



Analyse af husdyrgenomer

Goutam Sahana & Rasmus F. Brøndum



Baggrund

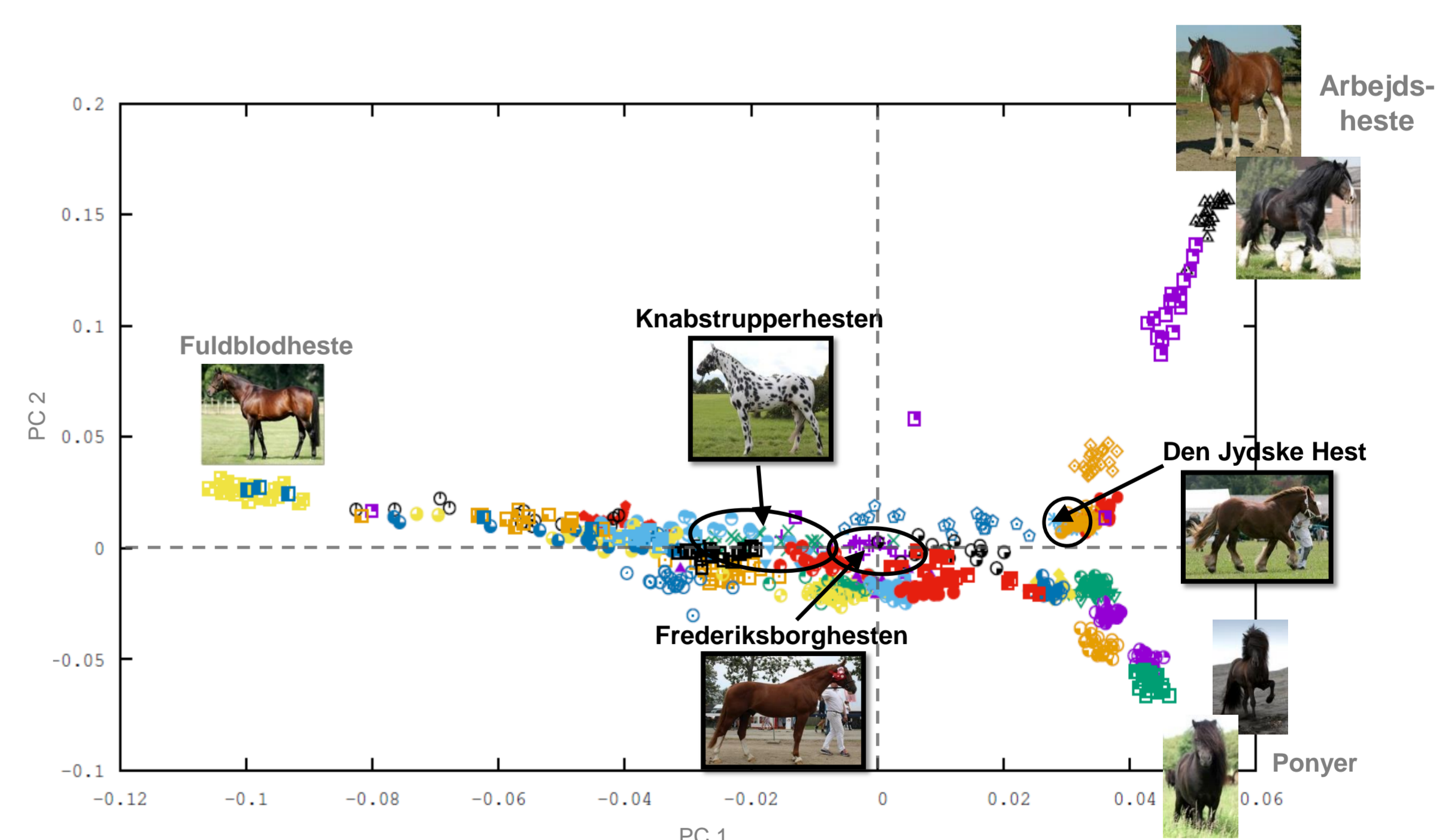
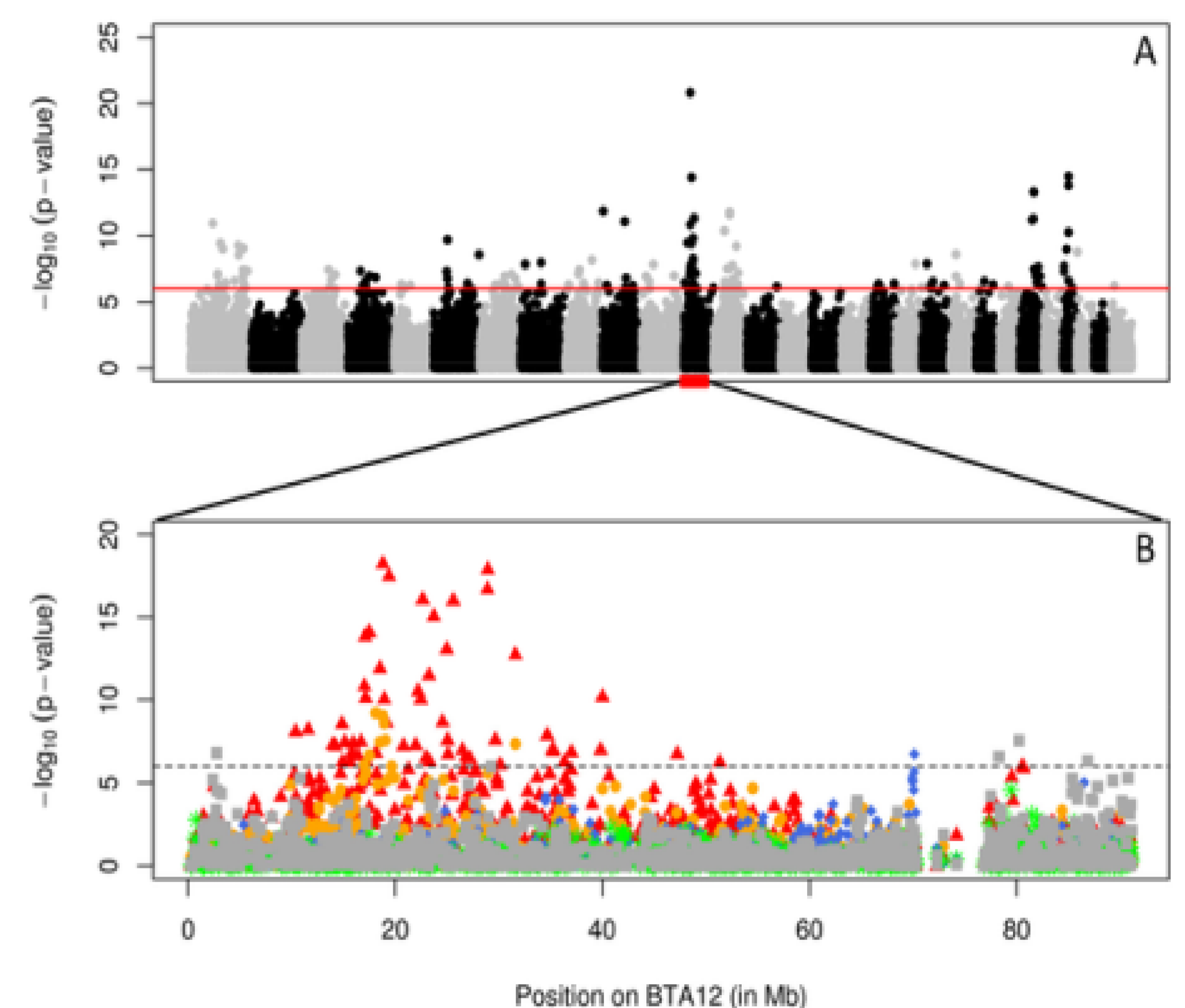
Takket være fremskridt inden for genotypnings- og sekventeringsteknologier kan vi kortlægge effekter af gener og sjældne varianter via genomiske associationsstudier, som finder sammenhænge mellem genomiske markører og komplekse sygdomme eller kvantitative egenskaber. I associationsstudier bruger vi ofte genotype imputationsmetoder, hvorved f.eks. sekvensdata kan udledes for ikke-sekventerede dyr givet en gruppe referencedyr med sekvensdata. Vi bruger desuden genotypnings- og sekvensdata til karakterisering af genetisk variation, slægtskab og populationsstruktur inden for racer og identifikation af racernes oprindelse. Vi har store datasæt fra forskellige husdyrracer. Vi har f.eks. SNP-chip genotyper for over 100.000 køer og sekvensdata samt tilhørende fænotyper fra 1.200 køer.

Projekteksempler

- Identifikation og karakterisering af gener for:
 - Sygdomme
 - Produktionsegenskaber
 - Fødeeffektivitet
- Validering af imputationssikkerhed
- Kortlægning af bevaringsværdige husdyrracers populationsstruktur og oprindelse

Teknikker

- Statistiske metoder til kortlægning af gener
- SNP imputation og haplotypning
- Analyse af sekvensdata
- Analyse af sjældne varianter
- Bioinformatik og annotation af data
- Statistiske metoder til kortlægning af populationsstruktur
- Genetisk analyse af racernes oprindelse



Andre medlemmer af gruppen

Bernt Guldbrandtsen, lektor
Anna Schönherz, post doc
Xiaoping Wu, post doc
Xiawei Mao, ph.d.-studerende
Qianqian Zhang, ph.d.-studerende

