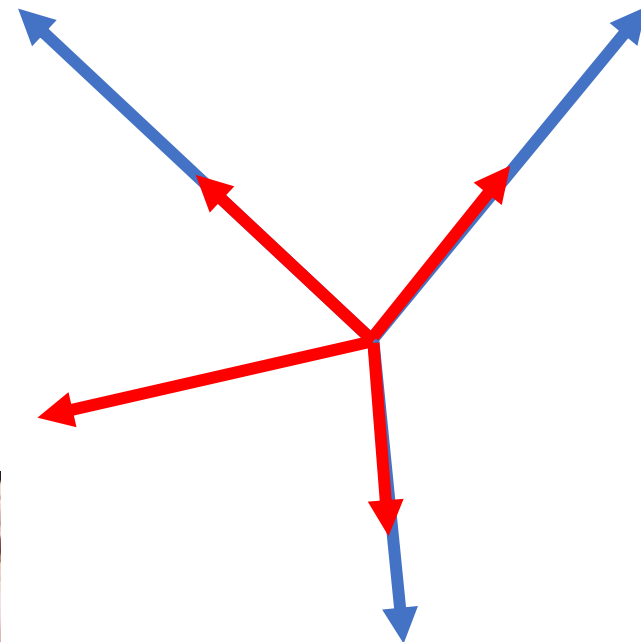
# Breeding goals are ever expanding



Feed efficiency

Fitness & survival

Welfare traits



Growth & meat quality



With genomic prediction **more selection pressure** is created which enables making progress for many different traits





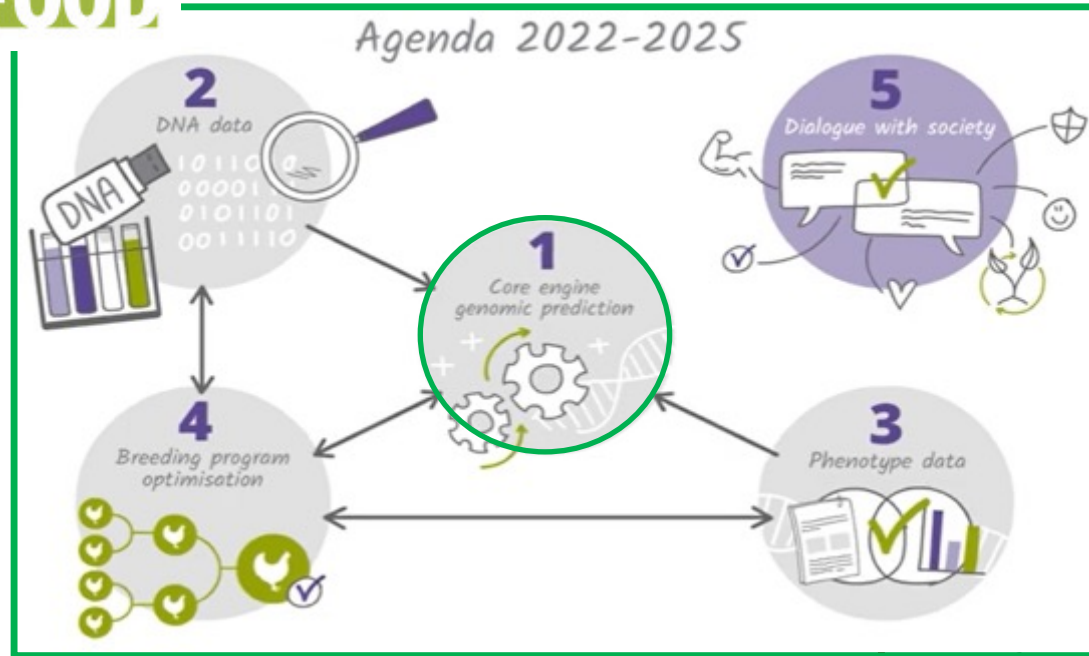


# Future



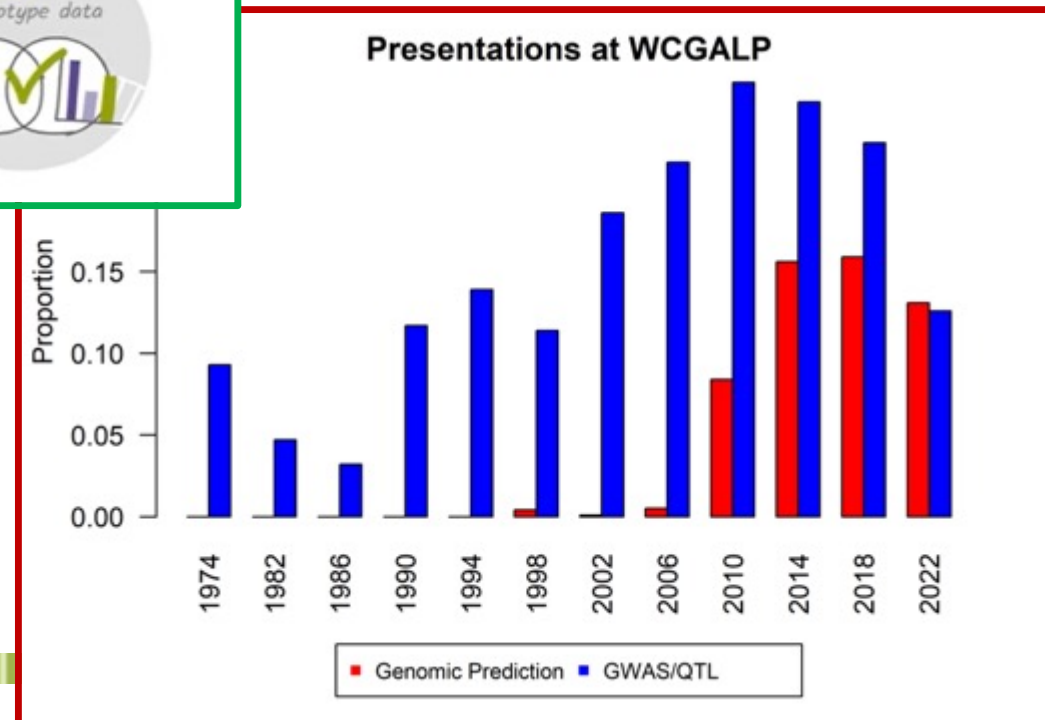


# Genomic prediction remains key



In practice ...

... and research





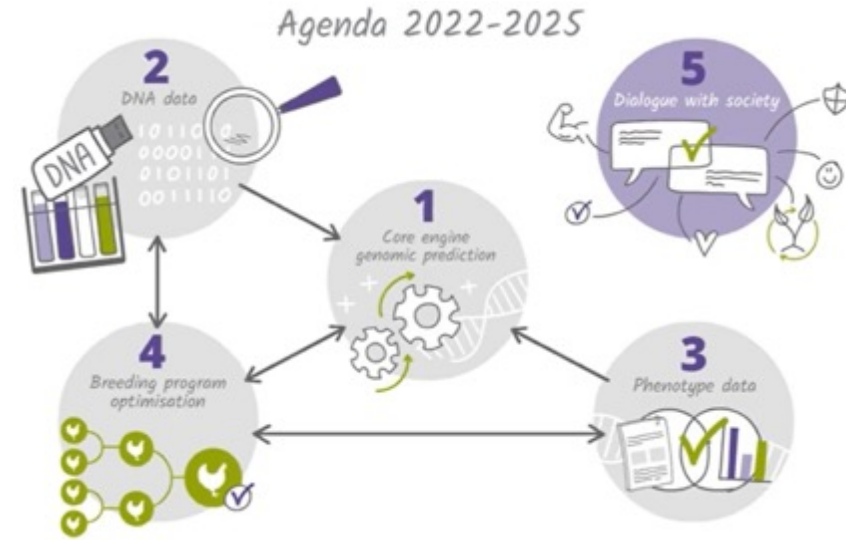
# To serve animal husbandry & society

Genomic prediction enables to:

- Respond quicker to changing societal & consumer demands
  
- Select for traits we cannot measure on all animals
  - N & P efficiency, methane emission, etc.
  
- Select for traits affecting animal welfare
  - E.g. social interactions in groups



# Summary



## Use of DNA @ Breed4Food:

- Contributing with R&D to sustainable production of the main livestock species
- Current focus on accelerating and feeding the *core engine of genomic prediction*
- Investing in interaction with society



# Breed4Food Theme: Utilizing DNA Information

-

## Highlights & Interaction





# Highlight 1

Highlight genetic evaluation software

-

Henk Geertsema, CRV & Rob Bergsma, TopigsNorsvin

Jan ten Napel & Jeremie van den Plas, WUR

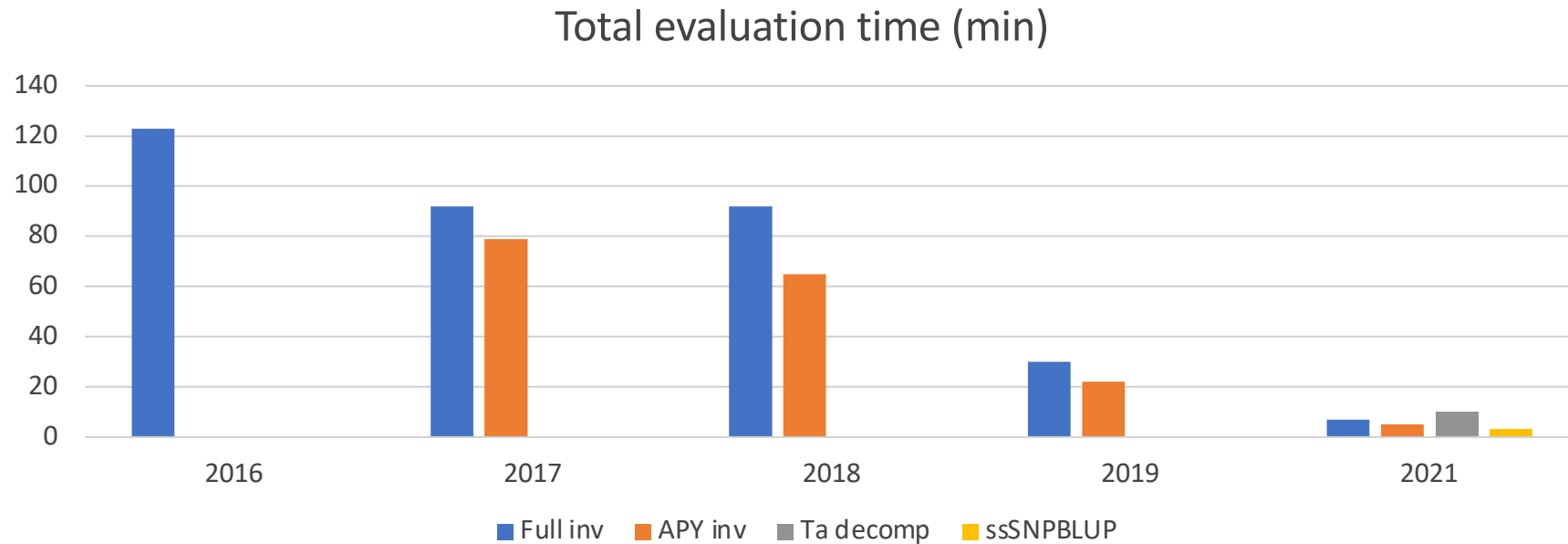


# Highlight genetic evaluation software (B4F II)

- 2017: Genomic evaluation is possible, but it is not future-proof
  - Genomic evaluation takes a lot of time
  - Number of genotyped animals is rapidly increasing

MiBLUP

# Benchmark of genomic methods by year



Fastest method 2021 is 22x faster than fastest method 2018



# Deliverables on process

- B4F II has been instrumental in bringing together the B4F partners
  - High level of **trust**: willingness to share details
  - High level of **confidence**: involvement in developing strategy
  - High level of **cooperation**:
    - Industry partners test new features (effective, efficient, user-friendly, intuitive)
    - WLR discuss design of new features and support implementation
  - High level of **understanding** each other's business
  - **Involving others** for the best possible solutions (LUKE, TU Delft, VORTECH, ICBF)

# B4F III – WP1 Software development

- Focus

- Fine-tune efficiency of software
- Suitable approximation of genomic reliabilities
- Retaining rare alleles & outcross haplotypes
- Optimizing multi-breed & multi-trait genomic evaluations
- Structuring cross-validation approaches





## Highlight 2

Importance of verification and identification of parentage using calc\_grm

-

Marco Bink, HG

Mario Calus, WUR





## Highlight 3

Is the only thing we can do with DNA information  
genomic prediction?

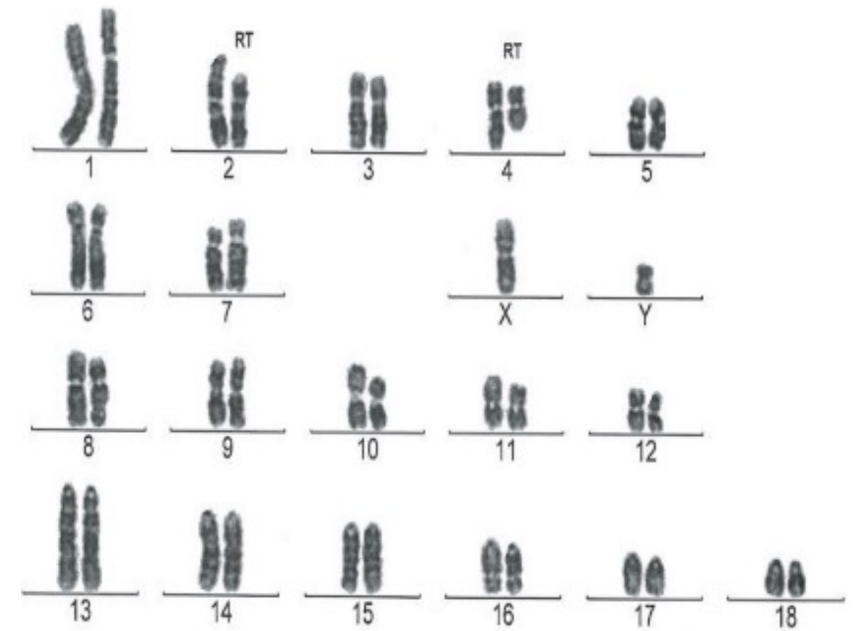
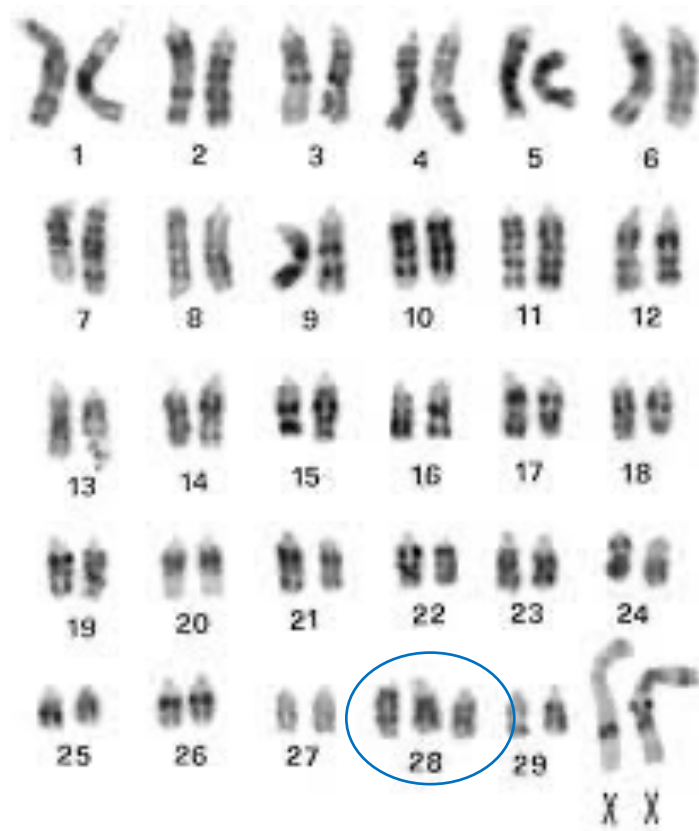
-

Barbara Harlizius, TopigsNorsvin  
Britt de Klerk, Cobb

Aniek Bouwman & Claudia Kamphuis, WUR



# Detection of chromosomal aberrations



# Automated human process to assess chromosomal abnormalities in diploid species

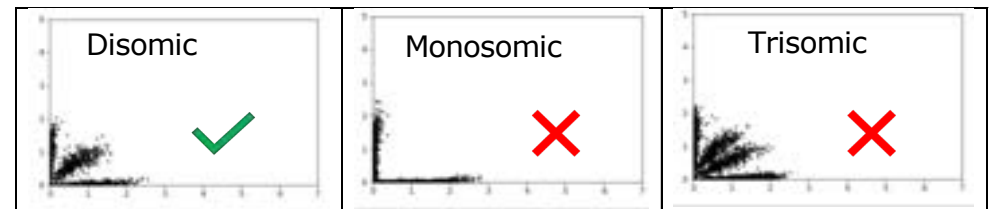


Read in Intensity data

Create plots & Classify them with deep learning



Create output

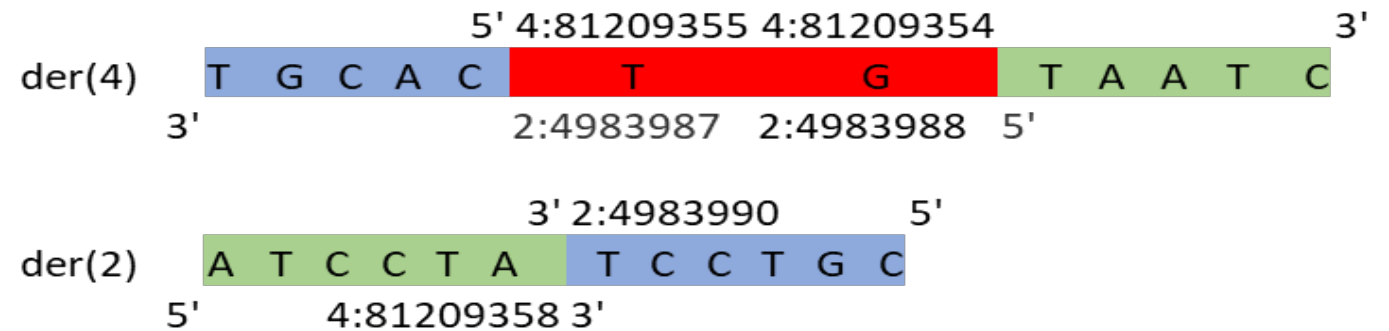


# PLOIDYSCREEN<sup>38</sup>

# Detection of balanced chromosomal translocations



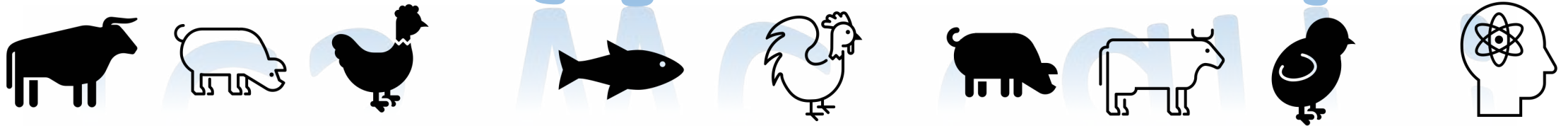
Whole genome sequence data (> 20x)





Is there more that we can do with DNA than genomic prediction alone?

Yes we can!







Thanks for joining us!



